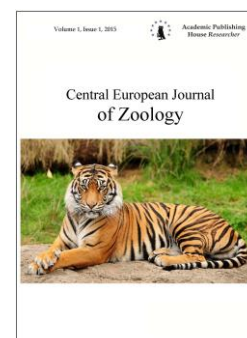


Copyright © 2017 by Academic Publishing House Researcher s.r.o.



Published in the Slovak Republic
Central European Journal of Zoology
Has been issued since 2015.
ISSN: 2412-2270
2017, 3(1): 19-26

DOI: 10.13187/cejz.2017.1.19

www.ejournal40.com

UDC 575.2: 575.857

Spectra of IRAP Markers in Sheep, Cattle, Horses

Valeriy I. Glazko ^{a,*}, Tatiana T. Glazko ^a

^a Russian State Agrarian University – Moscow Agricultural Academy named after K.A. Timiryazev, Moscow, Russian Federation

Abstract

Need for monitoring of the biological diversity and the dynamics of population-genetic structures requires the development of methods to identify population-genetic characteristics of different species. This requires the use of the most polymorphic genomic elements to produce a population-genetic "portrait" with high resolution. In the present work the comparative analysis of the spectra of genomic DNA fragments, flanked by the inverted repeats of long terminal repeats (LTR) of the 5 endogenous retroviruses (IRAP-PCR markers), in cattle, sheep and horses was carried out. The resulting data on species-specific features of IRAP-PCR markers was obtained. So, according to the characteristics of the polymorphism of IRAP-PCR markers the smallest differences between breeds were detected in cattle and sheep in the spectra of the primers for LTR of endogenous retroviruses such as SIRE-1 and BERV k-1, in horses – spectra of primer to BERV k-1; greatest in cattle and sheep – spectra of primer BERV β-3, in horses – spectra primers LTR SIRE-1 and 5 PawS. According to the data obtained, to identify differences between the breeds in cattle and sheep can be used spectra of the primers to the LTR 5 PawS and BERV β-3, horses - SIRE-1 and 5 PawS. The possible reasons for the differences in the spectra of polymorphism of the IRAP-PCR markers obtained using as the primers to the LTR of different endogenous retroviruses were discussed.

Keywords: population genetic structure, polymorphism, endogenous retroviruses, long terminal repeats, cattle, sheep, horses.

1. Введение

Сокращение биоразнообразия, изменения климата требуют развития широкомасштабных методов контроля популяционно-генетической динамики разных видов, в том числе сельскохозяйственных. Управление генетическими ресурсами нуждается в разработке простых для интерпретации и малозатратных поколений молекулярно-генетических маркеров, позволяющих идентифицировать полилокусные генотипы животных, оценивать особенности их генофондов, планировать и прогнозировать контроль их консолидированности и изменчивости. В этих целях широко используют разные поколения молекулярно-генетических маркеров, от полиморфизма структурных генов, кодирующих белки до полного секвенирования. На основании последнего для ряда видов уже созданы геномные карты распределения миллионов мононуклеотидных полиморфизмов (Single Number Polymorphisms – SNP) (например, [Zhao et al., 2015](#)). В то же

* Corresponding author

E-mail address: vigvalery@gmail.com (V.I. Glazko)

время, достаточно давно известно, что прямое сравнение геномов по миллионам нуклеотидных замен затрудняет выявление тех, которые собственно связаны с фенотипической изменчивостью, поскольку те отличия, которые вовлечены в фенотипическую дифференциацию животных, теряются в нуклеотидном «шуме» геномов, не имеющем функционального значения (Glazko et al., 2005). Необходимость «адресного» подхода к выделению наиболее перспективных, высоко полиморфных геномных элементов для оценки особенностей генетических структур групп животных с высоким разрешением требует сравнительного анализа их полиморфизма. Известно, что у млекопитающих почти половина геномов занята диспергированными повторами, в основном, ретротранспозонов (Tellam, Worley, 2009). Ранее, в наших собственных исследованиях, было обнаружено, что тандемные повторы (микросателлитные локусы) тесно связаны с эндогенными ретровирусами и продуктами их рекомбинации (Glazko et al., 2015, Glazko et al., 2016).

В этой связи, в поисках возможностей формирования нового поколения молекулярно-генетических маркеров, ранее нами были выполнены сравнения полилокусных спектров у разных сельскохозяйственных видов с использованием в полимеразной цепной реакции (PCR) фрагменты длинных концевых повторов (Long Terminal Repeat – LTR; Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism – IRAP-маркеры) пяти эндогенных ретровирусов, выявленных у растений и животных (Glazko et al., 2015). Такой сравнительный анализ позволил выявить высокий уровень полиморфизма фрагментов ДНК, фланкированных инвертированными повторами участков LTR. Для того, чтобы оценить видовые особенности конкретно для каждого LTR исследованных ретровирусов, в настоящей работе выполнен сравнительный анализ полиморфизма фрагментов геномной ДНК разной длины, полученных в полилокусных спектрах IRAP-маркеров у крупного рогатого скота, овец и лошадей разных пород.

2. Материалы и методы

В анализ включены полилокусные спектры IRAP-маркеров крупного рогатого скота (173 гол.): черно-пестрой голштинизированной породы (Москва и Московск. обл.), якутской (Респ. Саха), зебувидного скота (Моск. обл.); овец (119 гол.): эдильбаевская (Волгогр. обл.), калмыцкая (Респ. Калмыкия); лошадей (155 гол.): алтайская (Респ. Алтай), карачаевская (Ставроп. край), рысистая (Московск. обл.).

Геномную ДНК выделяли из периферической крови исследуемых животных с помощью коммерческого набора реагентов «ДНК-Экстран-1» («Синтол», Россия). IRAP-PCR проводили по модифицированной методике Зиткевича и др. (Zietkiewicz et al., 1994). В качестве праймеров использовали олигонуклеотидные последовательности («Синтол», Россия), гомологичные терминальным инвертированным фрагментам мобильных элементов: LTR SIRE-1 (GCAGTTATGCAAGTGGGATGAGCA, праймер LTR SIRE-1), семейства R173 (AACGAGGGGTTTCGAGGCC, праймер PawS 5), BARE-1 (ССААСТАGAGGCTTGCTAGGGAC, праймер BARE-1), эндогенных ретровирусов крупного рогатого скота BERV K-1 и BERV β -3 (TATCAGGCCTCTCCGCATG, праймер BERV k-1; GGACSTTCTCCTTCAAGGC, праймер BERV β -3). PCR проводили в объеме 20 мкл с использованием коммерческого набора реагентов ПЦР-РВ (Синтол, Россия). Программа амплификации: первичная денатурация ($t = 94\text{ }^{\circ}\text{C}$, 2 мин.); денатурация ($t = 94\text{ }^{\circ}\text{C}$, 30 с.), отжиг ($t = 55\text{ }^{\circ}\text{C}$, 30 с.), элонгация ($t = 72\text{ }^{\circ}\text{C}$, 2 мин.) – 30 циклов; финальная элонгация ($t = 72\text{ }^{\circ}\text{C}$, 10 мин), ПЦР проводили на амплификаторе "Терцик" (ДНК-технологии, Россия). Продукты амплификации разделяли в горизонтальном 1,5 % агарозном геле. Окрашивание гелей проводили бромистым этидием. Размеры фрагментов ДНК определяли при помощи маркера молекулярных масс 100 bp+1.5 Kb+3 Kb (12 фрагментов от 100 до 3000 bp) M27 (СибЭнзим, Россия). Каждый фрагмент в полученных спектрах ДНК рассматривали как отдельный локус. Оценивали присутствие/отсутствие фрагмента определенной длины в спектрах. Филогенетические расчеты выполняли в компьютерной программе TFPGA, имеющейся в открытом доступе. Расчет индекса PIC (Polymorphic Information Content) выполнялся по формуле для диаллельных локусов исходя из закона о равновесных популяциях Харди-Вайнберга, для которых $PIC=2f(1-f)$, где f – частота одного из двух аллелей.

С использованием алгоритмов программы BLASTn с учетом наибольшего сходства выполняли поиск участков гомологии фрагментов ДНК, используемых в PCR в качестве

праймеров в геномах крупного рогатого скота, овец, лошадей, представленных в секвенированных последовательностях GenBank (ресурс <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Для анализа гомологии с повторенными последовательностями использовали компьютерные программы RepeatMasker (<http://www.repeatmasker.org/>) и Gini (<http://www.girinst.org>). Для оценки наличия гомологии выбранных праймеров к микроРНК использовали базу данных <http://www.mirbase.org/>.

3. Результаты и их обсуждение

Спектры фрагментов геномной ДНК (ампликоны) исследованных групп животных были поделены, в соответствие с их размерами, рассчитанными на основании использования маркера молекулярных масс, на три группы – «легкие» (от 100 до 900 пар оснований – п.о.), «средние» (от 900 до 1900 п.о.) и «тяжелые» (от 1900 до 3000 п.о.). Предполагается, что эти группы отражают относительно близкое (легкие фрагменты, расстояние от 100 до 900 п.о.) расположение участков гомологии к фрагменту эндогенного ретровируса в альтернативных цепях ДНК, далекое расположение таких последовательностей приводит к формированию «тяжелых» фрагментов (от 1900 до максимально длинных в районе 3000 п.о., потенциально амплифицируемых для применяемых условий амплификации), и группа средних фрагментов ДНК, с промежуточными значениями длин.

В результате получены данные, свидетельствующие о сложной организации спектров продуктов амплификации, получаемых при использовании в ПЦР геномной ДНК разных видов в качестве праймеров участков концевых терминальных повторов различных эндогенных ретровирусов.

Так, оказалось, что у исследованных пород крупного рогатого скота в спектрах праймеров LTR SIRE-1, RawS 5, BARE-1, BERV k-1 основной вклад (почти половина спектра) вносят «легкие» фрагменты ДНК, особенно в спектрах праймера ERV K-1 (более 50 %), и только в спектрах праймера BERV β -3 почти треть спектра представлена «тяжелыми» фрагментами. По этой характеристике существенных межпородных отличий не выявлено. У овец в спектрах праймеров LTR SIRE-1, BARE-1, BERV K-1, так же как и у крупного рогатого скота, основной вклад (почти половина спектра) вносят «легкие» фрагменты ДНК. Уникально обогащенными «легкими» зонами (более 60 %) являются спектры праймера RawS 5. От крупного рогатого скота отличаются у овец спектры праймера BERV β -3, в которых тяжелые фрагменты встречаются реже, и легкие зоны занимают более 40 % спектров. У лошадей в спектрах праймеров RawS 5, BERV K-1, BERV β -3 основной вклад (почти половина спектра) вносят «легкие» фрагменты ДНК, уникально обогащенными «тяжелыми» зонами (более 47 %) являются спектры праймера BARE-1.

Таким образом, по представленности фрагментов ДНК разной длины в спектрах продуктов амплификации обнаружены следующие межвидовые отличия. У крупного рогатого скота в спектрах праймера ERV K-1 легкие фрагменты занимают большую часть спектра (более 50 %), и только в спектрах праймера BERV β -3 почти треть спектра представлена «тяжелыми» фрагментами. У овец уникально обогащенными «легкими» зонами (более 60 %) являются спектры праймера RawS 5. От крупного рогатого скота отличаются у овец спектры праймера BERV β -3, в которых тяжелые фрагменты встречаются реже, и легкие зоны занимают более 40 % спектров. У лошадей уникально обогащенными «тяжелыми» зонами (более 47 %) являются спектры праймера BARE-1.

Характеристики полиморфизма спектров продуктов амплификации, полученных с использованием разных праймеров (доля полиморфных локусов – P, выражено в %, полиморфное информационное содержание – PIC), представлены в [таблице 1](#).

Таблица 1. Характеристики полиморфизма (P, PIC) спектров IRAP-PCR маркеров у пород крупного рогатого скота, овец, лошадей

Праймеры	LTR SIRE-1		PawS 5		BARE-1		BERV k-1		BERV β -3	
	PIC	P, %	PIC	P, %	PIC	P, %	PIC	P, %	PIC	P, %
черно-пестрый скот	0,088	21	0,117	36	0,141	82	0,147	33	0	0
якутский скот	0,060	14	0,231	50	0,178	55	0,165	39	0,206	43
зебувидный скот	0,000	0	0,035	7	0,009	9	0,151	39	0	0
калмыцкие овцы	0,112	31	0,159	47	0,154	25	0,099	21	0,037	17
эдильбаевские овцы	0,081	19	0,113	35	0,157	38	0,152	36	0,111	25
алтайские лошади	0,192	67	0,169	40	-	-	0,029	14	0,203	64
карачаевские лошади	0,145	33	0,048	11	-	-	0,057	21	0,138	36
рысистые лошади	0,027	6	0,035	10	-	-	0,087	29	0,154	45

Характеристики полиморфизма, представленные в [таблице 1](#), свидетельствуют о том, что у голштинизированного черно-пестрого и у якутского скота (*Bos taurus*) наибольшие значения PIC обнаруживаются в спектрах праймеров PawS 5, BARE-1 и BERV k-1, а у якутского скота – еще и в спектре праймера BERV β -3. То есть, наибольший полиморфизм наблюдался именно в тех спектрах, в которые основной вклад вносят «легкие» фрагменты ДНК, и только у якутского скота – в спектре с наибольшим вкладом «тяжелых» зон.

Зебувидный скот (*Bos indicus*) отличается по спектрам всех праймеров, за исключением праймера BERV k-1. Судя по таблице, при оценках дифференциации групп животных пород *Bos taurus* наиболее наглядные данные получены по полиморфизму спектров праймера BERV β -3, между *Bos taurus* и *Bos indicus* – спектров праймеров PawS 5 и BARE-1. У овец наиболее выраженные межпородные отличия по полиморфизму также, как и у крупного рогатого скота, обнаруживаются в спектрах праймера BERV β -3, не смотря на то, что у овец, в отличие от крупного рогатого скота, «тяжелые» фрагменты ДНК встречаются реже.

Спектры лошадей по характеристикам полиморфизма отличаются от выявленных у крупного рогатого скота и овец, прежде всего, низким уровнем полиморфизма спектра праймера BERV k-1. Наиболее высокий уровень полиморфизма у разных пород лошадей был по спектрам праймера BERV β -3, у алтайских лошадей – еще и по спектрам праймеров LTR SIRE-1 и PawS 5, карачаевских – по спектру праймера LTR SIRE-1.

В общем, по характеристикам полиморфизма наименьшие отличия между породами выявлены у крупного рогатого скота и овец по спектрам праймеров LTR SIRE-1 и BERV k-1, у лошадей – по спектрам праймера BERV k-1; наибольшие у крупного рогатого скота и овец – по спектрам праймера BERV β -3, у лошадей – по спектрам праймеров LTR SIRE-1 и PawS 5.

Полученные данные свидетельствуют о том, что геномные участки исследованных групп животных, гомологичные фрагментам ДНК длинных концевых повторов эндогенных ретровирусов, впервые описанных у растений и животных, используемые в качестве праймеров в PCR, отличаются, в большинстве своем, высоким уровнем изменчивости по своему позиционированию в альтернативных цепях ДНК.

Ранее нами был оценен полиморфизм фрагментов ДНК, фланкированных терминальными участками (LTR) транспозона сои SIRE-1 (номер по каталогу AF053008), у крупного рогатого скота лебединской породы. Оказалось, что в спектре продуктов амплификации, полученных с использованием этого праймера в полимеразной цепной реакции, воспроизводится 14 фрагментов ДНК, 11 из которых не имели индивидуальной изменчивости и наблюдались также в спектрах продуктов амплификации у животных другой породы – голштинов. Только три фрагмента ДНК отличались выраженным полиморфизмом ([Глазко, Глазко, 2011](#)).

Для того чтобы оценить возможность локализации в геноме крупного рогатого скота участков ДНК, гомологичных LTR транспозона сои, с использованием программы BLASn выполнен соответствующий поиск в ГенБанк секвенированных последовательностей. Обнаружено, что участки с частичной гомологией (11–23 нуклеотида) присутствуют в секвенированных последовательностях 20 из 29 аутосом крупного рогатого скота, а также в хромосомах X и Y.

Нами было выполнено генотипирование некоторых сортов и регенерантов риса и пшеницы по фрагментам ДНК, фланкированных инвертированными повторами фрагментов ретротранспозон-подобных элементов одного и того же семейства R173, в частности, RawS5. Оказалось, что фрагменты ДНК, фланкированные инвертированными повторами этих последовательностей, существенно варьируют между сортами риса, пшеницы и даже между регенерантами, имеющими общее сортовое происхождение (Глазко и др., 2006; Глазко и др., 2009). Далее с использованием программы BLASn нами был выполнен соответствующий поиск участков гомологии к RawS5 в ГенБанк секвенированных последовательностей, в частности, крупного рогатого скота. Обнаружено большое количество участков с частичной гомологией к последовательностям флангов этих ретротранспозонов, как правило, локализованных в районах расположения полигенного семейства R450, и генов, связанных с функцией иммунной системы, факторов регуляции транскрипции. Участки гомологии к этим флангам членов семейства R173 имеют несколько более широкую таксономическую представленность, чем фланг ретротранспозона сои, и также обнаруживаются у прокариот.

Видоспецифичные геномные последовательности, представленные в ГенБанк и доступные для поисков гомологии, сравнительно обеднены повторяющимися последовательностями ДНК, что позволяет оценивать участки гомологии преимущественно в генных и межгенных участках. С использованием программы BLASn выполнен поиск участков гомологии в референтных геномах крупного рогатого скота, овец и лошадей к последовательностям, используемым нами в качестве праймеров. Получены следующие данные. Для последовательности праймера SIRE-1 в геноме крупного рогатого скота выявлено 170 участков гомологии (>80%), у овец – 170, у лошадей – 196. Для праймера RawS5 – в геноме крупного рогатого скота выявлено 150 участков, у овец – 310, у лошадей – 155. Для праймера BARE-1 – у крупного рогатого скота 160 участков, у овец – 159, у лошадей – 158. Для праймера BERV k-1 – у крупного рогатого скота 171 участок, у овец – 165, у лошадей – 200. Для праймера BERV β -3 – у крупного рогатого скота 187 участков, у овец – 197, у лошадей – 200. В общем, по количеству участков гомологии в референтных геномах исследованных видов последовательности праймеров существенно не отличались друг от друга, за исключением генома овец и последовательности праймера RawS5. По-видимому, именно с повышенной частотой встречаемости последовательности RawS5 в геномах овец связан уникальный вклад «легких» фрагментов ДНК (больше 60%) в спектры продуктов амплификации, что указывает на относительно повышенное присутствие гомологичных последовательностей в альтернативных цепях ДНК на коротком расстоянии друг от друга (100–900 п.о.).

Интересно отметить, что такой же поиск участков гомологии в референтных геномах сои (*Glycine max* (L.) Merr.) и пшеницы (common wheat) позволил обнаружить примерно такое же количество участков гомологии что и у сельскохозяйственных видов млекопитающих, причем, если у сои эти участки в основном находились в ядерном геноме, то у пшеницы много меньшей частотой встречались, преимущественно, в хлоропластной и митохондриальной ДНК.

Выполнен также поиск гомологии последовательностей, использованных нами в качестве праймеров, в базе данных микроРНК (<http://www.mirbase.org/>). Оказалось, что SIRE1 имеет высокую степень гомологии (>60%) к bdi-MIR7752 злаковых, stu-MIR8003 картофеля, miR-2431 *Bos taurus* и gsa-mir-1993 плоских червей. Последовательность RawS5 имела гомологию к hsa-mir-1304, экспрессирующейся в эмбриогенезе у человека, последовательность BERV β -3 – к hsa-miR-5682, экспрессия которой ассоциирована с метастазирующим раком простаты. И только к двум праймерам, BARE-1 и BERV k-1, в базе данных микроРНК участков гомологии обнаружено не было.

Можно ожидать, что относительно сниженный уровень полиморфизма у крупного рогатого скота и овец по спектрам праймеров LTR SIRE-1 может быть обусловлен вовлеченностью участков гомологии этой последовательности в процессы, связанные с микроРНК и, соответственно, с относительно повышенным консерватизмом. Тем не менее, по-видимому, это типично только для крупного рогатого скота и овец, поскольку у лошадей характеристики полиморфизма наиболее высокие по спектрам праймеров LTR SIRE-1 и PawS (таблица).

Сходство по полиморфизму и его структуре у разных пород крупного рогатого скота и овец спектров праймера BERV k-1, одинаково низкий уровень полиморфизма спектров этого праймера у разных пород лошадей, свидетельствует об относительно пониженной изменчивости распределения участков гомологии к нему в геномах исследованных животных, в отличие от распределения последовательностей, гомологичных к праймеру BERV β -3 (таблица). В то же время, литературные данные позволяют предполагать, что эндогенный ретровирус BERV β -3 древнее, чем BERV k-1, что могло бы объяснить относительно повышенную изменчивость по спектрам праймера BERV β -3 в связи с более длительной его эволюцией в геномах полорогих.

По данным на 2014 год (Garcia-Etxebarria et al., 2014), в геномах крупного рогатого скота содержится примерно 18 семейств эндогенных ретровирусов класса I (Epsilonretrovirus, Gammaretrovirus), 6 – класса II (Alpha-, Beta-, Delta- и Lentiretrovirus) и пока ни одного класса III (Spumavirus). Описано несколько семейств, по последовательностям близких к выявленным в геноме овцы – BERV γ 4, γ 7 и γ 9 первого класса, и одно семейство BERV β 3 класса I. BERV β 3, по сравнению с другими, консервативен, и по своей последовательности близок к семейству человека HERV-K. В этой же работе отмечается тот факт, что представители выявленных семейств эндогенных ретровирусов могут по-разному встречаться в геномах крупного рогатого скота, принадлежащих разным породам: присутствовать в геномах лимузинов и симменталов и отсутствовать в геномах герефордов, что отражает высокий полиморфизм этих последовательностей.

Обнаружено, что одни и те же семейства ретровирусов представлены в геномах зебувидного крупного рогатого скота, яков (Garcia-Etxebarria, Jugo, 2013). Выявлена высокая степень гомологии между эндогенным ретровирусом бычьего ERV β и ERV β 1 овцы (Torresi et al., 2015).

4. Заключение

Полученные нами данные свидетельствуют о том, что полиморфизм полилокусных спектров, получаемых при использовании в PCR в качестве праймеров последовательностей терминальных повторов эндогенных ретровирусов, может быть связан с частотой встречаемости гомологичных участков в геномах исследованных видов (как в случае праймера PawS5 у овец), функциональной значимостью ассоциированных с ними геномных элементов (гомология последовательности SIRE-1 с микроРНК), сравнительной «древностью» происхождения эндогенных ретровирусов (как в случае различий в спектрах праймеров BERV β -3 и BERV k-1). То есть, применение для полилокусного генотипирования в целях выявления генофондных отличий между группами животных фрагментов эндогенных ретровирусов (IRAP маркеры) требует предварительного выяснения их особенностей распределения в геномах исследованных видов в связи с их мобильностью и высокой изменчивостью. В то же время, по нашим данным, очевидно, что для выявления межпородных отличий у крупного рогатого скота и овец могут использоваться спектры праймеров PawS 5 и BERV β -3, для лошадей – SIRE-1 и PawS 5.

Литература

Глазко и др., 2006 – Глазко В.И., Цветков И.Л., Иванов А.Н. Генетическая дифференциация сортов риса по IRAP маркерам // Изв. ТСХА, 2006, Вып. 4, С. 155–159.

Глазко и др., 2009 – Глазко В.И., Цветков И.Л., Созинова Л.Ф., Глазко Т.Т. Молекулярно-генетические маркеры полиморфизма ДНК и их геномное позиционирование // Докл. РАСХН, 2009, № 3, С. 11–14.

Глазко, Глазко, 2011 – Глазко В.И. Глазко Т.Т. Нанометровый масштаб распределения отдельных геномных элементов // Нанотехнологии и охрана здоровья, 2011, Том III, №3(8), С. 34–41.

Garcia-Etxebarria, Jugo, 2013 – Garcia-Etxebarria K., Jugo B.M. Evolutionary history of bovine endogenous retroviruses in the Bovidae family // *BMC Evolutionary Biology*, 2013, Vol. 13, p. 256. URL: <http://www.biomedcentral.com/1471-2148/13/256>

Garcia-Etxebarria et al., 2014 – Garcia-Etxebarria K., Sistiaga-Poveda M., Jugo B.M. Endogenous retroviruses in domestic animals // *Current Genomics*, 2014, Vol. 15, pp. 256–265.

Glazko et al., 2015 – Glazko Valery I., Elkina Maria A., Glazko Tatiana T. Genomic Scanning Using the Retrotransposon Fragments as "Anchors", in Animals and Plants // *Biogeosystem Technique*, 2015, Vol. (6), Is. 4, pp. 363–373. DOI: 10.13187/bgt.2015.6.363;

Glazko et al., 2016 – Glazko Valeriy I., Zybailov Boris L., Glazko Tatiana T. Noosphere and Domestication // *Biogeosystem Technique*, 2016, Vol.(10), Is. 4, pp. 271–283. DOI: 10.13187/bgt.2016.10.271

Glazko et al., 2005 – Glazko G., Veeramachaneni V., Nei M., Makalowski W. Eighty percent of proteins are different between humans and chimpanzees // *Gene*, 2005, 346, pp. 215–219. DOI: 10.1016/j.gene.2004.11.003

Tellam, Worley, 2009 – Tellam R.L., Worley K.C. The Genome Sequence of Taurine Cattle: A Window to Ruminant Biology and Evolution // *Science*, 2009, Vol. 324, pp. 522–528.

Torresi et al., 2015 – Torresi C., Casciari C., Giammarioli M., Feliziani F., De Mia G.M. Characterization of a novel full-length bovine endogenous retrovirus, BERV-β1 // *Arch Virol*, 2015, Vol. 160, pp. 3105–3114. DOI: 10.1007/s00705-015-2603-z

Zhao et al., 2015 – Zhao F., McParland S., Kearney F., Du L., Berry D.P. Detection of selection signatures in dairy and beef cattle using high-density genomic information // *Genetics Selection Evolution*, 2015, pp. 47–49. DOI: 10.1186/s12711-015-0127-3

Zietkiewicz et al., 1994 – Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. Genome fingerprinting by sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification // *Genomics*, 1994, Vol. 20, pp. 176–183.

References

Glazko et al., 2006 – Glazko V.I., Cvetkov I.L., Ivanov A.N. (2006). Geneticheskaya differentsiatsiya sortov risa po IRAP markeram [Genetic differentiations of rice varieties on IRAP markers]. *Izvestia of Timiryazev Academy*, Is. 4, pp. 155–159.

Glazko et al., 2009 – Glazko V.I., Cvetkov I.L., Sozinova L.P., Glazko T.T. (2009). *Molekulyarno-geneticheskie markery polimorfizma DNK i ikh genomnoe pozitsionirovanie* [Molecular-genetic markers of DNA polymorphism and its genomic positioning]. *Proceeding of Russian Academy of Agricultural Sciences*, № 3, pp. 11–14.

Glazko, Glazko, 2011 – Glazko V.I. Glazko T.T. Nanometrovyi masshtab raspredeleniya ot del'nykh genomnykh elementov [Nanometer scale distribution of selected genomic elements]. *Nanotechnologies and health protection*, Vol. III, No. 3(8), pp. 34–41.

Garcia-Etxebarria, Jugo, 2013 – Garcia-Etxebarria K., Jugo B.M. (2013). Evolutionary history of bovine endogenous retroviruses in the Bovidae family. *BMC Evolutionary Biology*, Vol. 13, pp. 256. URL: <http://www.biomedcentral.com/1471-2148/13/256>

Garcia-Etxebarria et al., 2014 – Garcia-Etxebarria K., Sistiaga-Poveda M., Jugo B.M. (2014). Endogenous retroviruses in domestic animals. *Current Genomics*, Vol. 15, pp. 256–265.

Glazko et al., 2015b – Glazko Valery I., Elkina Maria A., Glazko Tatiana T. (2015). Genomic Scanning Using the Retrotransposon Fragments as "Anchors", in Animals and Plants. *Biogeosystem Technique*, Vol. (6), Is. 4, pp. 363–373. DOI: 10.13187/bgt.2015.6.363

Glazko et al., 2016 – Glazko Valeriy I., Zybailov Boris L., Glazko Tatiana T. (2016). Noosphere and Domestication. *Biogeosystem Technique*, Vol.(10), Is. 4, pp. 271–283. DOI: 10.13187/bgt.2016.10.271

Glazko et al., 2005 – Glazko G., Veeramachaneni V., Nei M., Makalowski W. (2005). Eighty percent of proteins are different between humans and chimpanzees. *Gene*, 346, pp. 215–219. DOI: 10.1016/j.gene.2004.11.003

Tellam, Worley, 2009 – Tellam R.L., Worley K.C. (2009). The Genome Sequence of Taurine Cattle: A Window to Ruminant Biology and Evolution. *Science*, Vol. 324, pp. 522–528.

Torresi et al., 2015 – Torresi C., Casciari C., Giammarioli M., Feliziani F., De Mia G.M. (2015). Characterization of a novel full-length bovine endogenous retrovirus, BERV- β 1. *Arch Virol*, Vol. 160, pp. 3105–3114. DOI: 10.1007/s00705-015-2603-z

Zhao et al., 2015 – Zhao F., McParland S., Kearney F., Du L., Berry D.P. (2015). Detection of selection signatures in dairy and beef cattle using high-density genomic information. *Genetics Selection Evolution*, pp. 47-49, DOI: 10.1186/s12711-015-0127-3

Zietkiewicz et al., 1994 – Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. (1994). Genome fingerprinting by sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*, Vol. 20, pp. 176–183.

УДК 575.2: 575.857

Спектры IRAP маркеров у овец, крупного рогатого скота, лошадей

Валерий Иванович Глазко ^{a, *}, Татьяна Теодоровна Глазко ^a

^a Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева, Российская Федерация

Аннотация. Необходимость контроля биологического разнообразия и динамики популяционно-генетических структур требует разработки методов выявления популяционно-генетических особенностей представителей различных видов. В этих целях необходимо использование наиболее полиморфных геномных элементов для получения популяционно-генетического «портрета» с высоким разрешением. В настоящей работе выполнен сравнительный анализ спектров фрагментов геномной ДНК, фланкированных инвертированным повтором участков длинных концевых повторов 5-ти эндогенных ретровирусов (IRAP-PCR маркеры), у крупного рогатого скота, овец и лошадей. В результате получены данные о видоспецифичных особенностях IRAP-PCR маркеров. Так, по характеристикам полиморфизма наименьшие отличия между породами выявлены у крупного рогатого скота и овец по спектрам праймеров к длинным концевым повторам (LTR) таких эндогенных ретровирусов как SIRE-1 и BERV k-1, у лошадей – по спектрам праймера к BERV k-1; наибольшие у крупного рогатого скота и овец – по спектрам праймера BERV β -3, у лошадей – по спектрам праймеров LTR SIRE-1 и PawS 5. Судя по полученным данным, для выявления межпородных отличий у крупного рогатого скота и овец могут использоваться спектры праймеров к LTR PawS 5 и BERV β -3, для лошадей - SIRE-1 и PawS 5. Обсуждаются возможные причины отличий по полиморфизму спектров IRAP-PCR маркеров, полученных с использованием в качестве праймеров к LTR различных эндогенных ретровирусов.

Ключевые слова: популяционно-генетическая структура, полиморфизм, эндогенные ретровирусы, длинные концевые повторы, крупный рогатый скот, овцы, лошади.

* Корреспондирующий автор
Адрес электронной почты: vigvalery@gmail.com (В.И. Глазко)