

**ПІДПАЛА О.В., ЯЦИШИНА А.П., ЛУКАШ Л.Л.**

*Інститут молекулярної біології та генетики НАН України,  
Україна, 03680, Київ, вул. Заболотного, 150; e-mail: pidpala@ukr.net*

## **ПОГЛЯД НА ЕВОЛЮЦІЮ *HOMINOIDEA* НА ОСНОВІ РОЗПОДІЛУ IS-ФРАГМЕНТІВ У мтДНК**

Гоміноїди (*Hominoidea*, *Anthropomorpha*) — надродина вузьконосих мавп, до яких належать людиноподібні мавпи (гібони, орангутанги, горили, шимпанзе) і людина [1]. Визначено час дивергенції основних її гілок: близько 40 млн років тому гоміноїди відділились від *Cercopithecoidea* (собакоголових); одна із її гілок близько 30 млн років тому дала початок гомінідам; 20 млн років тому відділилась гілка гібонів; 16–13 млн. років тому — гілка орангутангів; 10 млн років тому — гілка горил; близько 7 млн років тому від предків сучасних шимпанзе відділилась гілка гомінін, яка трансформувалась у кілька видів людей [2–4]. Класифікація гоміноїдів не є усталеною. Час від часу вона зазнає змін і уточнень. Для вивчення філогенії та систематики широко використовують молекулярні маркери і серед них мітохондріальні ДНК (мтДНК) [5, 6] та мобільні генетичні елементи (МГЕ) [7, 8]. МГЕ, які індукують множинні мутації у ядерному геномі, у мітохондріях тварин, зокрема і у людини, не виявлені. Наявність фрагментів ретротранспозонів у мт-геномі описано у рослин (*Arabidopsis thaliana*) [9]. У мтДНК людини нами у попередній роботі ідентифіковано фрагменти МГЕ еукаріот і бактеріальних IS-елементів [10]. Метою даної роботи було з'ясувати, чи присутні вони у мтДНК інших гоміноїдів і чи можуть бути вони інформативними для філогенетичних досліджень.

### **Матеріали і методи**

Проаналізовано 13 мтДНК 9 видів гоміноїдів, які належать до двох родин. Перелік видів і номери послідовностей мтДНК у GenBank наведено у табл. 1. Для пошуку та ідентифікації фрагментів МГЕ еукаріот використовували програму Censor (<http://www.girinst.org/censor>) [11], а для фрагментів бактеріальних IS-елементів користувались базою даних ISfinder (<http://www.is.biotoul.fr>) [12].

### **Результати та обговорення**

В усіх мтДНК досліджуваних видів гоміноїдів виявлено фрагменти МГЕ еукаріот і бактеріальних IS-елементів (IS-фрагменти). Їхня частота становить 0,84–3,32% і 1,03–1,89%, відповідно. Стосовно фрагментів МГЕ еукаріот спостерігали велику гетерогенність. Для того, щоб простежити закономірність, пішли від зворотнього — прослідкували наявність специфічних для людини фрагментів у інших гоміноїдів (табл. 2). Виявили, що є фрагменти, які специфічні винятково для *Homininae* (горили, шимпанзе, людина), є специфічні для *Hominini* (шимпанзе, людина) і специфічні тільки для *Pongo sapiens*. Несподіваним було виявлення гомологічних фрагментів у *Pongo abeli* і *Homo* та у горил і людини (гаплотип L2). Гіпотетично це може свідчити про еволюційну близькість або про можливість схрещувань предкових (пере-

Таблиця 1

Види *Hominoidea*, мтДНК яких аналізували

Надродина	Родина	Вид	Реєстраційний номер послідовності мтДНК у GenBank
<i>Hominoidea</i> (Людиноподібні мавпи або гоміноїди)	<i>Hominoidea</i> (Гоміноїди)	<i>Homo sapiens</i>	NC_001807 NC_012920 AF381981
		<i>Homo sapiens neanderthalensis</i>	NC_011137
<i>Pan paniscus</i>		NC_001644	
<i>Pan troglodytes</i>		NC_001643 X93335 EU095335	
<i>Gorilla gorilla</i>		D38114	
<i>Gorilla gorilla gorilla</i>		X93347	
<i>Pongo abeli</i>		NC_002083	
	<i>Pongo pygmaeus</i>	NC_001646	
	<i>Hylobatidea</i> (Гібонові)	<i>Hylobates lar</i>	NC_002082

Таблиця 2

Наявність специфічних для *Homo sapiens* фрагментів еукаріотних МГЕ у мтДНК *Hominoidea*

Фрагменти еукаріотних МГЕ	Представники <i>Hominoidea</i>												
	<i>Hylobates lar</i>	<i>Pongo pygmaeus</i>	<i>Pongo abeli</i>	<i>Gorilla gorilla gorilla</i>	<i>Gorilla gorilla</i>	<i>Pan troglodytes</i> (EU095335)	<i>Pan troglodytes</i> (X93335)	<i>Pan troglodytes</i> (NC_001643)	<i>Pan paniscus</i>	<i>Homo sapiens neanderthalensis</i>	<i>Homo sapiens</i> (AF381981)	<i>Homo sapiens</i> (NC_012920)	<i>Homo sapiens</i> (NC_001807)
Sola2-2_SP			+							+	+	+	+
ROO_I				+	+						+		
ATGP3B_I				+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Copia-124_SB-I						+	+	+	+	+	+	+	+
OPIE2_LTR										+	+	+	+

хідних) форм. На анатомічну схожість між людиною та орангутангом вказував Дж. Шварц [13]. Є дані про випадки міжродових та міжвидових схрещувань у сучасних приматів [14–19]. Можливо, це мало місце і у древніх гоміноїдів [20–22]. Чи можна про це говорити на основі досліджень мтДНК,

<i>Hylobates lar</i>	<i>Pongo abeli</i>	X	<i>Gorilla gorilla</i>	<i>Pan troglodytes</i>	Y	<i>H. sapiens neandert.</i>	Z	<i>H. sapiens</i> (гаплотип L2)
ISAar32	ISAar32	<b>ISAar32</b>	ISAar32		<b>ISAar32</b>	ISAar32	<b>ISAar32</b>	ISAar32
ISAar10	ISAar10	<b>ISAar10</b>	ISAar10		<b>ISAar10</b>	ISAar10	<b>ISAar10</b>	ISAar10
						ISSsn5	<b>ISSsn5</b>	ISSsn5
						IS1678	<b>IS1678</b>	IS1678
				ISOih1	<b>ISOih1</b>	ISOih1	<b>ISOih1</b>	ISOih1
ISAcma26		<b>ISAcma26</b>	ISAcma26	ISAcma26	<b>ISAcma26</b>	ISAcma26	<b>ISAcma26</b>	ISAcma26
	ISTde1	<b>ISTde1</b>	ISTde1	ISTde1	<b>ISTde1</b>	ISTde1	<b>ISTde1</b>	ISTde1
	ISPa29	<b>ISPa29</b>	ISPa29	ISPa29	<b>ISPa29</b>	ISPa29	<b>ISPa29</b>	ISPa29
						ISMmy2	<b>ISMmy2</b>	ISMmy2
ISSth1	ISSth1	<b>ISSth1</b>	ISSth1	ISSth1	<b>ISSth1</b>	ISSth1	<b>ISSth1</b>	ISSth1
	IS1249	<b>IS1249</b>	IS1249	IS1249	<b>IS1249</b>	IS1249	<b>IS1249</b>	IS1249
IS1221H		<b>IS1221H</b>	IS1221H	IS1221H	<b>IS1221H</b>	IS1221H	<b>IS1221H</b>	IS1221H
IS1221E		<b>IS1221E</b>	IS1221E	IS1221E	<b>IS1221E</b>	IS1221E	<b>IS1221E</b>	IS1221E

Рис. Інсерційні профілі IS-фрагментів у мтДНК *Hominoidea*

Жирним шрифтом виділено гіпотетичні гібриди: X — *H. l. x P.a.*; Y — *G.g. x P.t.*; Z — *(G.g. x P.t.) x H.s.n.*

адже за класичними уявленнями вона передається по материнській лінії і не рекомбінує [23, 24]. Останнім часом це питання дискутується [25–30].

Аналізуючи наявність специфічних для людини IS-фрагментів у гоміноїдів (рис.), ми припускаємо, що перехідні форми могли бути гібридами. Підтвердження чи спростування такого твердження стане можливим при аналізі мтДНК викопних гоміноїдів. На сьогодні ми змогли проаналізувати лише мтДНК *Homo sapiens neanderthalensis*.

### Висновки

У мтДНК досліджуваних гоміноїдів виявили фрагменти мобільних генетичних елементів еукаріот і бактеріальних IS-елементів. На підставі аналізу одержаних результатів припустили можливість схрещувань у перехідних форм людиноподібних мавп.

### Література

1. Хрисантова Е.Н., Перевозчиков И.В. Антропология. М.: Изд-во МГУ, 2002.— 400 с.
2. Miller E.R., Gunnell G.F., Martin R.D. Deep time and the search for anthropoid origins // *Am. J. Phys. Anthropol.*— 2005.— №41.— P. 60–95.
3. Steiper M.E., Young N.H. Primate molecular divergence dates // *Mol. Phylogen. Evol.*— 2006.— Vol.41, №2.— P. 384–394.
4. Kunimatsu Y., Nakatsukasa M., Sawada Y. et al. A new Late Miocene great ape from Kenya and its implication for the origins of African great apes and human // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*— 2007.— Vol.104, №49.— P. 19220–19225.
5. Arnason U., Gullberg A., Janke A., Xu X. Pattern and timing of evolutionary divergences among hominoids based on analyses of complete mtDNA // *J. Mol. Evol.*— 1996.— Vol.43, №6.— P. 650–661.
6. Parendorf B., Stoneking M. Mitochondrial DNA and human evolution // *Ann. Rev. Genomics Hum. Genet.*— 2005.— Vol.6.— P. 165–183.
7. Schmitz J., Roos C., Zischler H. Primate phylogeny: molecular evidence from retroposons // *Cytogenet. Genome Res.*— 2005.— Vol.108, №1–3.— P. 26–37.

8. Liu G.E., Alkan C., Jiang L. et al. Comparative analysis of Alu repeats in primate genomes // *Genome Res.*— 2009.— Vol.19, №5.— P. 876–885.
9. Knoop V., Reseld M., Marienfeld J. et al. Copi-like, gypsi-like and LINE-like retrotransposon fragments in the mitochondrial genome of *Arabidopsis thaliana* // *Genetics.*— 1996.— Vol.142, №2.— P. 579–585.
10. Підпала О.В., Яцишина А.П., Лукаш Л.Л. Фрагменти бактеріальних IS-елементів і мобільних генетичних елементів еукаріотів у мтДНК людини // *Досягнення і проблеми генетики, селекції та біотехнології.*— 2007.— Т.1.— С. 498–502.
11. Kohany O., Gentles A.J., Hankus L., Jurka J. Annotation, submission and screening of repetitive elements in Repbase: RepbaseSubmitter and Censor // *BMC Bioinformatics.*— 2006.— Vol.7.— P. 474.
12. Signier P., Perochon J., Lestrade L. et al. ISfinder: the reference centre for bacterial insertion sequence // *Nucleic Acid Research.*— 2006.— Vol.34.— (Database issue): D32-36.
13. Schwartz J.H. The evolutionary relationships of man and orang-utans // *Nature.*— 1984.— Vol.308, №5959.— P. 501–505.
14. Bernstiel I.S. Naturally occurring primate hybrid // *Science.*— 1966.— Vol.154, №3756.— P. 1559–1560.
15. Sugawara K. Sociological study of a wild group of hybrid baboons between *Papio anubis* and *P. hamadryas* in the Awash Valley, Ethiopia // *Primates.*— 1979.— Vol.20, №1.— P. 21–56.
16. Tenaza R. Songs of hybrid gibbons (*Hylobates lar*×*H. muelleri*) // *Amer. J. Primat.*— 1984.— Vol.8, №3.— P. 249–253.
17. Jolly C.J., Woolley-Barker T., Beyene S. et al. Intergenic hybrid Baboons // *Inter. J. Primat.*— 1997.— Vol.18, №4.— P. 597–627.
18. Ackermann R.R., Rogers J., Cheverud J.M. Identifying the morphological signatures of hybridization in primate and human evolution // *J. Hum. Evol.*— 2006.— Vol.51, №6.— P. 632–645.
19. Ackermann R.R., Bishop J.M. Morphological and molecular evidence reveals recent hybridization between gorilla taxa // *Evolution.*— 2010.— Vol.64, №1.— P. 271–290.
20. Спицын В.А. Современные представления об эволюции отряда приматов в свете данных молекулярной биологии // *Биологическая эволюция и человек / Под ред. Я.Я. Рогинского.*— М.: Изд-во МГУ, 1989.— 240 с.
21. Patterson N., Richter D.J., Gnerre S. et al. Genetic evidence for complex speciation of humans and chimpanzees // *Nature.*— 2006.— Vol.441, №7097.— P. 1103–1108.
22. Evans P.D., Mekel-Bobrov N., Vallender E.J. et al. Evidence that the adaptive allele of the brain size gene microcephalin introgressed into *Homo sapiens* from an archaic *Homo* lineage // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*— 2006.— Vol.103, №48.— P. 18178–18183.
23. Anderson S., Bankier A.T., Barrell B.G. et al. Sequence and organization of the human mitochondrial genome // *Nature.*— 1981.— Vol.290, №5806.— P. 457–474.
24. Giles R.L., Blanc H., Cann H.M., Wallace D.C. Maternal inheritance of human mitochondrial DNA // *Proc. Nat. Acad. Sci. USA.*— 1980.— Vol.77, №11.— P. 6715–6719.
25. Wallis G.P. Do animal mitochondrial genomes recombine? // *Trends Ecol. Evol.*— 1999.— Vol.14, №6.— P. 209–210.

26. Eyre-Walker A., Awadalla P. Does human mtDNA recombine? // J. Mol. Evol.— 2001.— Vol.53, №4–5.— P. 430–435.

27. Kravtsov Y., Schwartz M., Brown T.A. et al. Recombination of human mitochondrial DNA // Science.— 2004.— Vol.304, №5673.— P. 981.

28. Piganeau G., Gardner M., Eyre-Walker A. A broad survey of recombination in animal mitochondria // Mol. Biol. Evol.— 2004.— Vol.21, №12.— P. 2319–2325.

29. Tsaousis A.D., Martin D.P., Ladoukakis E.D. et al. Widespread recombination in published animal mtDNA sequences // Mol. Biol. Evol.— 2005.— Vol.22, №4.— P. 925–933.

30. White D.J., Gemmell N.J. Can indirect tests detect a known recombination event in human mtDNA? // Mol. Biol. Evol.— 2009.— Vol.26, №7.— P. 1435–1439.

### **Резюме**

В мтДНК исследованных гоминидов выявили фрагменты эукариотических мобильных генетических элементов и бактериальных IS-элементов. На основании анализа полученных результатов предположили возможность скрещиваний у переходных форм человекоподобных обезьян.

In the mtDNA studied hominoids revealed fragments of eukaryotic mobile genetic elements and bacterial IS-element. Based on the analysis of the results, we suggested the possibility of interbreeding with transitional forms of apes.

**РЕЗНИКОВА И.С., СТЕПУРА В.В., ШЕЛЕВ А.В., СПИРИДОНОВ В.Г.,  
МЕЛЬНИЧУК С.Д., АЛЫМОВ С.И.**

*Украинская лаборатория качества и безопасности продукции АПК,*

*Украина, 08162, Киево-Святошинский р-н,*

*пгт Чабаны, ул. Машиностроителей, 7,*

*e-mail: reznikova\_iren@mail.ru*

### **СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ДВУХ ПОПУЛЯЦИЙ БЕЛОГО ТОЛСТОЛОБА (*HYPOPHTHALMICHTHYS MOLITRIX* VAL.) И КАРПА (*CYPRINUS CARPIO* L.) С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ МАРКЕРОВ**

Основным объектом рыбоводства в Украине, как и в большинстве стран является карп. Европейский одомашненный карп (*Cyprinus carpio* L.) по своему происхождению является объектом долгой доместики сазана. Приблизительно 400 лет его выращивают в Китае и несколько столетий в Европе. Методами прямого и обратного скрещивания было выведено много пород и внутривидовых типов. Актуальным заданием для карповодства в Украине — выведение новых пород и внутривидовых типов украинского карпа, сохранение и закрепление генетически ценных существующих пород, сохранение генофонда редких массивов карпа, создание гетерогенных племенных стад, выведение новых региональных внутривидовых типов карпа. Белый толстолоб *Hypophthalmichthys molitrix* Val.) является аборигенным