

**Эволюция сложных последовательностей, фланкированных
микросателлитами, у человека и приматов**

Научный руководитель – Потапова Надежда Александровна

Григорьева Мария Владимировна

Студент (специалист)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

E-mail: marygrig27@gmail.com

Микросателлиты - это некодирующие участки ДНК, состоящие из небольших tandemно повторяющихся мотивов длиной от 1 до 6 нуклеотидов. Они широко распространены как в прокариотическом, так и в эукариотическом геномах[2], в том числе, у человека и других приматов.

Известно, что длины ветвей, а соответственно, количество сменившихся поколений и произошедших мутационных событий, на филогенетическом дереве приматов отличаются. Мы выбрали геномы человека (*Homo sapiens*) и шимпанзе (*Pan troglodytes*), которые достаточно похожи друг на друга, разошлись примерно 5-9 млн лет назад, и при этом длина ветви шимпанзе на дереве приматов длиннее[1, 3]. Мы предположили, что, сравнивая их микросателлитные последовательности, будет особенно удобно отследить некоторые закономерности эволюции микросателлитов.

Цель работы: изучить случаи, когда пара микросателлитов фланкирует фрагмент нормальной, не повторяющейся последовательности, и попробовать найти закономерности уменьшения/увеличения длин этих областей, а также длин самих микросателлитов.

Для достижения поставленных задач, мы провели анализ уже имеющихся координат микросателлитов для геномов человека (версия hg38) и шимпанзе (версия panTrob) с ресурса UCSC Genome Browser (<https://genome.ucsc.edu/>), и сравнили их с результатами нашего запуска программы RepeatMasker (<http://www.repeatmasker.org/>, версия 4.1.0) для человека. После выявления и уточнения координат, мы вырезали из парного выравнивания геномов человека и шимпанзе (файл SimpleRepeats взят из UCSC Genome Browser) отрезки, удовлетворяющие следующей схеме: 100 нк перед первым микросателлитом, первый микросателлит, исследуемая сложная последовательность (между микросателлитами), второй микросателлит, 100 нк после второго микросателлита. Фланкирующие участки вокруг микросателлитов были необходимы для проверки точности их координат и наличия хорошего выравнивания в них. Эти данные мы визуализировали с помощью программы MEGA7 (<https://www.megasoftware.net/>), чтобы посмотреть, как меняется та или иная пара микросателлитов по длине различных областей.

В результате мы смогли обнаружить закономерности уменьшения и увеличения длин областей между микросателлитами и длин самих микросателлитов. Затем был произведен анализ данных статистическими методами (с помощью языка программирования R в RStudio), который показал, что большая часть микросателлитов становится меньше по длине, при этом область между микросателлитами от этого нередко не меняется.

Источники и литература

- 1) Kelkar YD, Tyekucheva S, Chiaromonte F, Makova KD. The genome-wide determinants of human and chimpanzee microsatellite evolution // *Genome Res.* — 2008. — 18. Pp. 30–38;

- 2) Oliveira, EJ, Padua JG, Zucchi MI, Vencovsky R, Vieira ML. Origin, evolution and genome distribution of microsatellites // *Genetics and Molecular Biology*. — 2006. — 29 (2). — Pp. 294–307;
- 3) Varki A, Altheide TK. Comparing the human and chimpanzee genomes: Searching for needles in a haystack // *Genome Research*. — 2005. — 15. — Pp. 1746–58.