



**ПОЛИМОРФИЗМ ДНК СОБАК (*CANIS FAMILIARIS* L.). VI. ГЕНОМНОЕ  
*IN SILICO* ШТРИХ-КОДИРОВАНИЕ СОБАЧЬИХ ГЕНОМОВ  
И ГЕНОМОВ ИХ ДИКИХ СОРОДИЧЕЙ**

<sup>1</sup>Кирьянова О.Ю., <sup>2</sup>Гарафутдинов Р.Р., <sup>3</sup>Чемерис Д.А., <sup>2</sup>Герашенков Г.А.,  
<sup>4</sup>Гиниятов Ю.Р., <sup>1,5</sup>Губайдуллин И.М., <sup>2</sup>Чемерис А.В.

<sup>1</sup>Уфимский государственный нефтяной технический университет  
Россия, 450062, Уфа, ул. Космонавтов 1, E-mail: [olga.kiryanova27@gmail.com](mailto:olga.kiryanova27@gmail.com)

<sup>2</sup>Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Федерального государственного  
бюджетного научного учреждения Уфимского федерального исследовательского центра  
Российской академии наук, Россия, 450054, Уфа, Проспект Октября, 71

<sup>3</sup>ООО «Максим Медикал», Россия, 123423, Москва, ул. Народного Ополчения, д. 34, стр. 1

<sup>4</sup>ООО Рамстор, 450064, Уфа, ул. Мира, 14

<sup>5</sup>Институт нефтехимии и катализа – обособленное структурное подразделение Федерального государственного  
бюджетного научного учреждения Уфимского федерального исследовательского центра  
Российской академии наук, Россия, 450075, Уфа, пр. Октября, 141

**Резюме**

Для выявления полиморфизма ДНК у собак и их диких сородичей применен довольно простой способ в виде виртуальной амплификации неких случайных участков генома с помощью мультиплексного RAPD-анализа с праймерами с произвольными нуклеотидными последовательностями, не требующий предварительного знания последовательностей азотистых оснований детектируемых фрагментов ДНК. При этом информация о полных геномах исследуемых видов прогнозировать ожидаемые результаты, что дает возможность до проведения «мокрых» экспериментов произвести отбраковку неподходящих праймеров. Проведенный *in silico* мультиплексный RAPD-анализ с 12 декамерными праймерами, последовательности которых исключают образование в ПЦР гомо- и гетеродимеров показал как геномное сходство, так и отличия между разными видами псовых. Если удалять из конечных результатов такой виртуальной амплификации общие для всех исследуемых образцов собак ампликоны, оставляя только значимые, выступающие фактически индивидуализирующими, то потенциально можно ДНК-паспортизировать каждую особь с вероятностью случайного совпадения их геномных штрихкодов в среднем одно событие на квадриллион.

**Ключевые слова:** собака, собачий, *Canis familiaris*, ДНК, геном, полиморфизм, ПЦР, праймеры, геномное штрих-кодирование

**Цитирование:** Кирьянова О.Ю., Гарафутдинов Р.Р., Чемерис Д.А., Герашенков Г.А., Гиниятов Ю.Р., Губайдуллин И.М., Чемерис А.В. Полиморфизм ДНК собак (*Canis familiaris* L.). VI. Геномное *in silico* штрих-кодирование собачьих геномов и геномов их диких сородичей // *Biomics*. 2022. Т.14(1). С.59-67. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2022-4

© Авторы

**DNA POLYMORPHISM OF DOGS (*CANIS FAMILIARIS* L.). VI. GENOMIC *IN SILICO*  
BARCODING OF CANINE GENOMES AND GENOMES OF THEIR WILD RELATIVES**

<sup>1</sup>Kiryanova O.Yu., <sup>2</sup>Garafutdinov R.R., <sup>3</sup>Chemiris D.A., <sup>2</sup>Gerashchenkov G.A.,  
<sup>4</sup>Giniyatov Y.R., <sup>1,5</sup>Gubaydullin I.M., <sup>2</sup>Chemiris A.V.

<sup>1</sup>Ufa State Petroleum Technological University,

1 Kosmonavtov str., Ufa, 450062, Russia, E-mail: [olga.kiryanova27@gmail.com](mailto:olga.kiryanova27@gmail.com)

<sup>2</sup>Institute of Biochemistry and Genetics, Ufa Federal Research Center, Russian Academy of Sciences,

71 Pr. Oktyabrya, Ufa, 450054, Russia

<sup>3</sup>Maxim Medical LLC, 34-1 Narodnogo Opolcheniya str., Moscow, 123423, Russia

<sup>4</sup>Ramstor LLC, 14 Mira str., 450064, Ufa, Russia

<sup>5</sup>Institute of Petrochemistry and Catalysis of Russian Academy of Sciences,  
141 Pr. Oktyabrya, Ufa, 450075, Russia

### Resume

To detect DNA polymorphism in dogs and their wild relatives, a fairly simple method was used in the form of virtual amplification of certain random areas of their genomes using multiplex RAPD analysis with primers with arbitrary nucleotide sequences, which does not require prior knowledge of the sequences of nitrogenous bases of the detected DNA fragments. At the same time, information about the complete genomes of the studied species predicts the expected results, which makes it possible to reject unsuitable primers before conducting "wet" experiments. The multiplex RAPD analysis conducted *in silico* with 12 decameric primers, the sequences of which exclude the formation of homo- and heterodimers in PCR, showed both genomic similarities and differences between different canid species. If amplicons common to all the studied dog samples are removed from the final results of such virtual amplification, leaving only significant ones that actually act as individualizing, then it is potentially possible to DNA-cataloging each canine specimen with the probability of a random coincidence of their genomic barcodes on average one event per quadrillion.

**Keywords:** dog, canine, *Canis familiaris*, DNA, genome, polymorphism, PCR, primers, genomic barcoding

**Citation:** Kiryanova O.Yu., Garafutdinov R.R., Chemeris D.A., Gerashchenkov G.A., Giniyatov Yu.R., Gubaydullin I.M., Chemeris A.V. DNA polymorphism of dogs (*Canis familiaris* L.). VI. Genomic *in silico* barcoding of canine genomes and genomes of their wild relatives. *Biomics*. 2022 V.14(1). P.59-67. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2022-4 (In Russian)

### © Authors

#### Введение

Ранее в одной из статей, посвященных полиморфизму ДНК собак, мы уже уделили внимание RAPD-анализу собачьих геномов, включая мультиплексную ПЦР *in silico* [Кирыанова и др. (Kiryanova et al.), 2021]. Данная работа является продолжением той с тем отличием, что количество геномов разных пород собак увеличено и помимо волка добавлены их другие дикие сородичи, а также увеличена мультиплексность виртуальной ПЦР. Принцип же геномного штрих-кодирования на основе полиморфизма фрагментов ДНК в виде ампликонов, генерируемых с помощью *in silico* RAPD-анализа, включая рассмотрение теоретически возможного количества полиморфных комбинаций, описан нами ранее [Кулуев и др. (Kuluev et al.), 2018; Кирыанова и др. (Kiryanova et al.), 2020], согласно которого для лучшей дифференциации видов и пород необходимо достижение довольно большого числа ампликонов, в идеале приближающего к половине от возможного для выбранного анализируемого диапазона фрагментов ДНК, в нашем случае составляющего размеры от 51 до 500 пар нуклеотидов, то есть 225 ДНК<sup>(+)</sup>-ячеек из 450 ДНК-ячеек. Так, теоретическое число комбинаций встречаемости в этих воображаемых ДНК-ячейках ампликонов разного размера рассчитывается как число сочетаний без повторений из  $m$  по  $n$  -

$$C_m^n = \frac{m!}{n!(m-n)!}$$

где  $C$  – общее число комбинаций встречаемости фрагментов ДНК выбранного размерного диапазона,  $m$  – число всех анализируемых в выбранном диапазоне воображаемых ДНК-ячеек,  $n$  – число ДНК<sup>(+)</sup>-ячеек,  $(m-n)$  – число ДНК<sup>(-)</sup>-ячеек. Однако подобранные нами праймеры привели к формированию для рода *Canis* в целом около 180 ампликонов, что должно теоретически обеспечивать порядка  $10^{130}$  комбинаций, но поскольку значительное число ампликонов является родоспецифичными и по сути одинаковыми, то ситуация с подобным подсчетом выглядит сложнее. Данный подход позволяет на основе знаний полных геномов подбирать оптимальные комбинации праймеров для мультиплексной ПЦР при проведении уже так называемых «мокрых» экспериментов, что значительно снижает затраты на реактивы и экономит время.

Путем геномного штрих-кодирования на основе полиморфизма ДНК, происходящей из разных частей генома, до некоторой степени также возможно установление родственных (филогенетических) связей между видами семейства псовых, чего мы здесь коротко коснемся.

#### Геномные штрихкоды собак и их сородичей

Ранее [Кирыанова и др. (Kiryanova et al.), 2021] в качестве виртуальных мультиплексных праймеров мы использовали шесть декамерных олигонуклеотидов и количество генерируемых ампликонов для каждого из исследованных образцов

ряда пород собак и волка составило около 50. Сейчас мы увеличили число таких праймеров до 12 со следующими почти рандомными последовательностями: AACGACAAA, AAGGGACAAA, AACCGAACA, AACGCACAAA, AAAACGCCAA, AACGCCAAAA, TGCCACACAC, AGCCTCACTC, TGCTCACCAC, CGACTCTCAC, AGCTCTCCAC, AGTCCACTC. К их особенности можно отнести практически

тринуклеотидный состав с присутствием в каждом лишь единственного гуанина в отличие от обычных праймеров, что полностью исключает вероятность образования ими как гомо-, так и гетеродимеров, что очень важно для «мокрых» экспериментов и на этапе дизайна праймеров легко достигается [Гарафутдинов и др. (Garafutdinov et al.), 2019].

Таблица 1

Характерные для волка, енота, песца и ряда пород собак ампликоны, генерируемые в RAPD-анализе *in silico* с использованием мультиплексного набора из 12 декамерных праймеров  
Table 1 – Generated in *in silico* RAPD analysis using a multiplex set of twelve decamer primers specific amplicons for the wolf, raccoon dog, arctic dog and a few dog breeds

Species/Breeds	A m p l i c o n s i z e s																																																																																																																															
<i>Canis lupus familiaris</i> Basenji MU ID 185726	052	054	057	060	067	074	076	077	082	093	095	096	109	112	116	117	120	123	126	128	131	138	140	141	142	149	157	166	171	173	174	177	179	184	188	190	193	196	198	203	204	205	208	209	210	211	215	225	226	228	230	233	235	243	244	245	247	262	271	273	280	281	283	287	290	292	293	294	297	299	302	303	306	312	325	327	328	330	336	340	346	357	363	366	369	372	375	381	384	385	386	387	389	390	391	393	396	400																														
<i>Canis lupus familiaris</i> Basenji UNSW-BAS-2019	052	054	057	060	067	074	076	077	082	093	095	096	109	111	116	117	120	123	126	128	131	138	140	141	142	149	157	166	171	174	175	177	179	184	188	190	193	196	198	203	208	209	210	211	215	225	226	228	230	233	235	243	244	245	255	262	271	272	273	280	281	287	290	292	293	294	297	299	302	303	306	312	325	326	327	333	334	340	346	357	363	366	369	372	375	381	384	385	386	387	390	391	393	396	398	400																																
<i>Canis lupus familiaris</i> Chihuahua	052	054	057	060	067	074	077	082	093	094	095	109	111	115	117	120	123	126	128	131	138	140	141	142	149	157	166	171	174	175	177	179	184	188	190	193	196	198	203	208	209	210	211	215	225	226	228	230	233	235	243	244	245	257	262	271	272	273	280	281	287	290	292	293	294	297	299	302	306	308	312	325	326	327	330	334	340	357	363	369	371	373	375	381	384	386	387	391	393	396	398	401	402	404	405	407																																
<i>Canis lupus familiaris</i> Chihuahua chi-156	052	054	057	060	066	067	074	076	077	082	093	094	095	109	111	116	117	120	123	126	128	131	138	140	141	142	149	157	166	170	171	174	177	179	184	188	190	193	196	198	203	208	209	210	211	215	225	226	228	232	233	235	236	241	243	244	245	251	262	271	273	280	281	282	287	290	292	293	294	402	405	407	413	414	417	418	419	423	431	435	443	448	454	460	469	470	473	476	490	491	495																																					
<i>Canis lupus familiaris</i> Beagle	052	054	057	060	067	074	076	077	082	084	093	094	095	109	111	116	117	120	123	126	128	131	138	140	141	142	149	157	166	171	173	174	177	179	184	188	190	193	196	198	203	208	209	210	211	215	225	226	228	230	233	235	243	244	245	251	255	262	271	273	280	281	287	290	292	293	297	299	302	303	306	312	320	321	325	326	327	330	338	340	346	357	363	366	375	380	381	383	384	385	386	387	391	393	396	398																																
<i>Canis lupus familiaris</i> Boxer Tasha	052	054	057	060	067	074	076	077	082	093	094	095	109	111	116	117	120	123	126	128	131	138	140	141	142	149	157	166	171	174	177	179	184	188	190	193	196	198	203	208	209	210	211	215	225	226	228	230	233	235	243	244	245	249	251	262	264	271	273	280	281	282	287	290	292	293	295	297	299	302	303	306	312	325	326	327	330	334	340	346	357	363	366	369	375	380	381	383	384	386	387	390	391	393	396	398																																
<i>Canis lupus</i> Grey wolf	052	054	057	060	067	074	076	077	082	092	093	095	109	111	115	117	120	123	126	128	131	138	140	141	142	149	157	166	171	174	177	179	184	188	190	196	198	203	208	209	210	211	215	225	226	228	229	232	233	235	243	244	245	249	251	262	271	273	280	281	282	287	290	292	293	295	297	299	302	303	306	312	325	326	327	333	338	340	346	357	363	366	368	369	375	381	382	383	384	386	387	390	391	393	396																																	
<i>Nyctereutes procyonoides</i> Raccoon dog	052	054	060	067	072	074	075	076	077	082	089	092	093	096	109	111	115	116	117	118	120	123	131	136	140	141	147	156	157	163	170	171	173	174	177	179	184	188	190	192	198	200	202	204	205	208	209	211	212	215	219	221	225	226	227	231	232	233	234	239	241	242	262	265	273	277	278	279	281	284	285	286	293	295	296	302	316	324	329	330	337	340	342	347	352	358	360	362	365	374	377	379	380	381	384	386	390																															
<i>Vulpes lagopus</i> Arctic fox	051	052	054	060	067	069	074	075	076	077	082	088	092	094	095	096	100	103	109	113	116	117	119	120	122	124	128	130	134	135	136	138	140	141	143	148	150	158	168	171	174	177	179	188	193	196	197	198	199	200	202	204	205	208	209	211	215	221	222	223	226	230	232	238	239	240	242	243	244	245	249	257	259	262	267	272	273	277	281	286	289	291	293	300	302	305	306	307	309	319	322	324	326	340	341	349	350	352	357	358	360	361	370	371	374	384	386	389	390	391	392	397	401	403	410	414	420	422	431	432	442	443	444	447	451	454	456	467

- ампликоны, присущие за единичными исключениями лишь роду *Canis*
- ампликоны, специфичные для всех исследуемых видов и всех пород собак
- ампликоны, специфичные для некоторых пород собак
- ампликоны, уникальные для волка, енота и песца, не совпадающие с собачьими
- ампликоны, уникальные для собак
- ампликоны, присущие из рода *Canis* лишь собакам
- amplicons inherent, with a few exceptions, only in the genus *Canis*
- amplicons specific to all the studied species and all breeds of dogs
- amplicons specific to some dog breeds
- amplicons unique to the wolf, raccoon and arctic fox that do not coincide with canine
- amplicons unique to the dogs
- amplicons inherent in the genus *Canis* only to dogs

Проведенный *in silico* RAPD-анализ полных геномов волка, шести собак четырех пород, а также енота и песца (доступных из GenBank - [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCF\\_018345385.1/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCF_018345385.1/) [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCA\\_013276365.2/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCA_013276365.2/) [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCA\\_011634725.1/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCA_011634725.1/) [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCA\\_011327655.1/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCA_011327655.1/) [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCA\\_004886185.2/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCA_004886185.2/) [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCA\\_000331495.1/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCA_000331495.1/) [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCF\\_000002285.5/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCF_000002285.5/) [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCA\\_905319855.2/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCA_905319855.2/) [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCA\\_905146905.1/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/assembly/GCA_905146905.1/)) с 12-ю праймерами привел к образованию в среднем около 120 ампликонов для каждого образца и

поскольку часть из них отличались размерами, то в общей сложности оказалось 282 разного размера ампликонов, приведенных в табл. 1. При этом треть отличающихся ампликонов пришлась на енота и песца, и если ограничиться лишь родом *Canis* (собаки и волк), то ампликонов разного размера будет 184. На основе обнаруженных ампликонов, исходя из их размеров с помощью программы ABCDNA\_GS [Кирьянова и др. (Kiryanova et al.), 2020a] построены геномные штрих-коды исследованных видов (волк, енот, песец) и отдельных пород собак, приведенные на рис. 1.

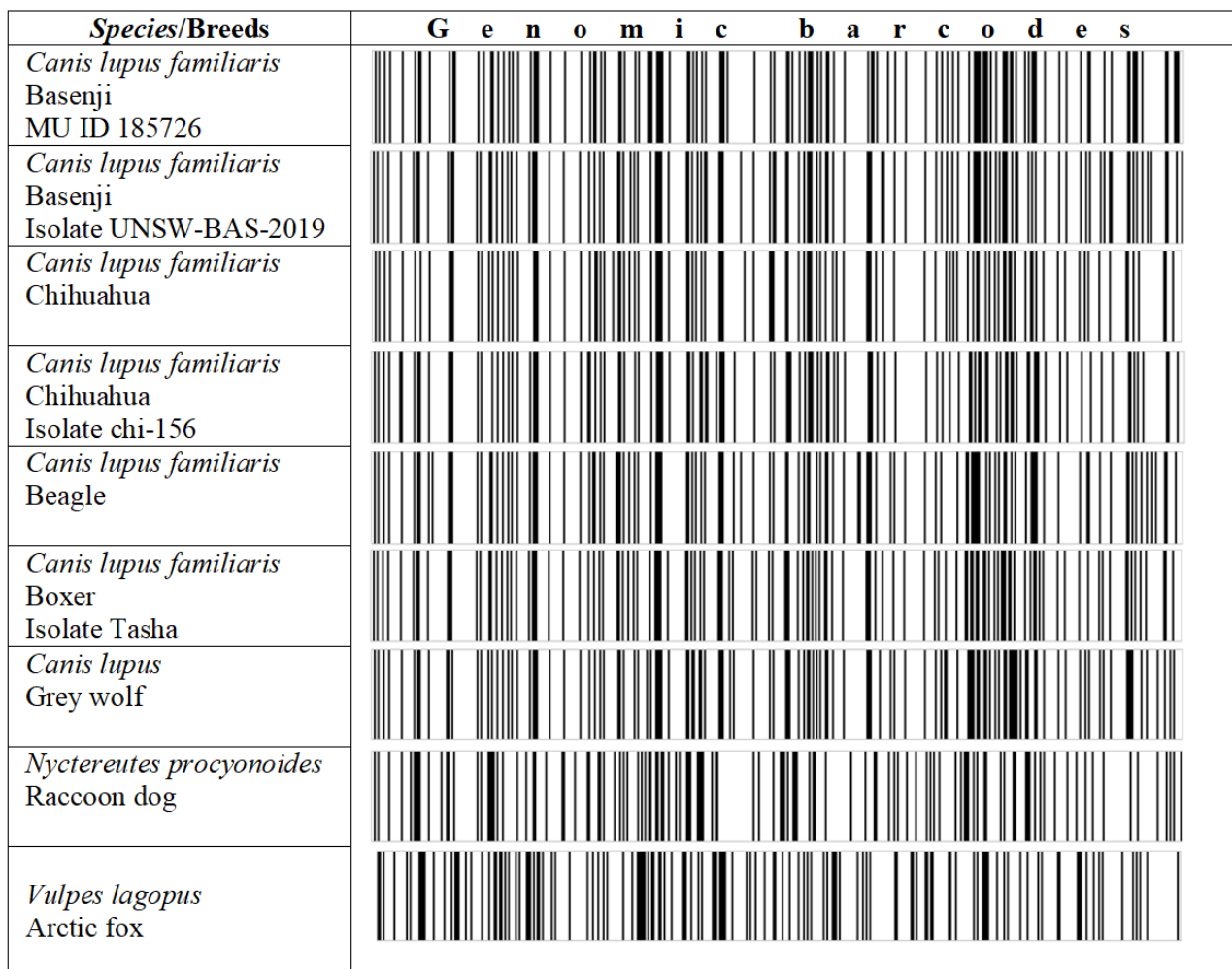


Рис. 1. Геномные штрихкоды отдельных пород собак, серого волка, енота и песца  
Fig. 1. Genomic barcodes of individual breeds of dogs, gray wolf, raccoon and Arctic fox

Как можно видеть из табл. 1 волк имеет всего 9 уникальных ампликонов, которых нет у собак, тогда как енот несет таких 48, а песец и того больше – 65, подтверждая, что предком собак является именно

серый волк и никак не последние виды. Несмотря на то, что все взятые в анализ виды относятся к семейству псовых видны серьезные отличия геномов между этими тремя родами – *Canis*, *Nyctereutes* и

*Vulpes*, что наглядно показывает успешность метода геномного штрих-кодирования для установления филогенетических отношений исследуемых видов организмов на примере данных хищников. Предложенный метод штрихкодирования наглядно позволяет обнаружить сходства и различия на уровне родов, которые в дальнейшем можно анализировать более детально на уровне нуклеотидов для отдельно взятых ампликонов. Что касается разграничения отдельных пород собак, то ситуация здесь иная и требуются дополнительные исследования в виде анализа большего числа полных геномов разных пород, а также натуральных экспериментов с этим или другим комплектом декамерных праймеров.

Также возможно стоит увеличить длину праймеров на несколько звеньев, что с одной стороны повысит воспроизводимость мокрых экспериментов, поскольку известно, что короткие праймеры не всегда обеспечивают при низкой температуре их точный отжиг. Однако это потребует увеличения мультиплектности анализа, чтобы количество ампликонов оставалось по-прежнему довольно высоким. При этом желательно иметь большее количество полиморфных полос, поскольку именно они позволяют разграничивать виды/породы и отдельных особей. Так, если брать в анализ только породы собак, то в той или иной степени

полиморфных ампликонов по этим нашим данным для них насчитывается 87, что позволяет рассчитывать чуть ли не на гугол комбинаций, что, безусловно, много, но опять-таки уникальных ампликонов из них всего около трети. Вероятно, подобных декамерных праймеров для RAPD-анализа генома собак требуется порядка 15 – 18.

При этом, при необходимости можно удалять из анализа одинаковые по размеру ампликоны у всех организмов, взятых в исследование в рамках одного эксперимента для упрощения итоговой картины. Однако при формировании баз данных эти сведения должны также храниться, позволяя их учитывать при добавлении новой информации, отбрасывая из последующих сравнений одинаковые ампликоны. Следует отметить, что в данном анализе мы полагались только на размеры ампликонов, нуклеотидный состав которых нас не интересовал. Фактически одинакового размера ампликоны у сравниваемых образцов представляют собой некий «шум», затрудняющий анализ, и поэтому было принято решение построить геномные штрихкоды собак, только основываясь на уникальных или информативных для каждого исследуемого образца ампликонах, фактически индивидуализирующих каждую особь, что представлено на рис. 2.

Breeds	Unique amplicons	Genomic barcodes
Basenji UNSW-BAS-2019	194 231 255 274 333 459 482 499	
Basenji MU ID 185726	112 204 247 283 328 336 389 412 497	
Chihuahua	066 170 241 370	
Chihuahua chi-156	175 184 257 272 371 373 476	
Beagle	084 173 186 255 320 321 483 485	
Boxer Tasha	249 264 365 421	

Рис. 2. Геномные штрихкоды на основе уникальных ампликонов отдельных пород собак  
Fig. 2. Genomic barcodes based on unique amplicons of some dog breeds

Как можно видеть из рис. 2, уникальных (индивидуализирующих) ампликонов для исследованных образцов собак обнаруживается от 4 до 9 в том же диапазоне ДНК-ячеек от 51 до 500 п.н., что теоретически обеспечивает количество возможных комбинаций их расположения от миллиардов до квинтиллионов, что намного превышает все поголовье собак на Планете, при этом в России собак насчитывается около 22 млн. особей и можно рассчитывать, что каждой из них могут быть присущи неповторяющиеся геномные штрихкоды.

Так, в данной работе фактически можно допустить, что для шести исследованных собак все геномные штрихкоды оказались уникальными. Причем задача однозначной ДНК-паспортизации/регистрации отдельных особей собак стоит довольно остро, исходя из разных соображений, изложенных нами ранее [Гиниятов и др. (Giniyatov et al.), 2021] и поэтому здесь лишь упомянем важнейшие – это борьба с бродячими собаками, сбивающимися в стаи и представляющими серьезную угрозу здоровью и даже жизни людей, составление и контролирование родословных породистых собак и пр. Однако применимость использования такого подхода для регистрации собак требует дополнительных исследований на натуральных образцах особей различных пород, включая щенков и их родителей.

Что касается атрибутов отдельных пород в виде неких ампликонов, то таковые с данным комплектом праймеров выявлены не были и лишь единичные оказались типичны для пород басенджи и чихуахуа. При этом пород собак считается, что более 400, и вряд ли возможно для них всех выявить специфичные ампликоны, хотя было бы заманчиво. Но существует еще масса беспородных собак и они вряд ли будут отличаться какими-то особыми критериями на уровне ДНК от породистых и себе подобных.

Здесь стоит также отметить, что подобное геномное штрихкодирование за вычетом общих для всех исследуемых образцов ампликонов (шума) может применяться и для других объектов, например для сортов, сортообразцов, линий сельскохозяйственных растений, для которых требуется ДНК-

паспортизация/каталогизация при проведении селекционных исследований.

Во избежание недоразумений следует заметить, что геномное штрихкодирование не имеет ничего общего с действующим уже много лет проектом “DNA barcode of Life”, в котором для таксономических целей используются участки отдельных митохондриальных, хлоропластных или ядерных генов, среди которых наиболее популярным служит митохондриальный ген цитохромоксидазы, амплифицируемый с помощью ПЦР и затем секвенируемый [Hebert et al., 2003].

В результате формируется ДНК-штрихкод, лишь отдаленно напоминающий ставший привычным обычный двумерный штрихкод и представляющий собой по сути ту же самую последовательность нуклеотидов, отображенную в виде цветных вертикальных полос (штрихов) соответствующего конкретным нуклеотидам цвета (А – **зеленый**, С – **синий**, G – **черный**, T – **красный**). В то время как предложенный нами метод основан на анализе всего генома и переводе получаемых данных в цифровой бинарный формат или формат штрихкода, где каждая полоса отождествляет не отдельный нуклеотид, а ампликон. Чтобы не быть голословными приведем здесь ДНК-штрихкод волка (рис. 3), взятого с сайта [http://www.boldsystems.org/index.php/Public\\_RecordView?processid=ABMC058-05](http://www.boldsystems.org/index.php/Public_RecordView?processid=ABMC058-05), где ему предшествует (здесь наоборот) установленная нуклеотидная последовательность этого участка гена цитохромоксидазы (рис. 4).

Таким образом, ДНК-штрихкоды и геномные штрихкоды кардинально отличаются друг от друга по исходным данным для анализа и по представлению данных в виде графических отображений, которые в нашем случае основаны на двоичном кодировании в виде нулей и единиц, соответствующих ДНК<sup>(-)</sup>-ячейкам и ДНК<sup>(+)</sup>-ячейкам. При этом происходит генотипирование фактически всего ядерного генома, представляя собой некий случайный его «отпечаток», что дает несравненно большее количество данных. То есть, предложенный нами метод можно сказать оптимизирует представление полученных данных мультиплексной ПЦР.



Рис. 3. ДНК-штрихкод фрагмента митохондриального гена цитохромоксидазы волка  
Fig. 3. DNA barcode of a fragment of the mitochondrial gene of cytochrome oxidase of wolf

Sequence ID:	ABMC058-05.COI-5P	GenBank Accession:	JF443205
Last Updated:	2022-06-14	Genome:	Mitochondrial
Locus:	Cytochrome Oxidase Subunit 1 5' Region		
Nucleotides:	581 bp		

```
GTCAGCCCGGTAAGTCTTACTAGGAGACGATCAGATTTATAATGTCATCGTAACCGCNCATG
CTTTCGTAATAATCTTCTTCATAGTCATGCCATCATAATTGGAGGCTTTGGAAACTGAC
TAGTGCCGTTAATAATTGGCGCTCCGGACATGGCATTCCCCGAATAAATAACATGAGCT
TCTGACTCCTNCCTCCATCCTTTCTTCTACTATTAGCATCTTCTATGGTAGAAGCAGGTG
CAGGAACGGGATGAACCGTATACCCCCACTAGCTGGCAATCTAGCCCATGCAGGAGCAT
CCGTTGACCTTACAATTTTCTCCTTACACTTAGCCGGAGTCTCNTCTATTCTAGGGGCAA
TTANTTTCATCACTACTATTATCAACATAAAACCCCTGCAATATCCCAGTATCCAACCTC
CTCTGTTTGTATGATCAGTACTAATTACAGCAGTTCTACTCTTACTATCCCTGCCTGTAC
TGGCTGCTGGAATTACAATACTCTTAACAGACCGGAAACTTAATACAACATTTTTTGATC
CCGCTGGAGGAGGAGACCCCTATCCTATATCAACACTTATTC
```

Рис. 4. Нуклеотидная последовательность фрагмента митохондриального гена цитохромоксидазы волка  
Fig. 4. Nucleotide sequence of a fragment of the mitochondrial gene of the wolf cytochrome oxidase

#### Заключение

ДНК является уникальной молекулой, созданной Природой. Заложенное в ней просто гигантское количество комбинаций перестановок четырех нуклеотидов определяет различные применения данного биополимера, среди которых есть даже долговременное хранение в ДНК небологической информации, что получает в последние годы серьезное развитие [Сахабутдинова и др. (Sakhabutdinova et al.), 2019; Garafutdinov et al., 2022]. Уже много лет полиморфизм ДНК человека весьма продуктивно используется в криминалистике [Чемерис и др. (Chemeris et al.), 2022]. Использование для этих же целей поиска преступников полиморфизма ДНК собак, когда шерстинки последних, оставленные на одежде жертвы или преступника, помогают раскрыть преступления пока не очень востребованы, но уже есть примеры их успешного применения, что нами рассмотрено достаточно подробно [Гарафутдинов и др. (Garafutdinov et al.), 2021; Сахабутдинова и др. (Sakhabutdinova et al.), 2021]. Выявление геномного полиморфизма собак с помощью модифицированного RAPD-анализа с мультиплексными праймерами позволяет как идентифицировать отдельную особь, так и устанавливать филогенетическое родство близких видов организмов и в частности в семействе псовых. Однако необходимо заметить, что при

проведении *in silico* анализа хранящихся в настоящее время в базах данных полных геномов экспериментатору приходится иметь дело с квазигапloidными геномами, чему мы уделили отдельное внимание в статье, посвященной столетнему юбилею термина «геном» [Кулуев и др. (Kuluev et al.), 2020]. Тем не менее, квазигапloidными геномными штрихкодами вполне можно оперировать при таксономических построениях, а также они необходимы для прогноза ожидаемого в «мокрых» экспериментах полиморфизма ДНК с тем или иным комплектом праймеров в RAPD-анализе, значительно экономя деньги и время.

#### Литература

1. Гарафутдинов Р.Р., Баймиев А.Х., Малеев Г.В., Алексеев Я.И., Зубов В.В., Чемерис Д.А., Кирьянова О.Ю., Губайдуллин И.М., Матниязов Р.Т., Сахабутдинова А.Р., Никоноров Ю.М., Кулуев Б.Р., Баймиев А.Х., Чемерис А.В. Разнообразие праймеров для ПЦР и принципы их подбора. *Биомика*. 2019. Т.11(1). С. 23–70. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2019-04
2. Гарафутдинов Р.Р., Чемерис Д.А., Сахабутдинова А.Р., Алексеев Я.И., Геращенко Г.А., Гиниятов Ю.Р., Аминев Ф.Г., Чемерис А.В. Полиморфизм ДНК собак (*Canis familiaris* L.). III. VNTR- и STR-локусы. Их применение в

- собаководстве и криминалистике // *Biomics*. 2021. Т.13(3). С.321-346. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-23
3. Гиниятов Ю.Р., Чемерис Д.А., Яхин О.И., Гарафутдинов Р.Р., Чемерис А.В. Прасобаки, собаки и их будущее // *Biomics*. 2021. Т.13(3). С. 288-297. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-20
  4. Кирьянова О.Ю., Гарафутдинов Р.Р., Чемерис Д.А., Гиниятов Ю.Р., Губайдуллин И.М., Чемерис А.В. Полиморфизм ДНК собак (*Canis familiaris* L.). II. RAPD-анализ // *Biomics*. 2021. Т.13(3). С.309-320. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-22
  5. Кирьянова О.Ю., Кирьянов И.И., Кулуев Б.Р., Чемерис А.В., Гарафутдинов Р.Р., Губайдуллин И.М. Свидетельство о государственной регистрации программы для ЭВМ № 2020610703 ABCDNA\_GS (Amplified Bar-Coded DNA Genome/Specimen). 2020a.
  6. Кирьянова О.Ю., Кулуев Б.Р., Кулуев А.Р., Губайдуллин И.М., Чемерис А.В. Мультиплексный *in silico* RAPD-анализ ряда родственных растений с отличающимися размерами геномов и перспективы такого подхода для ДНК-паспортизации сортов сельскохозяйственных растений // *Биомика*. 2020. Т.12. №2. С. 194-210. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-10
  7. Кулуев Б.Р., Баймиев Ан.Х., Геращенко Г.А., Чемерис Д.А., Зубов В.В., Кулуев А.Р., Баймиев Ал.Х., Чемерис А.В. Методы ПЦР для выявления мультилокусного полиморфизма ДНК у эукариот, основанные на случайном праймировании // *Генетика*. 2018. Т.54. С.495-511. DOI: 10.7868/S0016675818050016
  8. Кулуев Б.Р., Баймиев Ан.Х., Геращенко Г.А., Юнусбаев У.Б., Гарафутдинов Р.Р., Алексеев Я.И., Баймиев Ал.Х., Чемерис А.В. Сто лет гаплоидным геномам. Сейчас наступает время диплоидных // *Биомика*. 2020. Т.12(4). С. 411-434. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-33
  9. Сахабутдинова А.Р., Михайленко К.И., Гарафутдинов Р.Р., Кирьянова О.Ю., Сагитова М.А., Сагитов А.М., Чемерис А.В. Небиологическое применение молекул ДНК // *Биомика*. 2019. Т.11(3). С. 344-377. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2019-28
  10. Сахабутдинова А.Р., Чемерис Д.А., Гарафутдинов Р.Р., Алексеев Я.И., Гиниятов Ю.Р., Аминев Ф.Г., Чемерис А.В. Полиморфизм ДНК собак (*Canis familiaris*) и его применение. IV. Митохондриальная ДНК // *Biomics*. 2021. Т.13(3). С.347-359. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-24
  11. Чемерис А.В., Аминев Ф.Г., Гарафутдинов Р.Р., Анисимов В.А., Сагитов А.М., Хуснутдинова Э.К., Сахабутдинова А.Р., Чемерис Д.А., Михайленко К.И. ДНК-криминалистика. М.: Наука. 2022. 466 С.
  12. Garafutdinov R.R., Chemeris D.A., Sakhabutdinova A.R., Kiryanova O.Yu., Mikhaylenko K.I., Chemeris A.V. Encoding of non-biological information for its long-term storage in DNA // *Biosystems*. 2022. 104664. P. 215-216. DOI: 10.1016/j.biosystems.2022.104664
  13. Hebert P.D., Cywinska A., Ball S.L., deWaard J.R. Biological identifications through DNA barcodes // *Proc. Biol. Sci.* 2003. V.270(1512). P.313-221. doi: 10.1098/rspb.2002.2218

#### References

1. Chemeris A.V., Aminev F.G., Garafutdinov R.R., Anisimov V.A., Sagitov A.M., Khusnutdinova E.K., Sakhabutdinova A.R., Chemeris D.A., Mihaylenko K.I. DNK-kriminalistika. M.: Nauka. 2022. 466 S. [DNA criminalistics] (In Russian)
2. Garafutdinov R.R., Baymiev An.Kh., Maleev G.V., Alexeyev Ya.I., Zubov V.V., Chemeris D.A., Kiryanova J.Yu., Gubaydullin I.M., Matniyazov R.T., Sakhabutdinova A.R., Nikonorov Yu.M., Kuluev B.R., Baymiev Al.Kh., Chemeris A.V. Diversity of PCR primers and principles of their design. *Biomics*. 2019. V.11(1). P. 23 -70. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2019-04 (In Russian)
3. Garafutdinov R.R., Chemeris D.A., Sakhabutdinova A.R., Alexeev Ya.I., Gerashchenkov G.A., Giniyatov Y.R., Aminev F.G., Chemeris A.V. DNA polymorphism of dogs (*Canis familiaris* L.). III. VNTR- and STR-loci. Their use in dog breeding and in criminalistics. *Biomics*. 2021. V.13(3). P.321-346. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-23 (In Russian)
4. Garafutdinov R.R., Chemeris D.A., Sakhabutdinova A.R., Kiryanova O.Yu., Mikhaylenko K.I., Chemeris A.V. Encoding of non-biological information for its long-term storage in DNA. *Biosystems*. 2022. 104664. P. 215-216. DOI: 10.1016/j.biosystems.2022.104664
5. Giniyatov Yu.R., Chemeris D.A., Yakhin O.I., Garafutdinov R.R., Chemeris A.V. Ancient dogs, dogs and their future. *Biomics*. 2021. V.13(3). P.288-297. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-20 (In Russian)
6. Hebert P.D., Cywinska A., Ball S.L., deWaard J.R. Biological identifications through DNA barcodes. *Proc. Biol. Sci.* 2003. V.270(1512). P.313-221. doi: 10.1098/rspb.2002.2218
7. Kiryanova O.Yu., Garafutdinov R.R., Chemeris D.A., Giniyatov Yu.R., Gubaydullin I.M., Chemeris A.V. DNA polymorphism of dogs (*Canis familiaris* L.). II. RAPD-analysis. *Biomics*. 2021. V.13(3). P.309-320. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-22 (In Russian)
8. Kiryanova O. Yu., Kiryanov I. I., Kuluev B. R., Chemeris A.V., Garafutdinov R. R., Gubaidullin I. M. Certificate of state registration of computer program no. 2020610703 ABCDNA\_GS (Amplified Bar-Coded DNA Genome/Specimen). 2020a.



9. Kiryanova O.Yu., Kuluev B.R., Kuluev A.R., Mardanshin I.S., Gubaydullin I.M., Chemeris A.V. Multiplex *in silico* RAPD-analysis of several related plants with different genome sizes and prospects for this approach for DNA-cataloguing of agricultural plant varieties. *Biomics*. 2020. V. 12. No. 2. P. 194-210. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-10 (In Russian)
10. Kuluev B.R., Baymiev An.K., Gerashchenkov G.A., Chemeris D.A., Zubov V.V., Kuluev A.R., Baymiev Al.Kh., Chemeris A.V. Random priming PCR strategies for identification of multilocus DNA polymorphism in eukaryotes. *Russian Journal of Genetics*. 2018. V. 54(5). P. 499-513. DOI: 10.1134/S102279541805006X
11. Kuluev B.R., Baymiev An.Kh., Gerashchenkov G.A., Yunusbaev U.B., Garafutdinov R.R., Alekseev Ya.I., Baymiev Al.Kh., Chemeris A.V. One hundred years of haploid genomes. Now time comes for diploid genomes. *Biomics*. 2020. Vol. 12(4). P. 411-434. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-33 (In Russian)
12. Sakhabutdinova A.R., Chemeris D.A., Garafutdinov R.R., Giniyatov Yu.R., Aminev F.G., Chemeris A.V. DNA polymorphism of dogs (*Canis familiaris*) and its application. IV. Mitochondrial DNA. *Biomics*. 2021. V.13(3). P.347-359. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-24 (In Russian)
13. Sakhabutdinova A.R., Mikhailenko K.I., Garafutdinov R.R., Kiryanova O.Yu., Sagitova M.A., Sagitov A.M., Chemeris A.V. Non-biological application of DNA molecules. *Biomics*. 2019. V.11(3). P. 344-377. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2019-28 (In Russian)