

ПРЕИМУЩЕСТВА ИСПОЛЬЗОВАНИЯ СПЕЦИФИЧЕСКОГО ИНТРОНСОДЕРЖАЩЕГО БЛОКА ГЕНА *NXF1* В ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЯХ

БОНДАРУК Д.Д.¹✉, ГОЛУБКОВА Е.В.¹, КЛИВЕР С.Ф.¹, ГИНАНОВА В.Р.¹, МАМОН Л.А.¹

¹ФГБОУ ВО Санкт-Петербургский Государственный Университет, Санкт-Петербург, Россия.

ADVANTAGES OF USING A SPECIFIC INTRON-CONTAINING BLOCK OF THE *NXF1* GENE IN PHYLOGENETIC STUDIES

BONDARUK D.D.¹✉, GOLUBKOVA E.V.¹, KLIVER S.F.¹, GINANOVA V.R.¹, MAMON L.A.¹,

¹ Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education “Saint-Petersburg State University”, Saint-Petersburg, Russia

Ключевые слова: nuclear export factor (nxf), интрон-содержащие транскрипты, некодирующие последовательности, филогенетика, эволюционно-консервативные последовательности, млекопитающие.

Исторически, при проведении филогенетических реконструкций исследователи отдавали предпочтение кодирующим последовательностям, пренебрегая интронными. Однако в последнее десятилетие интерес к использованию некодирующих и интронных последовательностей при проведении филогенетических исследований значительно возрос.

По литературным данным, основное увеличение размера генома у высших эукариот связано с преобладанием некодирующих межгенных и интронных последовательностей, также по мере усложнения организации эукариот увеличиваются размер и плотность интронов, из чего следует, что значительная часть информации

Keywords: nuclear export factor (nxf), Intron-containing transcripts, non-coding sequences, phylogenetics, evolutionary conservative sequences, mammalia.

Historically, when carrying out phylogenetic reconstructions, researchers used to make their choice in favor of coding sequences, neglecting intronic ones. Nevertheless, in the last decade, interest in the use of non-coding and intron sequences in phylogenetic studies has increased significantly.

According to the literature, the main increase in the genome size in higher eukaryotes is associated with the predominance of noncoding intergenic and intron sequences, and as the organization of eukaryotes becomes more complex, the size and density of introns increase, which means that a significant part of information is not concentrated in protein-coding sequences. Studies published during this decade have shown that the use of noncoding gene regions

Цитирование: Бондарук Д.Д. и др. Преимущества использования специфического интронсодержащего блока гена *NXF1* в филогенетических исследованиях. *Russian Scientist*. 2020. т.4 №1: 17-19

Citing: Bondaruk D.D. et al. Advantages of using a specific intron-containing block of the *NXF1* gene in phylogenetic studies. *Russian Scientist*. 2020. v.4 №1: 17-19

✉ D.D.Bondaruk@yandex.ru

Работа поддержана грантом РФФИ // This work is supported by RFBR grant №19-04-01255 а

Материал прошёл одностороннее слепое рецензирование.

The manuscript took a single-blind peer review.

сосредоточена не в белок-кодирующих последовательностях. Опубликованные за этот период работы показали, что использование в филогенетическом анализе некодирующих областей генов имеет ряд преимуществ. Например, ввиду способности накапливать большее количество мутаций за единицу времени, участки, соответствующие некодирующим последовательностям, могут эффективно использоваться при построении филогении на уровне таксонов малого порядка.

Гены семейства *NXF* (**n**uclear **e**xport **f**actor) обнаружены у всех представителей *Opisthokonta* и представляют интерес за счет своих эволюционно-консервативных особенностей. Наше внимание привлек специфический интрон, входящий в состав эволюционно-консервативного блока последовательностей генов *NXF1*. Этот специфический интрон входит в состав эволюционно-консервативного блока, образованного с фланкирующими экзонами длиной 110 п. н. и 37 п. н., схожего у представителей различных таксономических групп. Данный эволюционно-консервативный блок в наших предшествующих работах получил обозначение «кассетный интрон».

В ходе работы мы использовали последовательность, соответствующую кассетному интрону гена *NXF1* для проведения филогенетического анализа различных групп *Metazoa* на разных уровнях и выявили ряд характерных замен в консервативном участке, соответствующем началу интрона. Наиболее полные данные были получены по группам *Primates*, *Carnivora* и *Rodentia*. Используя последовательность кассетного интрона, нам удалось построить филогенетическую модель, сопоставимую по точности с той, что была основана на последовательности митохондриального гена *Cytb*, более того, использование последовательности

in phylogenetic analysis has a number of advantages. For example, due to the ability to accumulate a greater number of mutations per unit of time, the regions corresponding to non-coding sequences can be effectively used when constructing phylogeny at the level of small-order taxa.

Genes of the *NXF* (**n**uclear **e**xport **f**actor) family are found in all representatives of *Opisthokonta*, and are of interest due to their evolutionary conservative features. Our attention was drawn to a specific intron, which is part of the evolutionary conserved block of *NXF1* gene sequences. Present specific intron is part of an evolutionarily conserved block formed with flanking exons 110 bp long and 37 bp, similar in representatives of various taxonomic groups. This evolutionary-conservative bloc was named in our previous works as a «cassette intron».

In the course of our work, we used the sequence corresponding to the cassette intron of the *NXF1* gene for phylogenetic analysis of various *Metazoa* groups at different levels and identified a number of characteristic substitutions in the conserved region corresponding to the beginning of the intron. The most complete data were obtained for the *Primates*, *Carnivora* and *Rodentia* groups. Using the sequence of the cassette intron, we were able to build a phylogenetic model comparable in accuracy to the one based on the sequence of the mitochondrial *Cytb* gene; moreover, the use of the intron sequence allowed us to reveal a number of features that were not found when using *Cytb*. Accordingly, the sequence corresponding to the cassette intron of the *NXF1* gene may be used for phylogenetic studies.

интрона позволило выявить ряд особенностей, не обнаруженных при использовании *Cytb*. Таким образом, последовательность, соответствующая кассетному интрону гена *NXF1* может применяться для филогенетических исследований.