

ПІДПАЛА О.В.✉, ЛУКАШ Л.Л.

Інститут молекулярної біології та генетики НАН України,

Україна, 03680, м. Київ, вул. Акад. Заболотного, 150, e-mail: pidpala@ukr.net

✉ pidpala@ukr.net, (063) 433-92-78

РЕКОМБІНАЦІЙНЕ ПОХОДЖЕННЯ ЯДЕРНИХ ІНТРОНІВ

Сплайсосомні або ядерні інтрони є важливим еволюційним надбанням еукаріот [1]. Збільшення інформаційної місткості геному за рахунок альтернативного сплайсингу, наявність альтернативних промоторів і різноманітних регуляторних послідовностей, які можуть впливати на регуляцію експресії генів, а також наявність послідовностей, що беруть участь у формуванні структури хроматину, і присутність генів мікроРНК, підтверджують важливе функціональне значення інтронів [2]. Як виникли перші інтрони? Чи були вони присутні у загальних предків, а згодом втрачені у прокаріот («гіпотеза ранніх інтронів») [3, 4], чи виникли в еукаріотних генах після дивергенції організмів («гіпотеза пізніх інтронів») [5, 6]? Можливо, в основі походження інтронів лежать обидва механізми [7–9]. Є дані про еволюційний зв'язок між сплайсосомними інтронами і бактеріальними самосплайсуючими інтронами групи II [10,

11]. Та все ж питання походження сплайсосомних інтронів лишається відкритим. Об'єктом дослідження ми обрали ген репаративного ензиму O⁶-метилгуанін-ДНК метилтрансферази (MGMT чи AGT), який широко розповсюджений у про- та еукаріот, із метою проаналізувати інтронні послідовності на перших етапах їх формування в еукаріотичних організмів.

Матеріали і методи

Інформацію про гомологічні гени репаративного ензиму MGMT (*MGMT* чи *AGT*) одержано із бази даних *NCBI: Orthology Predictions Search* і наведено у табл. 1, 2. Гомологію між досліджуваними послідовностями визначали програмою *BLAST 2.6.1*. Результати пошуку та ідентифікації мобільних генетичних елементів (МГЕ) здійснено за допомогою програми *CENSOR*.

Таблиця 1. Основна інформація про досліджувані гомологічні гени

Організм	Назва гена	Хромосомна локалізація	Довжина гена, п. н.	Довжина мРНК, п. н.	Довжина білка, аа	Екзони, n	Інтрони, n
<i>S. cerevisiae</i>	<i>MGT1</i>	IV (-)	567	567	188	1	
<i>D. melanogaster</i>	<i>agt</i>	3R (-)	693	693	194	1	
<i>C. elegans</i>	<i>agt-1</i>	IV (-)	959	598	175	4	3
<i>D. rerio</i>	<i>mgmt</i>	17 (-)	4179	1061	192	5	4

Таблиця 2. Дані про екзон-інтронну структуру гомологів гена *MGMT*

Організм	Назва гена	Довжина структурних одиниць, п. н.								
		ек.1	ін.1	ек.2	ін.2	ек.3	ін.3	ек.4	ін.4	ек.5
<i>S. cerevisiae</i>	<i>MGT1</i>	567								
<i>D. melanogaster</i>	<i>agt</i>	693								
<i>C. elegans</i>	<i>agt-1</i>	56	43	144	50	135	268	263		
<i>D. rerio</i>	<i>mgmt</i>	61	287	137	2075	152	81	140	675	571

Результати та обговорення

Дослідження гомології між генами

***MGT1 S. cerevisiae* та *agt D. melanogaster*.** Досліджуваний ген у *S. cerevisiae* та у *D. melanogaster* представлений одним екзоном. Аналізуючи нуклеотидні послідовності цих генів, ми виявили, що гомологія між ними має фрагментарний характер (рис. 1). Гомологічні послідовності довжиною 8–12 п. н. у зазначених генах розкидані та іноді мають протилежний напрямок (рис. 1).

Аналіз інтронних послідовностей гена *agt-1 C. elegans*. Ген *agt-1 C. elegans* має три інтрони (табл. 1). Їхня довжина становить 43, 50

і 268 п. н., відповідно (табл. 2). Усі інтронні послідовності містять незначні ділянки гомології (7–8 п. н.) до послідовностей гомологічних генів *MGT1 S. cerevisiae* та *agt D. melanogaster*. Це проілюстровано на прикладі двох інтронів гена *agt-1 C. elegans* (рис. 2). Як видно із наведених результатів, є ділянки, які гомологічні або тільки до послідовностей гена *MGT1 S. cerevisiae* чи гена *agt D. melanogaster*, або ж мають гомологічні послідовності в обох відповідних генах. Цікаво, що гомологічні послідовності трапляються не лише в різних інтронах, але і у екзонах гена *agt-1 C. elegans* (рис. 3).

```

1 ATGAAGGAACTGCTTTACTATACATTCATTGAACTGAAGTACTGGTGCATTTTTGGTG 60
  622 AAGCAACTGCTT 633                               439 CTGGTGCAT 447
                                684 ATTGAACT 692           544 CATTTTTGG 536

61 TTTAGGAAAAGACTCAAAACCTTGTTTTTGCCTCGTTAGGTAATGATAAGCTTTTTTTA 120
121 TTGGGAAAGGTGGAAGGCTTCTTGAAGAAACATGAGAAACAGGATACAATGTACGATTTA 180
181 CAGGAACTAAAAGAGGCAGAACATATAAGAAATCAATCGAAAATTATACAATATGTTTA 240
241 GAAAACAAAATGCCATTACCATCGGGCGCTATTCCCTTTGAGTTCCTGTTTGAACAGAT 300
301 TTTCACGTAAGATTGGAATGAGCTTTTAAACGTGGAACACGGCCACGTCGTAACATAT 360
                                541 AATGAGCTT 549
                                  54 TTTAAACG 47
                                563 GGAATGAG 556

361 GGTGATATTGCAAAGAGAATAGGGAAGCCAACCTGCCGCAAGATCTGTCGGAAGAGCTTGC 420
                                544 GAGCTTGC 551

421 GGCTCAAATAACCTGGCATTGTTAGTACCTTGCCATAGAATCGTTGGTAGCAATAGAAAA 480
                                267 TGTGAGTACCT 277

481 TTAACCGGATATAAATGGAGCTGTAAACTGAAAGAACAGTTATTAATAATGAAAAGGAA 540
                                212 CCGGATAT 205                                641 ATGAAAAG 648
                                360 GAACAGTT 353           370 AAGGAA

541 AATAGCTTAAGCCTTAGTAGATTGTAG
  AA 377
    
```

Рис. 1. Ділянки гомології між генами *MGT1 S. cerevisiae* та *agt D. melanogaster*. Жирним шрифтом наведено послідовності гена *agt D. melanogaster* із зазначенням координат у межах відповідного гена.

```

a) GTGAGGAAAATGAGATCCAGATTTCTGAAGTGGCTTTTGACAG
  536 AGGAAAAT 543
      539 AAAATGAG 546           33 CTGAACT 27
      371 AGGAAAA 377           479 AACTGGC 485
                                296 CAGATTT 302
                                105 CCAGATT 111
                                215 GATTTCT 209

б) GTAААТATTAATTATTTAAGTGTGCGCATCCAATGCGGCTCTTTTCAG
  531 ATTATTT 525                                417 TTGCGGCTC 425
                                400 TTGCGGC 394
                                239 CCAATTGCG 231
                                195 CTCTTTT 189
                                73 TCTTTTC 67
                                537 CTTTTCA 531
                                648 CTTTTCA 642
    
```

Рис. 2. Послідовності інтрону 1 (а) та інтрону 2 (б) гена *agt-1 C. elegans* із ділянками гомології до генів *MGT1 S. cerevisiae* (жирний шрифт) та *agt D. melanogaster* (жирний курсив) із зазначенням координат у межах відповідних генів.

Між собою інтрон 1 та інтрон 2 гена *agt-1 C. elegans* не мають гомології. Що ж до інтрону 3, то гомологія між ним та інтроном 1 становить 8 %, а з інтроном 2–15 %. В обох випадках гомологія теж має фрагментарний характер. Послідовність інтрону 3 виявляє гомологію і з екзонними послідовностями цього ж гена: з екзоном 2–11 %; екзоном 3–17 %; екзоном 4–42 %. Отже, на прикладі гена *agt-1 C. elegans* бачимо, що одні і ті ж фрагменти нуклеотидних послідовностей довжиною 7–9 п. н. можуть брати участь у формуванні різних структурних частин гена.

Аналіз інтронних послідовностей гена *mgmt D. rerio*. Ген *mgmt D rerio* (Zebrafish) має чотири інтрони (табл. 1). Їхня довжина становить 287, 2075, 81 і 675 п. н., відповідно (табл. 2). Порівнювали їхні послідовності з ін-

тронними послідовностями гена *agt-1 C. elegans*. Аналіз нуклеотидної послідовності інтрону 1 гена *mgmt D. rerio* виявив наявність гомології до усіх трьох інтронів гена *agt-1 C. elegans*. Найбільший відсоток гомології спостерігали до інтрону 3 (40 %). У випадку інтрону 1 частота гомології була незначною, лише 2 %, а з послідовністю інтрону 2 становила 22 %. Гомологічні фрагменти виявили і при порівнянні послідовності інтрону 1 з екзонами гена *agt-1 C. elegans*: з екзоном 1 – 2 %; екзоном 2 і екзоном 3 по 19 %; з екзоном 4 – 16 % гомології. Як видно із результатів, наведених на рис. 4, є ділянки, які гомологічні або до інтронних чи екзонних послідовностей гена *agt-1 C. elegans*, або ж до тих чи інших фрагментів структурних одиниць відповідного гена.

201	AACATATAAGAAATCAATCG	220		531	TGAAAAGGAAAATAGCTTAA	550
	9 AGAAATC 15		(ек.4)		120 AGGAAAA 126	(ек.2)
	26 AGAAATC 20		(ін.1)		4 AGGAAAAT 11	(ін.1)
					108 AAAAGGA 114	(ек.3)
					167 AAAAGGA 173	(ін.3)

Рис. 3. Гомологія між послідовностями гена *MGT1 S. cerevisiae* (зазначено жирним шрифтом) та інтронними чи екзонними послідовностями гена *agt-1 C. elegans*. Наведено координати послідовностей у межах відповідних генів та вказано номери інтронів та екзонів.

1	GTTTTCAGAAACATTCACAATTCTCTGCTTTAATTATTTCGCTGTAAACGTGTATGGAAT	60
	GTTTTCAGAAACATTCACAATTCTCTGCTTTAATTATTTCGCTGTAAACGTGTATGGAAT	
	GTTTTCAGAAACATTCACAATTCTCTGCTTTAATTATTTCGCTGTAAACGTGTATGGAAT	
61	СТАТТТАТТАТТТАГСТАТТТГТТААТАСГСТААТААТТТТАТКАТГАТТААСТГТСТТ	120
	СТАТТТАТТАТТТАГСТАТТТГТТААТАСГСТААТААТТТТАТКАТГАТТААСТГТСТТ	
	СТАТТТАТТАТТТАГСТАТТТГТТААТАСГСТААТААТТТТАТКАТГАТТААСТГТСТТ	
121	АТАТАТТТААСССГТТТААГТГСГТТТТТГСТТСССГТГАГСААСССГТГТГТГСГТАТГ	180
	АТАТАТТТААСССГТТТААГТГСГТТТТТГСТТСССГТГАГСААСССГТГТГТГСГТАТГ	
	АТАТАТТТААСССГТТТААГТГСГТТТТТГСТТСССГТГАГСААСССГТГТГТГСГТАТГ	
181	ТТТТГТТТАТГСАСГТГСГСАГТТГТТГТГТГСАГТАТАСГТГТГСАГСГТТГТТТТ	240
	ТТТТГТТТАТГСАСГТГСГСАГТТГТТГТГТГСАГТАТАСГТГТГСАГСГТТГТТТТ	
	ТТТТГТТТАТГСАСГТГСГСАГТТГТТГТГТГСАГТАТАСГТГТГСАГСГТТГТТТТ	
241	ТГСАТГТГТТТАССАГГГТТТГГТСАТАТАТТТГТСТТТГТГСГСАГ	
	ТГСАТГТГТТТАССАГГГТТТГГТСАТАТАТТТГТСТТТГТГСГСАГ	
	ТГСАТГТГТТТАССАГГГТТТГГТСАТАТАТТТГТСТТТГТГСГСАГ	

Рис. 4. Послідовність інтрону 1 гена *mgmt D. rerio* із зазначенням гомологічних ділянок до інтронних (жирний шрифт) та екзонних (жирний курсив) послідовностей гена *agt-1 C. elegans*.

Найдовшим серед інтронів гена *mgmt D. rerio* є інтрон 2. Як і у випадку інтрону 1, у послідовності інтрону 2 виявлено незначні фрагменти, гомологічні і до інтронних, і до екзонних послідовностей гена *agt-1 C. elegans*, зокрема, відсоток гомології щодо інтронних послідовностей становив відповідно 4 % до інтрону 1, 6 % до інтрону 2 і 9 % до інтрону 3 гомологіч-

ного гена. Таку ж фрагментарну гомологію спостерігали і для інтрону 3 та інтрону 4 гена *mgmt D. rerio*, тобто, фрагменти гомології виявлено між різними інтронами і екзонами гомологічних генів. Це можна проілюструвати на прикладі інтрону 1 (рис. 5) та екзону 1 (рис. 6) гена *agt-1 C. elegans* і фрагментарним характером гомології в інтронів гена *mgmt D. rerio*. Отже, послідо-

вності інтронів гена *mgmt D. rerio* мають фрагменти, які гомологічні до різних інтронних та екзонних послідовностей гомологічного гена *agt-1 C. elegans*. Між самими інтронами гомологічних генів протяжної гомології не виявлено.

Мобільні генетичні елементи в інтронних послідовностях досліджуваних гомологів гена MGMT. Досліджувані гени у *S. cerevisiae*, *D. melanogaster* і *C. elegans* не містять видоспецифічних МГЕ чи їхніх фрагментів. У межах інтрону 3 гена *agt-1 C. elegans* ідентифіковано дві повторювані послідовності або паліндроми CERP2 довжиною 72 і 81 п. н., що сумарно ста-

новить 57,1 % від загальної довжини інтрону.

У гені *mgmt D. rerio* виявлено послідовності п'яти видоспецифічних МГЕ. Усі вони належать до ДНК-транспозонів. Їхня частка становить 57,8 % від загальної довжини гена. Три послідовності ідентифіковано у межах інтрону 2 (рис. 7 а). Це фрагмент транспозону *EnSpm-N48B_DR*, майже повна послідовність *DNA-2-4_DR* і 1/3 ДНК-транспозону *Kolobok-N7B_DR*. Загальна довжина МГЕ становить 84 % від довжини інтрону 2. Цікаво, що послідовності *EnSpm-N48B_DR* і *DNA-2-4_DR* утворюють кластер.

а) GTGAGGAAAATGAGATCCAGATTTCTGAACTGGCTTTTGACAG
11 TTTCTGAA 4

б) GTGAGGAAAATGAGATCCAGATTTCTGAACTGGCTTTTGACAG
545 CAGATTT 1551
52 GAAAATGA 45 1719 TGAAGT 1713
546 GAGGAAAA 553 1444 TGAAGT 1438
1520 GGAAAAT 1514 238 TGAAGT 244
2050 AAAATGA 2044 689 TGGCTTT 695
1464 AATGAGA 1458 894 TTTTGAC 888
187 AATGAGA 181
891 AAAATGA 897
1142 AAAATGA 1148

в) GTGAGGAAAATGAGATCCAGATTTCTGAACTGGCTTTTGACAG
19 AAATGAG 13
30 AAATGAG 24

г) GTGAGGAAAATGAGATCCAGATTTCTGAACTGGCTTTTGACAG
347 AGGAAAA 341 605 GGCTTTT 599
44 CAGATTT 38
318 TTCTGAA 312
333 TTTTGAC 327
633 TTTTGAC 627
493 TTTGACA 499
157 TTTGACA 163

Рис. 5. Ділянки гомології між послідовністю інтрону 1 гена *agt-1 C. elegans* та інтронами гена *mgmt D. rerio*: а – інтроном 1; б – інтроном 2; в – інтроном 3; г – інтроном 4. Жирним шрифтом наведено інтронні послідовності гена *mgmt D. rerio* із зазначенням координат у межах відповідних інтронів.

а) TAGAAATGATCATCCGTGAGTGCCTATGAAGTCGTAGAGACGGATCAGGGACAG
139 AGTGCCT 145

б) TAGAAATGATCATCCGTGAGTGCCTATGAAGTCGTAGAGACGGATCAGGGACAG
869 TAGAAAT 863 1768 TATGAAG 1774 1572 GATCAGG 1566
442 AAATGAT 448 788 ATCAGGG 782

в) TAGAAATGATCATCCGTGAGTGCCTATGAAGTCGTAGAGACGGATCAGGGACAG
20 GAAAATGA 14

г) TAGAAATGATCATCCGTGAGTGCCTATGAAGTCGTAGAGACGGATCAGGGACAG
533 AAATGAT 527

Рис. 6. Ділянки гомології між послідовністю екзону 1 гена *agt-1 C. elegans* та інтронами гена *mgmt D. rerio*: а – інтроном 1; б – інтроном 2; в – інтроном 3; г – інтроном 4. Жирним шрифтом наведено інтронні послідовності гена *mgmt D. rerio* із зазначенням координат у межах відповідних інтронів.

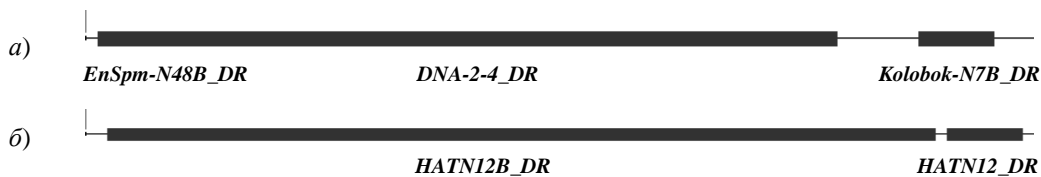


Рис. 7. ДНК-транспозони у межах інтрону 2 (а) та інтрону 4 (б) гена *mgmt D. rerio*.

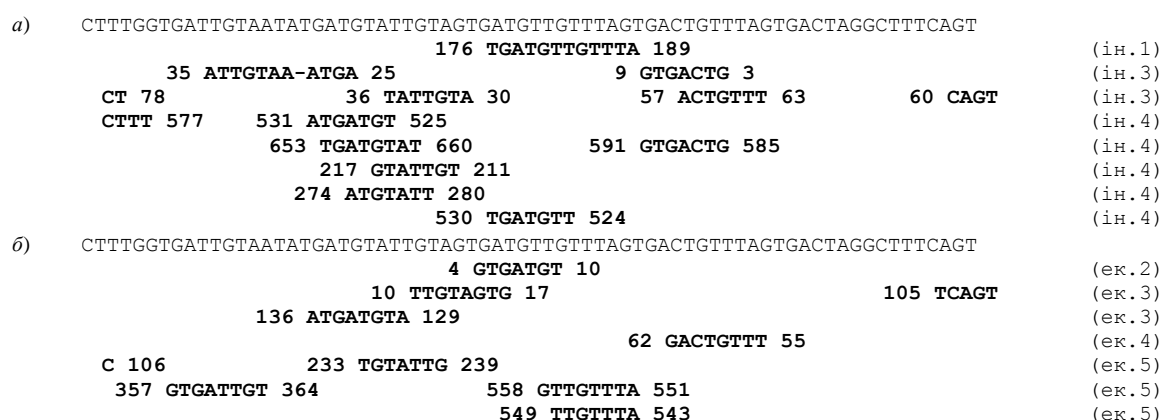


Рис. 8. Ділянка послідовності ДНК-транспозону *Kolobok-N7B_DR* у межах інтрону 2 гена *mgmt D. rerio* із зазначенням гомологічних ділянок (жирним шрифтом) до інтронних (а) та екзонних (б) послідовностей цього ж гена. Наведено координати відповідних послідовностей та вказано номери інтронів та екзонів.

В інтроні 4 виявлено дві послідовності МГЕ, які належать до hAT надродини (рис. 7 б). Це фрагмент транспозону *HATN12B_DR* і майже повна послідовність *HATN12_DR*. Загальна довжина цих МГЕ становить 95 % довжини інтрону 4.

Крім видоспецифічних МГЕ, у межах інтрону 1 і екзону 2 ідентифіковано фрагмент ДНК-транспозону ланцетника *Sola3-1_BF*.

Аналіз ДНК-транспозонів показав наявність у них послідовностей, які мають гомологічні ділянки як в інтронах, так і в екзонах гена *mgmt D. rerio*. Для прикладу на рис. 8 наведено ділянку послідовності ДНК-транспозону *Kolobok-N7B_DR* із інтрону 2.

Питання про зв'язок між інтронами і МГЕ обговорюється давно [12–14]. Є експериментальні підтвердження, що МГЕ генерують нові інтронні послідовності у різних організмів [15–

19]. Але як виникли самі МГЕ? Узагальнюючи одержані результати, висловлюємо припущення, що формування структурних одиниць гена (екзонів та інтронів) і МГЕ можуть відбуватися через рекомбінаційні події. Чому на цьому етапі еволюція такого гена не узгоджується із еволюцією організмів, адже *D. melanogaster* стоїть на еволюційно вищому рівні, ніж *C. elegans*? Чи пов'язано це із можливою втратою інтронів [20, 21], чи причини інші і потребують подальших досліджень.

Висновки

На прикладі послідовностей безінтронних генів *MGT1 S. cerevisiae* і *agt D. melanogaster* та гомологічних генів, які мають інтрони *agt-1 C. elegans* і *mgmt D. rerio*, висловлено припущення про рекомбіногенний характер формування сплайсосомних інтронів.

Література

1. Rogozin I.B., Carmel L., Csuros M., Koonin E.V. Origin and evolution of spliceosomal introns // Biol. Direct. – 2012. – № 7. – P. 11. doi: 10.1186/1745-6150-7-11.
2. Jo B.S., Choi S.S. Introns: The Functional Benefits of Introns in Genomes // Genomics Inform. – 2015. – V. 13, № 4. – P. 112–118. doi: 10.5808/GI.2015.13.4.112.
3. Darnell J.E., Doolittle W.F. Speculations on the early course of evolution // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. – 1986. – V. 83, № 5. – P. 1271–1275.
4. Gilbert W. Origin of life: The RNA world // Nature. – 1986. – 319. – P. 618.
5. Cavalier-Smith T. Intron phylogeny: a new hypothesis // Trends Genet. – 1991. – V. 7, № 5. – P. 145–148.
6. Mattick J.S. Introns: evolution and function // Curr. Opin. Genet. Dev. – 1994. – V. 4, № 6. – P. 823–831.
7. Fedorova L., Fedorov A. Introns in gene evolution // Genetica. – 2003. – V. 118, № 2–3. – P. 123–131.
8. Rogozin I.B., Wolf Y.I., Sorokin A.V., Mirkin B.G., Koonin E.V. Remarkable interkingdom conservation of intron positions and massive, lineage-specific intron loss and gain in eukaryotic evolution // Curr. Biol. – 2003. – V. 13, № 17. – P. 1512–1517.
9. Koonin E.V. The origin of introns and their role in eukaryogenesis: a compromise solution to the introns-early versus introns-late debate? // Biol. Direct. – 2006. – V. 14, № 1. – P. 22.
10. Toro N., Jiménez-Zurdo J.I., García-Rodríguez F.M. Bacterial group II introns: not just splicing // FEMS Microbiol Rev. – 2007. – V. 31, № 3. – P. 342–358.

11. Keating K.S., Toor N., Perlman P.S., Pyle A.M. A structural analysis of the group II intron active site and implications for the spliceosome // *RNA*. – 2010. – V. 16, № 1. – P. 1–9. doi: 10.1261/rna.1791310.
12. Hickey D.A., Benkel B. Introns as relict retrotransposons: implications for the evolutionary origin of eukaryotic mRNA splicing mechanisms // *J. Theor. Biol.* – 1986. – V. 121, № 3. – P. 283–291.
13. Purugganan M.D. Transposable elements as introns: evolutionary connections // *Trends Ecol. Evol.* – 1993. – V. 8, № 7. – P. 239–243.
14. Roy S.W. The origin of recent introns: transposons? // *Genome Biol.* – 2004. – V. 5, № 12. – P. 251.
15. Menssen A., Höhmann S., Martin W., Schnable P.S., Peterson P.A., Saedler H., Gierl A. The En/Spm transposable element of *Zea mays* contains splice sites at the termini generating a novel intron from a dSpm element in the A2 gene // *EMBO J.* – 1990. – V. 9, № 10. – P. 3051–3057.
16. Giroux M.J., Clancy M., Baier J., Ingham L., McCarty D., Hannah L.C. De novo synthesis of an intron by the maize transposable element Dissociation // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. – 1994. – V. 91, № 25. – P. 12150–12154.
17. Iwamoto M., Maekawwa M., Saito A., Higo H., Higo K. Evolutionary relationship of plant catalase genes inferred from exon-intron structures: isozyme divergence after the separation of monocots and dicots // *Theor. Appl. Genet.* – 1998. – V. 97. – P. 9–19.
18. Nouaud D., Boëda B., Levy L., Anxolabéhère D.A. P element has induced intron formation in *Drosophila* // *Mol. Biol. Evol.* – 1999. – V. 16, № 11. – P. 1503–1510.
19. Huff J.T., Zilberman D., Roy S.W. Mechanism for DNA transposons to generate introns on genomic scales // *Nature*. – 2016. – V. 538, № 7626. – P. 533–536. doi: 10.1038/nature20110.
20. Carmel L., Wolf Y.I., Rogozin I.B., Koonin E.V. Three distinct modes of intron dynamics in the evolution of eukaryotes // *Genome Res.* – 2007. – V. 17, № 7. – P. 1034–1044.
21. Csuros M., Rogozin I.B., Koonin E.V. A detailed history of intron-rich eukaryotic ancestors inferred from a global survey of 100 complete genomes // *PLoS ComputBiol.* – 2011. – V. 7, № 9. – e1002150. doi: 10.1371/journal.pcbi.100215.

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, e-mail: pidpala@ukr.net

RECOMBINATIONAL ORIGIN OF THE NUCLEAR INTRONS

Aim. It has been analyzed the intron sequences homologs O⁶-methylguanin-DNA methyltransferase (*MGMT*, *AGT*) genes on the early stages of their formation in eukaryotic organisms. **Methods.** Homologous regions have been defined by the program *BLASTN 2.6.1*. Searching and identifying of the MGEs have been realized by using *CENSOR*. **Results.** It has been found that same homologous fragments without introns genes *MGT1 S. cerevisiae* and *agt D. melanogaster* may be take part in the formation of different structure part of the *agt-1 C. elegans* gene. Also it has been found the fragments of homology between various introns and exons of the *agt-1 C. elegans* and *mgmt D. rerio* genes. **Conclusions.** The obtained results allow suggested about recombinogenic nature of the formation of spliceosomal introns. **Keywords:** O⁶-methylguanin-DNA methyltransferase (*MGMT* or *AGT*) gene homologs, spliceosomal introns, origin of introns, mobile genetic elements (MGEs), recombinationogenesis.