

Популяционная геномика “спящей” хирономиды (*Polypedilum vanderplanki*)**Научный руководитель – Базыкин Георгий Александрович*****Шайхутдинов Нурислам Маратович****Студент (магистр)*

Сколковский институт науки и технологий, Москва, Россия

E-mail: nurislam.schahutdinov@yandex.ru

Изучение экстремофилов является активно развивающимся направлением в современной биологии, так как полученные знания позволяют понять эволюционные адаптации экстремофилов к экстремальным условиям среды, а также могут быть применены в биотехнологии. Личиночная стадия комара-звонца (*Polypedilum vanderplanki*) из семейства *Chironomidae* способна переживать засуху в состоянии полного обезвоживания (ангидробиоз) и возвращаться к активной жизнедеятельности после регидратации. При сравнительном анализе геномов высыхающего комара и родственного вида, не способного к ангидробиозу (*P. nubifer*), были выявлены следующие особенности генома *P. vanderplanki*: мультипликация генов, повышающие экспрессию в ответ на высыхание, организованные в так называемые “островки ангидробиоза”; малый размер генома (120 Мб); низкий GC состав (около 28%) [1]. Наиболее дуплицированы гены, связанные с антиоксидантной системой комара (тиоредоксины), участвующие в защите белков во время высыхания (Lea-белки) и гены ферментов, участвующих в репарации аминокислот белков (L-изоаспарат-метил-трансфераз). Используя методы популяционной геномики и эволюционного анализа можно лучше понять биологию экстремофильных организмов и эволюцию генов, участвующих в развитии ангидробиоза.

Мы провели анализ данных полногеномного секвенирования пулов особей из 6 популяций *P. vanderplanki* в северной части Нигерии. Анализ генетической структуры популяций показал сильную подразделенность северных и южных популяций комара, которые имеют сильно выраженную кластеризацию в соответствии с географической локализацией, то есть северные и южные популяции генетически изолированы ($F_{ST} = 0.4 - 0.5$). Сканирование генетической дифференциации популяций в режиме скользящих окон показало наличие области значительной генетической вариабельности в правом плече второй хромосомы, что вероятно связано с отсутствием кроссинговера вследствие большой парацентрической инверсии по данным кариологии комара [2].

Мы провели поиск свидетельств недавнего положительного отбора методом анализа соотношений частот несинонимичных и синонимичных полиморфизмов (Pn/Ps) для двух выборок генов, задействованных в развитии ангидробиоза и генов с высокой экспрессией в ответ на высыхание личинки комара для которых отсутствует достоверное участие в ангидробиозе. Для большинства генов из этих выборок мы не нашли сигнала недавнего положительного отбора. Это свидетельствует о том, что мультиплицированные гены комара разошлись давно, что подтверждается филогенией паралога популяций комара.

Источники и литература

- 1) Gusev O. A. et. al. Comparative genome sequencing reveals genomic signature of extreme desiccation tolerance in the anhydrobiotic midge // Nature Communications. 2014. V.5. I.4784.

- 2) Petrova N.A. et. al. Karyotypical characteristics of two allopatric African populations of anhydrobiotic *Polypedilum* Kiefer, 1912 (Diptera, Chironomidae) originating from Nigeria and Malawi // Comparative Cytogenetics. 2015. V.9. I.2. P. 173–188.