

ПІДПАЛА О. В.✉, ЛУКАШ Л. Л.

Інститут молекулярної біології та генетики НАН України,

Україна, 03680, м. Київ, вул. Акад. Заболотного, 150, ORCID: 0000-0002-9446-1590, 0000-0003-4522-1600

✉ [pidpala@ukr.net](mailto:pidpala@ukr.net), (063) 433-92-78

## ПОШИРЕННЯ РОДОСПЕЦИФІЧНОГО *Alu*-ПОВТОРУ МАКАК *AluMacYa3* У ГЕНІ ОРТОЛОГІВ *MGMT* МАВПОВИХ

**Мета.** Простежити за поширенням та еволюцією родоспецифічного *Alu*-повтору макак *AluMacYa3* у ортологів гена *MGMT* мавпових. **Методи.** Гомологію між нуклеотидними послідовностями визначали програмою *BLAST 2.6.1*. Результати пошуку та ідентифікації МГЕ здійснено за допомогою програми *CENSOR*. **Результати.** На прикладі ортологів гена *MGMT* мавпових показано, що родоспецифічний *Alu*-повтор *AluMacYa3* виявлено не лише в інтронних послідовностях макак, але й у інших представників мавпових. Показано, що в його еволюційній історії переважає не делеційна деградація, як у випадку видоспецифічних *Alu*-повторів, а нуклеотидний поліморфізм. **Висновки.** Родоспецифічний *Alu*-повтор макак *AluMacYa3* ідентифіковано у різних представників мавпових і його еволюційна історія поєднує нуклеотидний поліморфізм та делеційну деградацію послідовності.

**Ключові слова:** *Cercopithecidae*, ген *MGMT*, родоспецифічний *Alu*-повтор, *AluMacYa3*.

Мобільні генетичні елементи (МГЕ) є вагомою складовою більшої частини еукаріотних геномів, зокрема, у просеквенованих геномах приматів їхня частка коливається від 42 до 50 % [1]. МГЕ вплинули не лише на загальну організацію геномів, але вони також є важливим джерелом еволюційних новинок і відіграли визначальну роль в еволюції фундаментальних біологічних процесів [2]. МГЕ у різних видів приматів умовно поділяють на дві групи: древні мобільні елементи, які є не лише у ссавців, але й у низки хордових (*MIR*, *L2*, *L3* і деякі ДНК-транспозони) і молоді видоспецифічні повтори, серед них *Alu*-повтори, які належать до класу SINE елементів, що походять від 7SL РНК [3]. *Alu*-повтори поділяють на три основні родини – древні (J), середні (S) і молоді (Y) повтори та на 14 основних підродин, які відрізняються еволюційним

віком [4]. Вік найстаріших *AluJ*-повторів оцінюють у 50–80 млн. років, тоді як час виникнення *AluS* і *AluY*, відповідно, становить приблизно 35 і 20 млн. років. Деякі підродини можуть бути спільними для низки близькородних таксонів, тоді як інші є унікальними лише для певного виду або роду [5, 6]. Ця паралельна еволюція підродин *Alu*-повторів призводить до того, що кожна лінія приматів має свою власну мережу інтегрованих елементів [7]. Аналізуючи поширення видоспецифічних МГЕ у інтронних послідовностях ортологів гена *MGMT* широконосих мавп нами виявлено *Alu*-повтор довгоп'ята філіппінського *Alu2\_TS* [8]. Також ми простежили за еволюційною історією видоспецифічних *Alu*-повторів у ортологів гена *MGMT* мавпових [9]. Метою цієї роботи було дослідити еволюцію ще одного *Alu*-повтору, а саме родоспецифічного *Alu*-повтору макак *AluMacYa3* на прикладі ортологів гена *MGMT* мавпових.

### Матеріали і методи

Інформацію про ген репаративного ензиму *MGMT* і його нуклеотидні послідовності у низки представників мавпових (*Cercopithecidae*) – зеленої мартишки (*Chlorocebus sabaeus*), макаки південного свиногохвостого (*Macaca nemestrina*), макаки резус (*Macaca mulatta*), макаки крабодного (*Macaca fascicularis*), гелади (*Theropithecus gelada*), дріла (*Mandrillus leucophaeus*), мангабі сажевого (*Cercocebus atys*), павіана анубіс (*Papio anubis*), рінопітека юньнаньського (*Rhinopithecus bieti*), колобуса ангольського (*Colobus angolensis palliatus*) та червоного колобуса угандійського (*Piliocolobus tephrosceles*) одержано із баз даних *Ensembl* та *OrthoDB* (табл. 1). Гомологію між досліджуваними послідовностями визначали програмою *BLAST 2.6.1*. Результати пошуку та ідентифікації МГЕ здійснено за допомогою програми *CENSOR*.

© ПІДПАЛА О. В., ЛУКАШ Л. Л.

Таблиця 1. Основна інформація про досліджувані ортологи гена *MGMT* у мавпових або нижчих вузьконосих мавп (*Cercopithecidae*) за даними *Ensembl*

Організм	Хромосомна локалізація	Довжина гена, п. н.	Довжина мРНК, п. н.	Довжина білка, аа	Екзон, п	Інtron, п
<i>Chlorocebus sabaeus</i>	9 (+)	51414	2898	164	3	2
<i>Macaca nemestrina</i>	?	52539	684	227	4	3
<i>Macaca mulatta</i>	9 (+)	291453	827	238	5	4
<i>Macaca fascicularis</i>	9 (+)	291239	1945	207	5	4
<i>Theropithecus gelada</i>	9 (+)	290621	1894	238	5	4
<i>Mandrillus leucophaeus</i>	? (-)	65007	612	203	4	3
<i>Cercocebus atys</i>	? (-)	289992	670	207	5	4
<i>Papio anubis</i>	9 (+)	295177	1528	238	5	4
<i>Rhinopithecus bieti</i>	? (-)	247110	366	122	3	2
<i>Colobus angolensis palliatus</i>	? (+)	285732	717	238	5	4
<i>Ptilocolobus tephrosceles</i>	? (-)	284730	1955	241	6	5

### Результати та обговорення

Мавпові (*Cercopithecidae*) – родина приматів з підряду сухоносих мавп (*Haplorhini*), яка нараховує близько 150 видів і є найбільш розгалуженою родиною приматів [10]. Разом із гоміноїдами (*Hominoidea*) вони входять до парворяду вузьконосих (*Catarrhini*). До родини мавпових належать дві підродини: мавпові (*Cercopithecinae*) та колобусові (*Colobinae*), які розійшлися 18 млн. років тому назад [10]. Підродину мавпові (*Cercopithecinae*) поділяють на дві триби – *Cercopithecini* та *Papionini*. В той же час класифікація колобусових (*Colobinae*) залишається спірною: їх поділяють або на дві триби – *Colobini* та *Presbytini*, або на три групи – африканська, лангура та дивноносі.

Як відомо, ген *MGMT* людини локалізований на теломерній ділянці хромосоми 10 у положенні 10q26 у позитивній орієнтації. Про хромосомну локалізацію ортологів гена *MGMT* у мавпових на сьогодні відомо лише для деяких представників. Досліджуваний ген локалізований на хромосомі 9 у позитивній орієнтації (табл. 1). Цікаво, що у тих випадках, коли для ортологів не ідентифіковано хромосомну локалізацію, останні мають зворотну орієнтацію.

У переважній більшості мавпових ген *MGMT*, як і у людини, складається із п'яти екзонів та чотирьох інтронів (табл. 1). Хоча є й випадки, коли ген *MGMT* має або меншу кількість структурних одиниць – чотири екзони і три інтрони, як у випадку *Macaca nemestrina* та

*Mandrillus leucophaeus*, чи три екзони і два інтрони, як у *Chlorocebus sabaeus* і *Mandrillus leucophaeus*, або ж більшу кількість структурних одиниць на прикладі ортолога у *Ptilocolobus tephrosceles* (табл. 1).

В ортологів гена *MGMT* мавпових загальний відсоток МГЕ коливається від 24,15 до 31,18 %. Переважають Non-LTR ретротранспозони (18,04–26,46 %) [9]. Зокрема, відсоток *Alu*-повторів становить від 2,06 % у *Mandrillus leucophaeus* до 4,09 % у *Papio anubis* (табл. 2). Як видно із наведених даних, у більшості випадків найбільший відсоток середніх повторів *AluS*, тоді як кількість древніх (J) і молодих (Y) повторів удвічі менша.

*Alu*-повтор є гетеродимером, який складається із двох протилежно направлених форм древнього *Alu*-мономера (FAM - fossil *Alu* monomer) [11]. Лівий мономер (FLAM – fossil left *Alu* monomer) довжиною 140 п. н. з'єднаний полі (A) вставкою із довшим правим мономером (FRAM – fossil right *Alu* monomer), який містить додаткові 31 п. н. [11]. Лівий мономер містить два промоторні елементи для РНК-полімерази III, блок А та блок В. Більшість *Alu*-повторів мають димерну структуру. Зустрічаються «усічені» послідовності із частково делетованими 5' або 3' кінцями, а також, у поодиноких випадках, мономерні повтори FRAM і FLAM. Знайдено ряд тетрамерних послідовностей. Крім того, зазначається, що неактивність більшості *Alu*-повторів може бути пов'язана із їхньою послідовною деградацією [12].

Таблиця 2. Частка *Alu*-повторів у ортологів гена *MGMT* мавпових (*Cercopithecidae*)

Організм	Частка <i>Alu</i> -повторів, %			
	Загальна (n*)	<i>AluJ</i> (n*)	<i>AluS</i> (n*)	<i>AluY</i> (n*)
<i>Chlorocebus sabaeus</i>	3,60 (n=9)	(n=0)	1,43 (n=4)	2,17 (n=5)
<i>Macaca nemestrina</i>	3,01 (n=7)	(n=0)	1,73 (n=4)	1,28 (n=3)
<i>Macaca mulatta</i>	3,89 (n=47)	1,02 (n=16)	1,96 (n=21)	0,91 (n=10)
<i>Macaca fascicularis</i>	3,78 (n=46)	1,02 (n=16)	1,86 (n=20)	0,91 (n=10)
<i>Theropithecus gelada</i>	3,79 (n=45)	1,03 (n=15)	1,86 (n=20)	1,01 (n=11)
<i>Mandrillus leucophaeus</i>	2,06 (n=6)	(n=0)	0,97 (n=3)	1,09 (n=3)
<i>Cercocebus atys</i>	3,72 (n=46)	1,03 (n=16)	1,87 (n=20)	0,82 (n=10)
<i>Papio anubis</i>	4,04 (n=47)	1,19 (n=17)	1,62 (n=17)	1,23 (n=13)
<i>Rhinopithecus bieti</i>	3,69 (n=39)	1,19 (n=16)	1,98 (n=18)	0,52 (n=5)
<i>Colobus angolensis palliatus</i>	3,81 (n=46)	1,05 (n=16)	1,94 (n=21)	0,82 (n=9)
<i>Ptilocolobus tephrosceles</i>	3,98 (n=47)	1,03 (n=15)	1,94 (n=21)	1,01 (n=11)

Примітка. n\* – кількість *Alu*-повторів.

Крім видоспецифічних *Alu*-повторів, у приматів зустрічаються і родоспецифічні повтори. Зокрема, у макак описано три родоспецифічні *Alu*-повтори: *AluMacYa3*, *AluMacYb2* і *AluMacYb4* [12]. Усі вони належать до *AluSp* повторів.

**Доля родоспецифічного *Alu*-повтору *AluMacYa3* у макак.** Рід Макак належить до підродини Мавпові (*Cercopithecinae*), триби *Papionini* і нараховує, за різними даними, від 21 до 24 видів. Згідно молекулярних даних, макаки відокремились від інших представників триби *Papionini* приблизно 9–10 мільйонів років тому назад [14]. Вископні дані вказують на те, що рід макак виник приблизно 7 млн. років тому назад у Північній Африці, а потім родовід азійських макак почав з'являтися близько 5,5 млн. років тому назад [10].

У проаналізованих ортологів гена *MGMT* макак *Alu*-повтор *AluMacYa3* виявлено у послідовностях інтронів 1 і 2 *Macaca mulatta* та *Macaca fascicularis*, за винятком *Macaca nemestrina* (табл. 3). Відомо, що ген *MGMT* у *Macaca nemestrina* складається із 4 екзонів та 3 інтронів. У нього відсутня послідовність інтрону 1, а послідовність інтрону 2 усічена і гомологічна кінцевому фрагменту послідовностей відповідних інтронів *Macaca mulatta* та *Macaca fascicularis*.

Довжина вихідного повтору *AluMacYa3* становить 285 п. н. Як видно із наведених даних у табл. 3, у гені *MGMT* *Macaca mulatta* і *Macaca fascicularis* ідентифіковано по чотири послідовності *Alu*-повтору *AluMacYa3*, по одній в інтроні 1 і по три в інтроні 2. Усі вони мають усічену на кілька нуклеотидів послідовність із 3' кінця (1-

283; 1-281). Напрямок послідовності різний, переважає зворотний.

Щодо нуклеотидного поліморфізму послідовностей *Alu*-повторів *AluMacYa3* у *Macaca fascicularis* і *Macaca mulatta*, домінують точкові мутації. Це видно із даних, представлених на рис. 1. На прикладі повторів, які ідентифіковано в інтроні 1 гена *MGMT*, серед 11 точкових мутацій переважають транзиції (6 С-Т; 4 G-A), а трансверсію (С-А) виявлено тільки в одному випадку.

**Еволюційна історія родоспецифічного *Alu*-повтору макак *AluMacYa3* у представників підродини Мавпових.** Підродину Мавпові (*Cercopithecinae*) поділяють на дві триби – *Cercopithecini* та *Papionini*, які виникли від спільного предка приблизно 11,5 млн. років тому назад [10]. До триби *Papionini* зараховують сім родів. У цій роботі ми змогли проаналізувати ортологів гена *MGMT* п'яти родів (крім трьох представників роду *Macaca*, по одному представнику родів *Papio*, *Theropithecus*, *Cercocebus* і *Mandrillus*).

У проаналізованих послідовностях гена *MGMT* представників триби *Papionini* послідовність *Alu*-повтору *AluMacYa3* виявлено у *Papio anubis* і *Theropithecus gelada* в інтронах 1 і 2 та у *Cercocebus atys* в інтронах 1, 2 і 3 (табл. 3). Не виявлено *Alu*-повтору *AluMacYa3* у послідовності ортолога *Mandrillus leucophaeus*. У нього відсутня послідовність інтрону 1, а послідовність інтрону 2 становить лише 137 п. н. (за даними *Ensembl*). Цікаво, що у *Papio anubis* також ідентифіковано ще одну родоспецифічну послідовність *Alu*-повтору макак *AluMacYb2* (табл. 3).

Таблиця 3. Інтронна локалізація родоспецифічних *Alu*-повторів у послідовностях ортологів гена *MGMT* мавпових

Організм	Інтрони			
	Ін.* (n)	Ін.1 (n)	Ін.2 (n)	Ін.3 (n)
<i>Chlorocebus sabaesus</i>				<i>AluMacYa3</i> (1)
<i>Macaca mulatta</i>		<i>AluMacYa3</i> (1)	<i>AluMacYa3</i> (3)	
<i>Macaca fascicularis</i>		<i>AluMacYa3</i> (1)	<i>AluMacYa3</i> (3)	
<i>Theropithecus gelada</i>		<i>AluMacYa3</i> (2)	<i>AluMacYa3</i> (2)	
<i>Cercocebus atys</i>		<i>AluMacYa3</i> (1)	<i>AluMacYa3</i> (1)	<i>AluMacYa3</i> (1)
<i>Papio anubis</i>		<i>AluMacYa3</i> (3)	<i>AluMacYa3</i> (4) <i>AluMacYb2</i> (1)	
<i>Rhinopithecus bieti</i>			<i>AluMacYa3</i> (3)	
<i>Colobus angolensi spalliatius</i>			<i>AluMacYa3</i> (3)	
<i>Ptilocolobus tephrosceles</i>	<i>AluMacYa3</i> (2)		<i>AluMacYa3</i> (3)	

Примітки: \* – додаткова інтронна послідовність; n – кількість повторів.

<b>а</b>	1	GGCCGGGGCGCGGTGGCTCAAGCCTGTAATCCCAGCACCTTGGGAGGCCGAGACGGGCGGA	60
<b>б</b>	1	GGCCGGGTGCGGTGGCTCAAGCCTGTAATCCCAGCACCTTGGGAGGCTGAGACGGGAGGA	60
<b>в</b>	1	GGCTGGGTGCGGTGGCTCAAGCCTGTAATCCCAGCACCTTGGGAGGCTGAGACGGGCGGA	60
<b>а</b>	61	TCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGCTAACACGGTGAAACCCCGTCTCTACTAA	120
<b>б</b>	61	TCATGAGGTCAGGAGATCAAGACCATCCTGGCTAACACGGTGAAACCCCGTCTCTACTAA	120
<b>в</b>	61	TCATGAGGTCAGGAGATCAAGACCATCCTGGCTAACACGGTGAAACCCCGTCTCTACTAA	120
<b>а</b>	121	AAAA---TACAAAAAACTAGCCGGGCGAGGTGGCGGGCGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGG	177
<b>б</b>	121	AAAAAAATACAAAAAACTAGCCGGGTGAGGTGGCGGGCGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGG	180
<b>в</b>	121	AAAAAAATACAAAAAACTAGCCGGGTGAGGTGGCGGGCGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGG	180
<b>а</b>	178	GAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCGTGAACCCGGGAGGCGGAGCTTGCAGTGAGCTGAGATC	237
<b>б</b>	181	GAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCGTAAACCCGGGAGGCGGAGCTTGCAGTGAGCTGAGATC	240
<b>в</b>	181	GAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCGTAAACCCGGGAGGCGGAGCTTGCAGTGAGCTGAGATC	240
<b>а</b>	238	CGGCCACTGCCTCCAGCCTGGGCGACAGAGCGAGACTCCGTCT	281
<b>б</b>	241	CGGCCACTGCCTCCAGCCTGGGCGACAGAGCGAGACTCCGTCT	284
<b>в</b>	241	CAGCCACTGCCTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGACTCCGTCT	284

Рис. 1. Нуклеотидний поліморфізм родоспецифічного *Alu*-повтору *AluMacYa3* в інтроні 1 ортологів гена *MGMT* представників роду *Macaca*: а – консенсусна послідовність *AluMacYa3*; б – у *Macaca fascicularis*; в – у *Macaca mulatta*.

Для досліджених послідовностей *AluMacYa3* у інтронних послідовностях ортологів гена *MGMT* представників триби *Papionini* також характерний поліморфізм і усіченість послідовностей із частково делетованими 5' та / або 3' кінцями (1-283; 2-283; 5-283; 198-283). Послідовність *AluMacYa3* у гені *MGMT* *Cercocebus atys* виявлено також в інтроні 3 (табл. 3).

Щодо представників триби *Cercopithecini*, до складу якої входять п'ять родів (*Erythrocebus*, *Chlorocebus*, *Cercopithecus*, *Miopithecus* і *Allenopithecus*), проаналізувати наявність послідовності *AluMacYa3* у гені *MGMT* змогли лише для одного представника роду *Chlorocebus* – *Chlorocebus sabaesus* (табл. 3). Родоспецифічний *Alu*-повтор макак *AluMacYa3* у *Chlorocebus sabaesus* виявлено лише у межах інтрону 1, який гомологічний послідовності інтрону 3, оскільки послідовності інтронів 1 і 2 у нього делетовані.

Порівнюючи розповсюдження послідовності *AluMacYa3* у гені *MGMT* представників підроддини мавпові (*Cercopithecinae*), виявили, що цей родоспецифічний *Alu*-повтор макак переважно локалізований в інтронах 1 і 2. У послідовностях інтрону 3 *Alu*-повтор *AluMacYa3* присутній в одного із представників триби *Papionini* – *Cercocebus atys* та в одного із представників триби *Cercopithecini* – *Chlorocebus sabaesus* (табл. 3). Обидві послідовності частково усічені з 5' кінця і мають довжину 282 п. н. Також вони мають різне положення серед інших МГЕ (рис. 2).

**Еволюційна історія родоспецифічного *Alu*-повтору макак *AluMacYa3* у представників підроддини Колобусові.** Підродина Колобусові (*Colobinae*) охоплює 10 родів і 59 видів, які поділяють на дві триби – *Colobini* та *Presbytini*, що розділились 10–13 млн. років тому назад [10].

У проаналізованих послідовностях гена *MGMT* представників триби *Colobini* послідовність *Alu*-повтору *AluMacYa3* виявили у *Colobus angolensis palliatus* та *Ptilocolobus tephrosceles*, а у представників триби *Presbytini* – у *Rhinopithecus bieti* (табл. 2). Послідовності *AluMacYa3* у *Colobus angolensis palliatus* та *Rhinopithecus bieti* ідентифіковані в інтроні 2, а у *Ptilocolobus tephrosceles*, крім інтрону 2, *Alu*-повтори *AluMacYa3* виявлено у додатковій інтронній послідовності. У жодному випадку не було виявлено повної нуклеотидної послідовності *AluMacYa3*. Усі вони мають усічені послідовності із частково делетованими 5' та / або 3' кінцями (1-283; 3-283; 35-283). Крім того, у двох випадках виявлено мономерні повтори FLAM.

Узагальнюючи еволюційну історію родоспецифічного *Alu*-повтору макак *AluMacYa3* у представників родини Мавпові (*Cercopithecidae*)

бачимо, що крім нуклеотидного поліморфізму для послідовності зазначеного повтору також характерна делеційна деградація. Зокрема, у одного із представників підроддини *Cercopithecinae* – *Cercocebus atys* виявлено послідовність із частково делетованою послідовністю мономеру FLAM (198-283), а у представника підроддини *Colobinae* – *Rhinopithecus bieti* виявлено повтори *AluMacYa3* із частково делетованими послідовностями як мономеру FLAM (35-283), так і FRAM (2-199) (рис. 3).

Відомо, що дві підроддини Мавпових – Мавпові (*Cercopithecinae*) та Колобусові (*Colobinae*), розійшлися 18 млн. років тому назад [10], але схеми класифікації дискусивні, оскільки є невідповідності між морфологічними і генетичними даними, а також є розбіжності між різними генетичними дослідженнями. Зазначається, що колобусові почали формуватися приблизно 12 млн. років тому назад, а мавпові виникли від спільного предка близько 11,5 млн. років тому назад [10]. Що стосується представників триби *Papionini*, то час їхньої появи оцінюють від 6 до 8 млн. років тому, зокрема представники роду Макак почали формуватися приблизно 5,1 млн. років тому назад [10]. Якщо орієнтуватися на ці дані, то *Alu*-повтор *AluMacYa3* міг бути присутній, лише у представників роду Макак. Пояснення присутності послідовності *Alu*-повтору *AluMacYa3* не лише у представників триб *Papionini* (*Theropithecus gelada*, *Cercocebus atys*, *Papio anubis*) і *Cercopithecini* (*Chlorocebus sabaesus*), але й у представників підроддини Колобусові (*Rhinopithecus bieti*, *Colobus angolensis palliatus*, *Ptilocolobus tephrosceles*) на основі загальноприйнятих філогенетичних даних, потребує подальших досліджень.

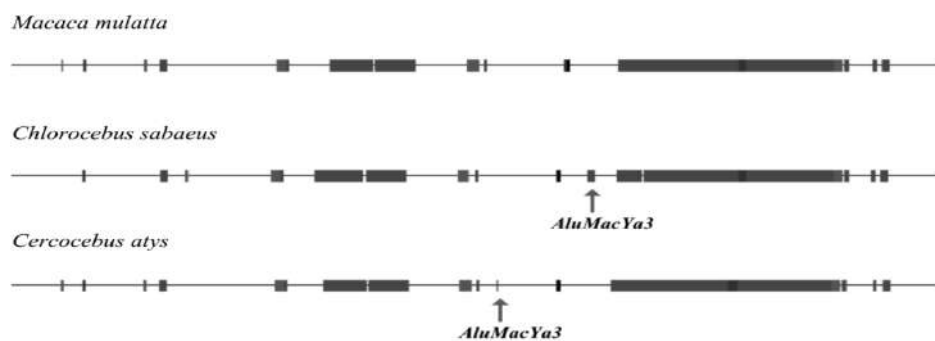


Рис. 2. Положення послідовностей родоспецифічного *Alu*-повтору макак *AluMacYa3* в інтроні 3 ортологів гена *MGMT* представників мавпових (*Cercopithecinae*).

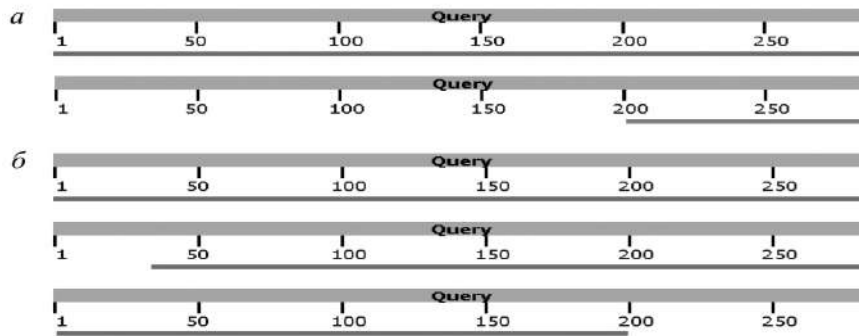


Рис. 3. Структурні варіації родоспецифічного *Alu*-повтору макак *AluMacYa3* у інтронних послідовності гена *MGMT* мавпових: а – у *Cercocebus atys* (представника підродини *Cercopithecinae*); б – у *Rhinopithecus bieti* (представника підродини *Colobinae*).

Підсумовуючи одержані дані, можна зробити висновок, що в еволюційній історії родоспецифічного *Alu*-повтору макак *AluMacYa3* переважає не делеційна деградація, як у випадку видоспецифічних *Alu*-повторів *Alu2\_OG*, *AluJ\_Mim* та *Alu2\_TS*, а нуклеотидний поліморфізм.

### Висновки

Отже, на прикладі гена *MGMT* показано, що родоспецифічний *Alu*-повтор *AluMacYa3* примутній не лише у макак, а й у інших представників мавпових. Аналіз нуклеотидної послідовності цього *Alu*-повтору свідчить про те, що його еволюційна історія поєднує нуклеотидний поліморфізм та делеційну деградацію.

### References

- Sotero-Caio C. G., Platt R. N., Suh A., Ray D. A. Evolution and diversity of transposable elements in vertebrate genomes. *Genome Biol. Evol.* 2017. Vol. 9. P. 161–177.
- Almojil D., Bourgeois Y., Falis M., Hariyani I., Wilcox J., Boissinot S. The Structural, Functional and Evolutionary Impact of Transposable Elements in Eukaryotes. *Genes*. 2021. Vol. 12, № 6. P. 918. doi: 10.3390/genes12060918.
- Ullu E., Tschudi C. Alu sequences are processed 7SL RNA genes. *Nature*. 1984. Vol. 312, № 5990. P. 171–172.
- Kapitonov V., Jurka J. The age of Alu subfamilies. *J. Mol. Evol.* 1996. Vol. 42, № 1. P. 59–65.
- McLain A. T., Carman G. W., Fullerton M. L., Beckstrom T. O., Gensler W., Meyer T. J., Faulk C., Batzer M. A. Analysis of western lowland gorilla (*Gorilla gorilla gorilla*) specific Alu repeats. *Mob. DNA*. 2013. Vol. 4, № 1. P. 26. doi: 10.1186/1759-8753-4-26.
- Baker J. N., Walker J. A., Vanchiere J. A., Phillippe K. R., St. Romain C. P., Gonzalez-Quiroga P., Denham M. W., Mierl J. R., Konkel M. K., Batzer M. A. Evolution of Alu subfamily structure in the Saimiri lineage of new world monkeys. *Genome Biol. Evol.* 2017. Vol. 9, № 9. P. 2365–2376. doi: 10.1093/gbe/evx172.
- Konkel M. K., Walker J. A., Batzer M. A. LINES and SINES of primate evolution. *Evol. Anthropol.* 2010. Vol. 19, № 6. P. 236–249. doi: 10.1002/evan.20283.
- Pidpala O. V., Lukash L. L. Species-specific mobile genetic elements in the gene of repair enzyme *MGMT* in New World monkeys. *Factors in Experimental Evolution of Organisms*. 2021. Vol. 28. P. 128–134. [in Ukrainian]
- Pidpala O. V., Lukash L. L. Evolutionary history of species-specific *Alu* repeats on the example of the *MGMT* gene of Old World monkeys. *Factors in Experimental Evolution of Organisms*. 2022. Vol. 30. P. 126–132. [in Ukrainian]
- Perelman P., Johnson W. E., Roos C., Seuánez H. N., Horvath J. E., Moreira M. A. M., Kessing B., Pontius J., Roelke M., Rumpler Y., Schneider M. P. C., Silva A., O'Brien S. J., Pecon-Slattery J. A Molecular Phylogeny of Living Primates. *PLoS Genet.* 2011. Vol. 7, № 3. e1001342. doi: 10.1371/journal.pgen.1001342.
- Quentin Y. Origin of the Alu family: a family of Alu-like monomers gave birth to the left and the right arms of the Alu elements. *Nucleic Acids Res.* 1992. Vol. 20, № 13. P. 3397–3401.
- Mighell A. J., Markham A. F., Robinson P. A. Alu sequences. *FEBS Lett.* 1997. Vol. 417, № 1. P. 1–5. doi: 10.1016/s0014-5793(97)01259-3.
- Jurka J., Kapitonov V. V., Pavlicek A., Klonowski P., Kohany O., Walichiewicz J. Repbase Update, a database of eukaryotic repetitive elements. *Cytogenet Genome Res.* 2005. Vol. 110. P. 462–467. doi: 10.1159/000084979.
- Raauum R. L., Sterner K. N., Noviello C. M., Stewart C. B., Disotell T. R. Catarrhine primate divergence dates estimated from complete mitochondrial genomes: concordance with fossil and nuclear DNA evidence. *J. Hum. Evol.* 2005. Vol. 48. P. 237–257.

**PIDPALA O. V., LUKASH L. L.**

*Institute of Molecular Biology and Genetics of Natl. Acad. Sci. of Ukraine,  
Ukraine, 03680, Kyiv, Akad. Zabolotnogo str., 150*

**DISTRIBUTION OF THE MACAQUES GENUS-SPECIFIC *Alu* REPEAT *AluMacYa3* IN THE *MGMT* GENE ORTHOLOGS OF OLD WORLD MONKEYS**

**Aim.** To follow the distribution and evolution of the macaques genus-specific *Alu* repeat *AluMacYa3* in Cercopithecidae *MGMT* gene orthologs. **Methods.** The homology between nucleotide sequences has been determined by the *BLAST* 2.6.1 program. The results of the search and identification of MGE have been obtained by the *CENSOR* program.

**Results.** It has been shown on the example of Cercopithecidae *MGMT* gene orthologs that the genus-specific *Alu* repeat *AluMacYa3* is present not only in the intron sequences of macaques, but also in other representatives of the Old World monkeys and in its evolutionary history not a deletion degradation of nucleotide sequences, as it is in the case of species-specific *Alu* repeats, but a single nucleotide polymorphism is dominated. **Conclusions.** Thus, the macaque genus-specific *Alu* repeat *AluMacYa3* has been identified in different representatives of the Old World monkeys and its evolutionary history combines nucleotide polymorphism and deletion degradation of nucleotide sequences.

**Keywords:** *Cercopithecidae*, *MGMT* gene, genus-specific *Alu* repeat, *AluMacYa3*.