

# Усы, лапы и ДНК- вот мои документы!.. Молекулярная популяционная генетика кошки



Выражаем благодарность в сборе материала

Александровой Л., Усмаковой К.,  
Бессоновой Т., Синдаловской М.,  
Шариповой Р., Закировой А., Тутукиной  
М., Богачеву И., Ключевой А.,  
Виноградовой М.

## Лаборатория геногеографии кошек

Беляева Дарья, Грачева Анна, Князева Анастасия,  
Колесникова Екатерина, Николаева Дарья,

Хоменко Ксения, Юдаева Екатерина, Ольга Зайцева, Цепилов Яков, Марьяна Бегова,  
Юрий Аульченко и Павел Михайлович Бородин

### Введение

**Домашняя Кошка (*Felis catus*)** – это не только одно из наиболее популярных домашних животных в мире, но и отличный объект для изучения популяционной генетики. Во-первых, скрещивание кошек практически всегда происходит случайно. Во-вторых, их много и они легко доступны для наблюдения и сбора биоматериала.

#### Цель:

Изучение изменчивости участка митохондриальной ДНК в популяциях кошек на территории РФ.

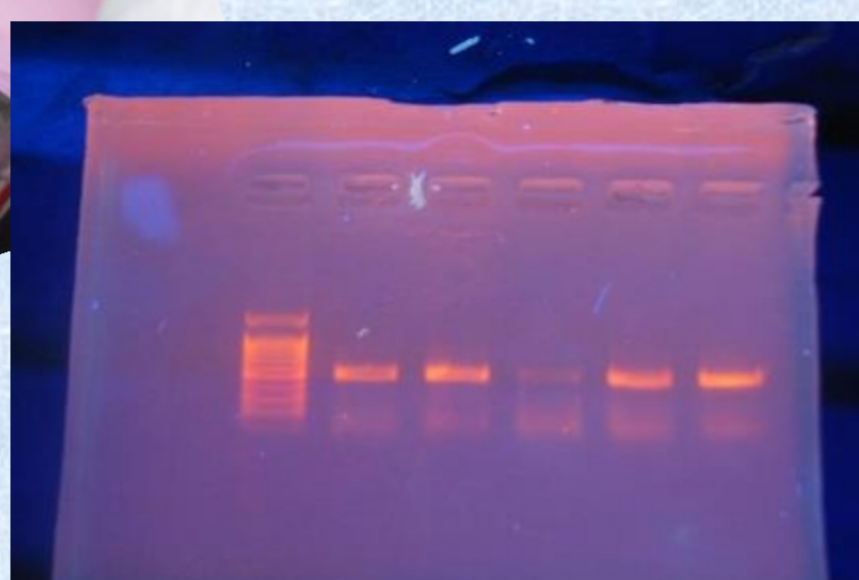
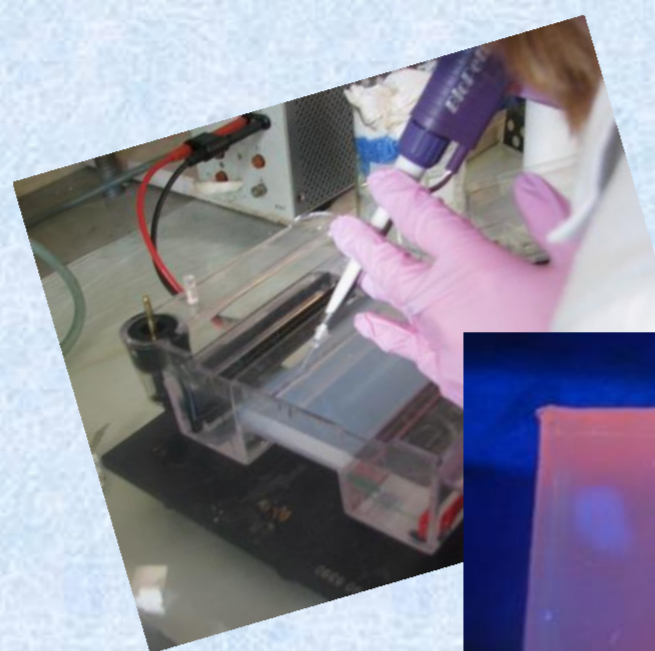
#### Задачи:

- Определить последовательность участка CR-региона митохондриальной ДНК у кошек из разных регионов России
- Провести филогенетический анализ
- Оценить частоты митотипов
- Установить наличие гетероплазии

### Материалы и методы

#### «Мокрая» часть:

1. Подготовка шерсти и последующая обработка материала реагентом FASTA (Filipenko tech.)
2. ПЦР по двум специфичным праймерам JHmtF3-gatagtgcctaatcgtgc и JHmtR3-gtcctgtggaacaatagg



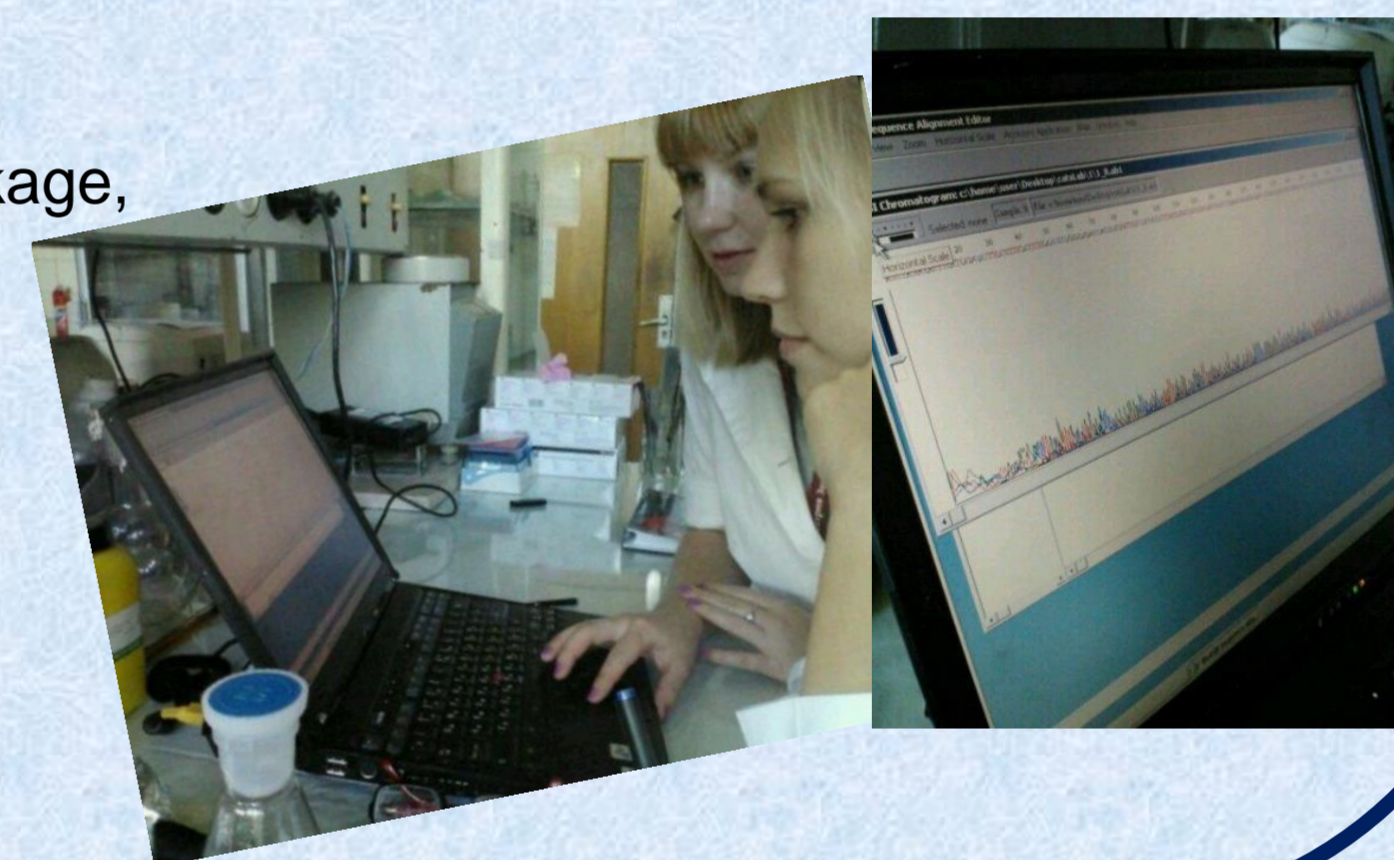
3. Контроль качества результатов ПЦР электрофорезом

4. Очистка ДНК: экзонуклеазой и фосфатазой, китами QIAGEN и Promega.

5. Секвенирование по Сенгеру и «следующего поколения» (NGS, Illumina MiSeq).

#### «Сухая» часть:

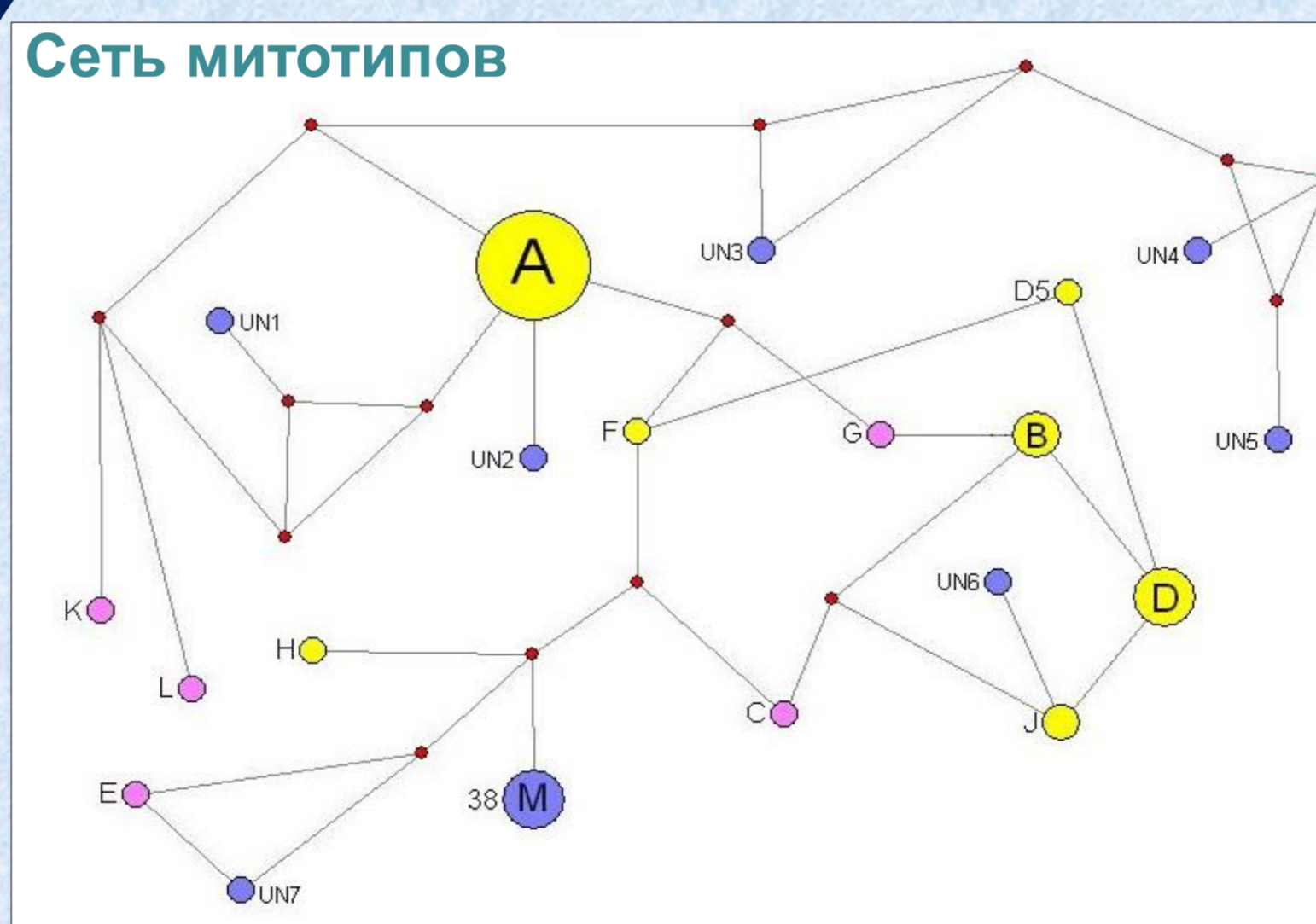
1. Анализ секвенограмм: Bioedit, Staden Package, Tablet, UGene
2. Построение сетей митотипов Network 4.6
3. Построение филогенетических деревьев: MEGA 5.2.22, Phangorn (library for R)
4. Работа с базами данных GenBank



### Результаты и выводы

- Обработано 136 образцов шерсти кошек. Участок митохондриальной ДНК был просеквенирован у 41 образца.
- Проведено выравнивание против базы данных нуклеотидных последовательностей *Felis catus*. Выявлено, что 70.7% (29) последовательностей имели один из 6 распространенных митотипов (A, B D, D5, H, J). Как и в мире, самым распространенным митотипом в России является митотип A (41%). Митотипы C, E, G, K, L, характерные для американских популяций, обнаружены не были. **Был обнаружен новый митотип M**, характерный только для российской популяции и встречающийся с частотой 9.7% (4). Остальные 8 последовательностей были уникальными.
- Было построено филогенетическое дерево митотипов, найденных нами и взятых из базы данных (GenBank). Было обнаружено, что все митотипы можно разделить на две филогенетические группы.
- Была построена сеть всех известных нам митотипов. 70% разнообразия определяется 4-мя митотипами (A, B, D, M). Митотип M и уникальные митотипы UN4, UN5, UN7 далеки от самых распространенных митотипов.
- Данные MiSeq подтверждают наличие гетероплазии в просеквенированном участке митохондриальной ДНК.

### Сеть митотипов



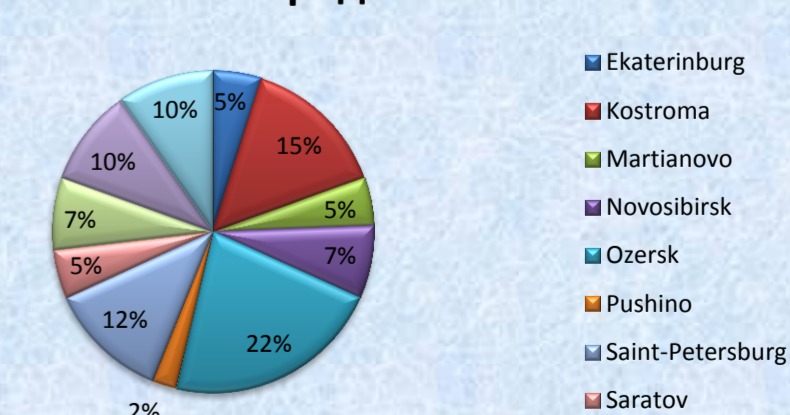
### Филогенетическое дерево митотипов



### Пример гетероплазии



### Распределение образцов по городам



### Встречаемость митотипов

