

**Изучение диапаузы яиц *Daphnia magna*****Научный руководитель – Галимов Ян Рудольфович*****Попов Алексей Алексеевич****Студент (специалист)*

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Москва, Россия

*E-mail: Pora\_5\_1@mail.ru*

Диапауза - состояние, характеризующееся торможением метаболизма и задержкой развития, которое наступает в ответ на сигналы о неблагоприятных условиях окружающей среды[1]. Изучение молекулярных механизмов диапаузы обуславливается необходимостью борьбы с насекомыми - вредителями сельского хозяйства и возможностью применять полученные результаты в медицине для лечения болезней, имеющих схожие механизмы. Понимание процесса может вести к прогрессу в области космической биологии, в частности, к новым разработкам, связанным с гибернацией живых организмов.

Ведётся поиск модельных организмов, подходящих для изучения данного процесса. Одним из таких организмов являются веслоногие ракообразные *Daphnia magna*, яйца которых способны находиться в диапаузе при заморозке в течение сотен лет[2].

Основной целью данного исследования являлся поиск и изучение молекулярных механизмов диапаузы яиц *D. magna*. В частности нас интересовал механизм выхода яиц из диапаузы.

Изначальная гипотеза заключалась в том, что данный процесс регулируется белками. Для проверки гипотезы был произведён анализ дифференциальной экспрессии генов яиц, находящихся в состоянии 0, 7, 30, 90 дней заморозки, так как в ходе предшествующих экспериментов было отмечено, что от длительности заморозки зависит процент особей, успешно вышедших из диапаузы. В результате анализа транскриптома были выявлены заметные различия между количеством чтений различных генов, что свидетельствует о том, что белки или РНК могут быть вовлечены в данный процесс. Было отмечено уменьшение общего количество чтений в библиотеках, что может говорить о разрушении материнской РНК.

Был произведён поиск коэкспрессирующихся генов. Было обнаружено четыре кластера генов со сходными закономерностями экспрессии. Построены профили экспрессии для данных групп генов. Для дальнейшего анализа было произведено GO аннотирование протеома *D. magna* по протеому *D. melanogaster*. Также использовался InterProScan для поиска терминов по структуре белков. В результате анализа на насыщенность выявлены группы терминов, преобладающие в каждом из кластеров. Эти группы могут быть использованы для дальнейшего углубления и более низкоуровневого поиска путей, связанных с протеканием диапаузы. Помимо описанного подхода ведётся литературный анализ функций белков для поиска отправных точек сборки путей регуляции данного процесса.

После нахождения кандидатных генов планируется также произвести сравнение их в различных популяциях *D. magna*, так как популяции имеют различные оптимумы условий для выхода из яиц[3] и возможно наличие связи между этими факторами.

**Источники и литература**

- 1) Chapman R.F., The Insects; Structure and Function, 4th Edition. Cambridge University Press, 1998. С. 403.
- 2) Frisch D. et al. A millennial-scale chronicle of evolutionary responses to cultural eutrophication in *Daphnia* // Ecology letters. – 2014. – Т. 17. – №. 3. – С. 360-368.

- 3) Schwartz S. S., Hebert P. D. N. Methods for the activation of the resting eggs of *Daphnia*  
// *Freshwater Biology*. – 1987. – Т. 17. – №. 2. – С. 373-379.