



Kent Academic Repository

Romanov, Michael N., Narushin, Valeriy G., Gonser, Rusty A. and Tuttle, Elaina M. (2020) *[Mathematical assessment of BAC-based interspecies hybridization data in the process of genomic mapping in the white-throated sparrow as an avian behavioral model]* -

. In: Materials of the
2nd International Scientific and Practical Conference / 2-
- . . . pp. 91-99. Sel'skokhozyaistvennyye tekhnologii /

Moscow, Russia / ,
Downloaded from

<https://kar.kent.ac.uk/89229/> The University of Kent's Academic Repository KAR

The version of record is available from

<https://doi.org/10.18720/SPBPU/2/k20-5>

This document version

Publisher pdf

DOI for this version

Licence for this version

UNSPECIFIED

Additional information

In Russian; English abstract

Versions of research works

Versions of Record

If this version is the version of record, it is the same as the published version available on the publisher's web site. Cite as the published version.

Author Accepted Manuscripts

If this document is identified as the Author Accepted Manuscript it is the version after peer review but before type setting, copy editing or publisher branding. Cite as Surname, Initial. (Year) 'Title of article'. To be published in *Title of Journal* , Volume and issue numbers [peer-reviewed accepted version]. Available at: DOI or URL (Accessed: date).

Enquiries

If you have questions about this document contact ResearchSupport@kent.ac.uk. Please include the URL of the record in KAR. If you believe that your, or a third party's rights have been compromised through this document please see our [Take Down policy](https://www.kent.ac.uk/guides/kar-the-kent-academic-repository#policies) (available from <https://www.kent.ac.uk/guides/kar-the-kent-academic-repository#policies>).

**МАТЕМАТИЧЕСКАЯ ОЦЕНКА ДАННЫХ
МЕЖВИДОВОЙ БАК-ГИБРИДИЗАЦИИ
В ПРОЦЕССЕ ГЕНОМНОГО КАРТИРОВАНИЯ
У БЕЛОШЕЙНОЙ ЗОНОТРИХИИ
КАК МОДЕЛИ ПОВЕДЕНИЯ ПТИЦ**

Романов М.Н.,^{1,2} Нарушин В.Г.,³ Гонсер Р.А.,⁴

Таттл Э.М.⁴

¹ ФГБОУ ВО «Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологии – МВА имени К.И. Скрябина», Москва, Россия;

² Университет Кента, Кентербери, Великобритания;

³ ООО «Вита-Маркет», Запорожье, Украина;

⁴ Отдел биологии, Университет штата Индиана, Терре-Хот, США.

E-mail: m.romanov@kent.ac.uk

Аннотация

В настоящей работе представлена математическая оценка межвидовой БАК-гибридизации в процессе геномного картирования у белошейной зонотрихии — вида воробьев, рассматриваемого в качестве удобной модели поведения птиц.

Ключевые слова: белошейная зонотрихия, курица, индейка, зебровая амадина, куриные хромосомы, межвидовая гибридизация, куриный локус, overgo-зонд.

Введение

Белошейная зонотрихия (*Zonotrichia albicollis*) — один из видов воробьиных птиц, известный своей морфологической, поведенческой и хромосомной изменчивостью, который представляет собой совершенно новую модельную

систему для изучения геномных механизмов, лежащих в основе изменчивого поведенческого репертуара, а также связанных с аспектами популяционной биологии, воспроизводства и адаптации у этого вида. Ранее было показано, что эта изменчивость может быть следствием хромосомных перестроек (инверсий) на хромосоме 2 зонотрихии (ZAL2), которая характеризуется гетерогенностью в виде двух различных морф окраски оперения — коричневой (ZAL2/ZAL2) и белой (ZAL2/ZAL2^m) (см. обзор в работе Romanov et al., 2011).

Целью настоящей работы была математическая оценка результатов межвидовой ДНК-гибридизации, полученных ранее в процессе геномного картирования у белошейной зонотрихии с использованием БАК-библиотеки этого вида (Romanov et al., 2011).

Материалы и методы исследований

Для построения сравнительной геномной карты хромосомы ZAL2 и других хромосом мы использовали библиотеку геномных БАК-клонов зонотрихии, CHORI-264, скрининг которой осуществлялся с помощью overgo-зондов, сконструированных на основе ДНК-последовательностей двух представителей отряда курообразных — курицы (*Gallus gallus*) и индейки (*Meleagris gallopavo*), а также еще одного представителя воробьиных птиц — зебровой амадины (*Taeniopygia guttata*). Положение курицы, индейки и воробьиных на филогенетическом дереве птиц представлено на рис. 1. Полученные данные (Romanov et al., 2011) были использованы для дальнейшей математической оценки межвидовой ДНК-гибридизации.

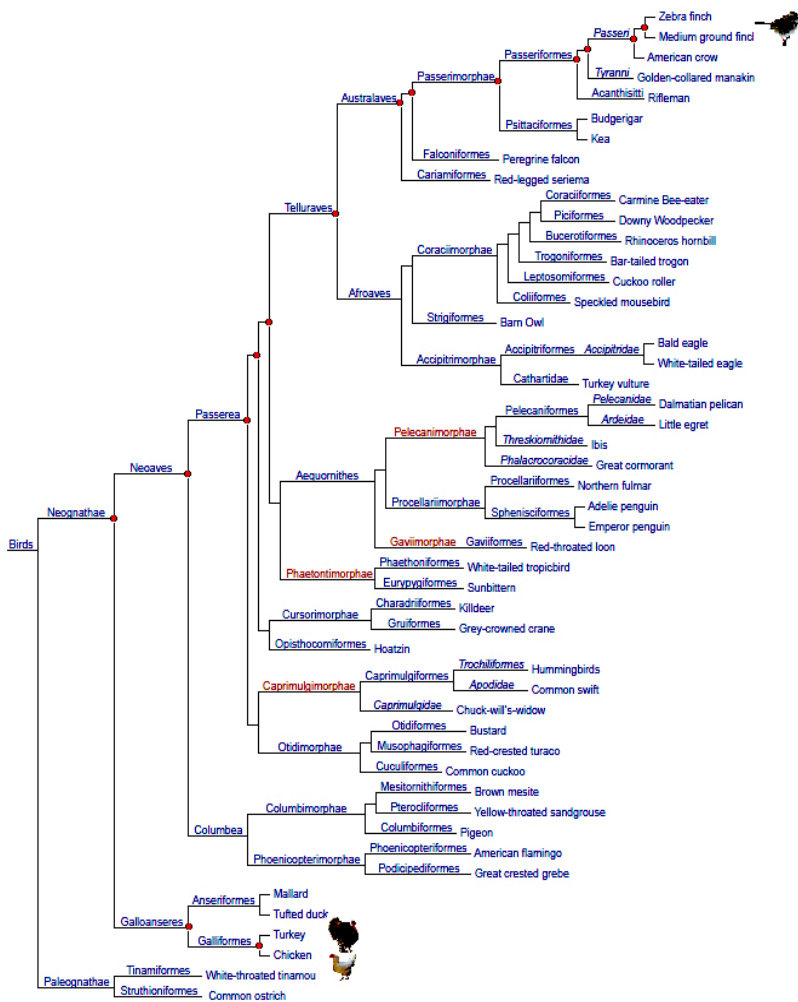


Рис. 1. Филогенетическое древо птиц (по Jarvis et al., 2014). Курица и индейка расположены внизу древа, на базальной ветви новонесных птиц (Neognathae), а воробьиные (Passeri) — на самом верху древа, на эволюционно наиболее молодой ветви. Эволюционные расстояния между разными таксонами представлены условно (https://en.wikipedia.org/wiki/Genomic_evolution_of_birds)

Результаты исследований и обсуждение

Используя подход межвидовой ДНК-гибридизации, мы провели скрининг библиотеки зонотрихии и разработали сравнительную физическую карту генома этого вида первого поколения на основе БАК-библиотеки относительно эталонных геномов курицы, индейки и зебровой амадины. Карта включает в себя 640 привязок БАК-клонов зонотрихии для 77 генных локусов и представляет собой вспомогательный ресурс для дальнейшего уточнения геномных областей и идентификации генов-кандидатов, которые подвержены хромосомным перестройкам и вносят вклад в наблюдаемую поведенческую изменчивость (Romanov et al., 2011). Результаты скрининга геномной БАК-библиотеки белошейной зонотрихии и относительный успех межвидовой ДНК-гибридизации представлены в табл. 1 и 2.

Как следует из табл. 1, наблюдается некоторая изменчивость в значениях процента успешной ДНК-гибридизации и количества положительных БАК-клонов на один ДНК-зонд в зависимости от типа хромосом. Одной из версий возможного разброса этих параметров может быть различная частота хромосомных перестроек в кариотипах изученных видов. В то же время у рассмотренных видов птиц двойной набор хромосом ($2n$) был практически одинаков и равен 78 у курицы, 80 — у индейки и зебровой амадины и 82 — у белой зонотрихии. Поэтому поиск каких-либо математических корреляций между эффективностью ДНК-зондов и их привязке к конкретной хромосоме (или группам хромосом) не будет иметь большого смысла. Таким образом, можно предположить, что на величину успешной ДНК-гибридизации могут оказывать влияние факторы, более зависящие от консервативности участков ДНК (кодирующих против некодирующих), использованных для конструирования зондов, а также от степени эволюционной дивергенции сравниваемых видов птиц (табл. 2).

Таблица 1

**Результаты скрининга геномной БАК-библиотеки
белошейной зонотрихии (по данным Romanov et al., 2011)**

Хромосомы	Кол-во использованных зондов	Кол-во успешных зондов	Процент успешной ДНК- гибридизации	Кол-во положительных БАК-клонов	Положительных БАК-клонов на зонд
Макрохромосомы (GGA1–GGA5)	147	46	31,29%	390	8,48
Промежуточные хромосомы (GGA6–GGA10)	18	5	27,78%	40	8,00
Микрохромосомы (GGA11–GGA28, GGA33)	43	20	46,51%	178	8,90
Половые хромосомы (GGAZ, GGAW)	8	6	75,00%	32	5,33

На основании данных табл. 2 были получены графики коррелирования степени успешности использования зондов с эволюционной дивергенцией птиц при межвидовой ДНК-гибридизации (рис. 2). При этом коэффициенты корреляции для графиков, показывающих зависимость степени успешности зондов как от количества узлов на филогенетическом дереве (рис. 1), разделяющих белошейную зонотрихию от курицы и индейки, так и от величины эволюционной дивергенции между этими птицами, выраженными в миллионах лет (табл. 2), были высокими — соответственно $R=0,9903$ и $R=0,9802$.

Таблица 2

Степень успешности зондов (%) при межвидовой ДНК-гибридизации (по данным Romanov et al., 2011).

Межвидовая ДНК-гибридизация	Время дивергенции, млн лет назад ¹	Кол-во зондов по видам	Кол-во успешных зондов	Процент относительно зондов по видам	Тип последовательно сти зонда	Кол-во успешных зондов по типу	Процент относительно успешных зондов
Курица — зонотрихия	98,0	194	65	33,5%	Куриные зонды		
					Кодирующие участки	47	72,3%
					5' и 3' UTR	6	9,2%
					Интроны	4	6,1%
					Другие некодирующие области	8	12,3%
Индейка — зонотрихия	98,0	19	9	47,4%	Индюшьиные зонды		
					Кодирующие участки	9	100%
Зебровая амадина — зонотрихия	38,0	3	3	100%	Зонды амадины		
					Кодирующие участки	3	100%

¹ Оценка дивергенции взята из базы данных TimeTree (<http://www.timetree.org/>; Kumar et al., 2017).

Результаты показаны в зависимости от видовой специфичности зондов и эффективности успешных зондов по видам и по типу последовательности.

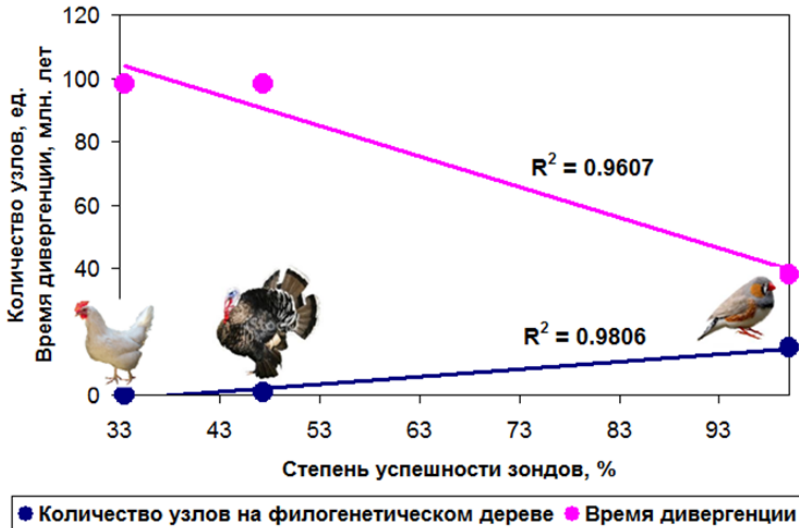


Рис. 2. Корреляция степени успешности зондов с эволюционной дивергенцией птиц при межвидовой ДНК-гибридизации (по данным Romanov et al., 2011)

Таким образом, данные межвидовой ДНК-гибридизации и полученные на их основе графики линейной корреляции (рис. 2) адекватны для отражения характера эволюционного процесса для выбранных видов и систематических групп птиц. В дальнейших исследованиях в этом направлении предлагаемый нами подход математической оценки межвидовой ДНК-гибридизации может быть полезен при подборе видов птиц для сравнения и характеристики их геномной эволюции.

Список литературы

Jarvis E.D., Mirarab S., Aberer A.J., Li B., Houde P., Li C., Ho S.Y., Faircloth B.C., Nabholz B., Howard J.T., Suh A., Weber C.C., Da Fonseca R.R., Li J., Zhang F., Li H., Zhou L., Narula N., Liu L., Ganapathy G., Boussau B., Bayzid M.S., Zavidovych V., Subramanian S., Gabaldón T., Capella-Gutiérrez S., Huerta-Cepas J., Rekepalli B., Munch K. et al. Whole-genome analyses resolve early branches in the tree of life of modern birds // *Science*. 2014. Vol. 346. No. 6215. P. 1320–1331.

Kumar S., Stecher G., Suleski M., Hedges S.B. TimeTree: a resource for timelines, timetrees, and divergence times. *Molecular Biology and Evolution*. 2017. Vol. 34. No. 7. P. 1812–1819.

Romanov M.N., Tuttle E.M., Gonser R.A., Dodgson J.B. Comparative BAC-based mapping in the white-throated sparrow, a novel behavioral genomics model, using interspecies overgo hybridization // *BMC Research Notes*. 2011. Vol. 4. No. 1. Article 211.

Mathematical assessment of BAC-based interspecies hybridization data in the process of genomic mapping in the white-throated sparrow as an avian behavioral model

*Romanov M.N.,^{1,2} Narushin V.G.,³
Gonser R.A.,⁴ Tuttle E.M.⁴*

¹ K.I. Skryabin Moscow State Academy of Veterinary Medicine and Biotechnology, Moscow, Russia;

² University of Kent, Canterbury, UK;

³ Vita-Market Ltd, Zaporozhye, Ukraine;

⁴ Dept. of Biology, Indiana State University, Terre Haute, USA

Abstract

The white-throated sparrow (*Zonotrichia albicollis*) known for its morphological, behavioral and chromosomal polymorphisms represents a quite new model system to study genomic mechanisms underlying variable behavioral repertoire interwo-

ven with population biology, reproduction and adaptation in this species. It was previously shown that these polymorphisms could be due to chromosomal rearrangements (inversions) on sparrow chromosome 2 (ZAL2) that is characterized by a heterogeneity in two distinct morphs, tan (ZAL2/ZAL2) and white (ZAL2/ZAL2^m). To construct a comparative genomic map of ZAL2 and other chromosomes, we used a sparrow genomic BAC library, CHORI-264. Following a cross-species overgo hybridization approach, we screened the library and developed a first-generation BAC-based comparative physical map using the chicken and zebra finch reference genomes. The map includes 640 BAC-gene assignments for 77 loci and serves for further refining the genomic regions and identifying candidate genes that are affected by rearrangements and contribute to the observed behavioral polymorphisms. Mathematical assessment of the BAC-based hybridization data was undertaken to show evolutionary relationships of avian genomes.

Key words: white-throated sparrow, chicken, turkey, zebra finch, chicken chromosomes, interspecies hybridization, chicken locus, overgo probe