

**ГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ SINE СЕМЕЙСТВА LACERTIDAE****Панченко Д.Д.** (Национальный исследовательский университет ИТМО), **Урин****А.В.** (Национальный исследовательский университет ИТМО)**Научный руководитель – кан. биол. наук, доц. Комиссаров А.С.**

(Национальный исследовательский университет ИТМО)

**Введение.** Обычно геномы рептилий содержат на один миллиард нуклеотидных пар меньше, чем геномы млекопитающих, в основном из-за меньшего количества повторяющихся элементов [1]. Вопрос о том, является ли это результат элиминации повторов или же отсутствие их экспансии, остается нерешенным и требует дальнейшего изучения.

SINEs - это одно из крупнейших семейств диспергированных повторов в геномах, которые являются неавтономными ретротранспозонами, кроме того для них была показана роль в сплайсинге [2]. Изучение их функциональной роли привело к формулированию следующих гипотез: 1) SINEs должны присутствовать в геномах рептилий; 2) эти диспергированные повторы должны быть наиболее распространенным семейством в исследуемых геномах; 3) они должны располагаться преимущественно в интронах генов, кодирующих белки; 4) SINEs, расположенные в интронах, должны быть подвержены более сильному эволюционному отбору, чем те, которые находятся вне интронов.

**Основная часть.** Для проверки наших гипотез мы провели анализ пяти геномов рептилий при помощи инструментов, предназначенных для поиска SINEs. Программы SINEfinder и AnnoSINE оказались не подходящими для нашего исследования, поэтому мы не смогли их использовать. Мы реаннотировали повторы с помощью RepeatModeler и RepeatMasker и обнаружили 133 682 локуса SINEs для генома *L. agilis* (GCF\_009819535.1). Их доля от общего размера генома составила 1,48%. Кроме того, короткие диспергированные повторы оказались самым высококопийным семейством повторов в геноме. Мы также исследовали пересечения между интронными регионами и SINEs и обнаружили, что 66 244 региона (49,5%) находятся в интронах *L. agilis*. Аналогичный анализ был проведен для еще четырех геномов рода *Darevskia*. Мы выяснили, что доля коротких диспергированных повторов в двух геномных сборках *D. unisexualis* составила 0,88% и 0,86%. Мы также обнаружили 90 112 и 104 506 последовательностей SINEs из аннотаций повторов и генных участков соответственно, из которых 20 929 (23,22%) и 25 393 (24,29%) располагались в интронных регионах транскрибируемых генов. В геноме *D. raddei* доля SINEs составила 1.87%.

**Выводы.** Для дополнительной проверки наших предположений мы намерены провести более глубокий анализ семейств и подсемейств обнаруженных SINEs. Мы планируем создать консенсусные последовательности, проаннотировать их внутренние структуры и оценить влияние отбора на повторы, находящиеся в интронах, межгенных пространствах, генных пустынях и гетерохроматиновых областях.

**Список использованных источников:**

1. Pasquesi, G.I.M., Adams, R.H., Card, D.C. et al. Squamate reptiles challenge paradigms of genomic repeat element evolution set by birds and mammals // Nature Communications. 2018, №9, p. 2774. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-05279-1>

2. Meng Haijun, Feng Jiancan, Bai Tuanhui, Jian Zaihai, Chen Yanhui, Wu Guoliang. Genome-wide analysis of short interspersed nuclear elements (SINEs) provides insight into gene and genome evolution in citrus // DNA Research. 2020, №27(1). <https://doi.org/10.1093/dnares/dsaa004>