

Лаборатория геогеографии кошек летней Школы по молекулярной и теоретической биологии - 2013

Участники: Дарья Беляева, Анастасия Князева, Анна Грачева, Екатерина Колесникова, Дарья Николаева, Ксения Хоменко, Екатерина Юдаева. *Сотрудники:* Ольга Зайцева, Марианна Бегова, Яков Цепилов, Юрий Аульченко. *Консультанты:* Иван Кулаковский, Максим Филипенко, Павел Бородин. *Секвенирование на MiSeq:* Мария Логачева.

Целью работы лаборатории являлось изучение разнообразия и распространения генетических признаков кошки на территории Российской Федерации (РФ). Исследования осуществлялись в рамках двух проектов. Первый проект был посвящен изучению географического распределения аллелей, контролирующих окрас кошек, на территории РФ. Во втором проекте мы изучали разнообразие гаплотипов контрольного региона митохондриального генома кошек РФ, а также исследовали уровень гетероплазмии в митохондриальном геноме отдельных кошек.

Для изучения географического распределения аллелей, контролирующих окрас и длину шерсти кошек, использовались фотографии, собранные участниками до их приезда в Школу, в своих городах. Были собраны фотографии около 400 кошек из 10 городов РФ. Наибольшие выборки были получены для гг. Томск (n=106), Санкт-Петербург (n=65) и Кострома (n=138). Фотографии кошек из этих трех городов были использованы для определения возможных генотипов и оценки частот аллелей семи локусов. На основании полученных данных было оценено отношение полов в популяциях кошек. Объединение полученных нами и литературных данных позволило построить дерево, отражающее генетическое сходство популяций кошек 26 городов РФ и Белоруссии. Кроме того, для города Санкт-Петербург было проведено сравнение распределения частот аллелей в разное время (1978, 2008 и 2013 гг). Показано, что популяции кошек РФ и Белоруссии подразделяются на два кластера: первый объединяет в основном восточноевропейские города (в том числе и Кострому), однако в этой группе также находятся Новосибирск и Томск; второй кластер включает в себя южные, сибирские и дальневосточные города. Кроме того, в популяции кошек г. Санкт-Петербург наблюдалось уменьшение частот аллелей t^b , d и l со временем.

Для изучения разнообразия гаплотипов контрольного региона митохондриального генома кошек РФ использовали образцы шерсти, собранные участниками до их приезда в Школу. ДНК была успешно выделена из 41 образца собранных в восьми городах РФ. Участок митохондриальной ДНК в 402 пар оснований был секвенирован. Двадцать шесть образцов было секвенировано по Сэнгеру и 20 - с использованием секвенирования нового поколения (NGS, Illumina MiSeq). Перекрывание между двумя методами составляло пять образцов. Было обнаружено 9 новых митохондриальных гаплотипов, из которых 8 было уникальными, а один новый митотип (названный нами M) встречался у четырех кошек из разных городов. Были построены деревья и сети объединяющие уже известные и вновь описанные митотипы. По результатам анализа данных NGS, обнаружены образцы с гетероплазмией.

Таким образом, нами описаны частоты аллелей, контролирующих окрас и длину шерсти кошек в популяциях гг. Томск, Санкт-Петербург и Кострома. Для гг. Томск и Кострома такая работа проведена впервые. Впервые в РФ, изучено разнообразие гаплотипов контрольного региона митохондриального генома кошки, найдены новые митотипы. Впервые в мире, для изучения митотипов кошки применялась технология NGS, что позволило охарактеризовать уровни гетероплазмии.