

## Сборка *de novo* и анализ транскриптомов погонофоры *Siboglinum fiordicum* на разных стадиях жизненного цикла

Научный руководитель – Нестеренко Максим Алексеевич

Охтиенко А.С.<sup>1</sup>, Уразбахтин Ш.З.<sup>2</sup>, Данилов Л.Г.<sup>3</sup>

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра молекулярной биологии, Москва, Россия, *E-mail*: *oxtienkoanastasia@gmail.com*; 2 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра биоинженерии, Москва, Россия, *E-mail*: *shamil.utaraptor@gmail.com*; 3 - Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет, Санкт-Петербург, Россия, *E-mail*: *lavrentydanilov@gmail.com*

Одними из самых необычных представителей Annelida являются погонофоры - глупоководные черви, лишенные привычной пищеварительной системы, питающиеся за счет симбиотических бактерий и обладающие ярко выраженной гетерономной сегментацией [3][4]. Целью нашей работы являлось исследование молекулярных основ сегментации погонофоры *Siboglinum fiordicum* с использованием транскриптомных данных разных этапов жизненного цикла.

Мы провели *de novo* сборку справочного транскриптома на подготовленных и объединенных парных RNA-seq библиотеках трохофор трех возрастов, значительно различающихся по морфологии (у Т3 нет септы и щупалец, на стадии Т4 происходит формирование септы, а Т5 обладает почкой щупалец), и взрослого организма. Удалив возможную контаминацию, мы сфокусировали свое внимание на анализе 26 тыс. белок-кодирующих генов, имеющих значимую экспрессию как минимум на одной стадии цикла. Сравнение с другими видами Annelida позволило выделить 55392 ортогруппы, примерно половина из которых видоспецифичны. Согласно результатам анализа дифференциальной экспрессии, большинство генов (15077) не только существенно изменяют свою экспрессию в ходе жизненного цикла погонофоры, но и образуют 11 кластеров ко-экспрессии.

Результаты анализа обогащения по функциональной принадлежности на основе терминов Gene Ontology (GO) позволили нам описать биологические процессы, активные на разных стадиях цикла и связанные с кластерами ко-экспрессии. В числе биологических процессов, «обогащенных» на личиночных стадиях, были обнаружены GO-термины, связанные с развитием, сегментацией и регионализацией. Также нами был проведен филогенетический анализ [1] генов исследуемого вида, с целью оценить эволюционные возрасты транскриптомов. Мы обнаружили, что гены, экспрессируемые на стадиях Т3 и Т5, являются, в среднем, эволюционно более молодыми, чем гены, активные на стадии взрослой особи и, что неожиданно, Т4. Мы предполагаем, что различия между стадиями могут быть связаны с постэмбриональным формированием специфичных для семейства и вида черт, таких, например, как особенности развития нервной системы [2].

Результаты проведенного сравнительного анализа транскриптомов позволили не только предположить молекулярные основы сегментации погонофоры *S. fiordicum*, но и приблизиться к пониманию молекулярных различий между разными стадиями цикла.

### Источники и литература

- 1) Domazet-Lošo T., Brajković J., Tautz D. A phylostratigraphy approach to uncover the genomic history of major adaptations in metazoan lineages // Trends in Genetics. 2007. Т. 23. №. 11. С. 533-539

- 2) Fernández R., Gabaldón T. Gene gain and loss across the metazoan tree of life // Nature Ecology & Evolution. 2020. Т. 4. №. 4. С. 524-533
- 3) Southward E. C., Schulze A., Gardiner S. L. Pogonophora (Annelida): form and function // Morphology, molecules, evolution and phylogeny in polychaeta and related taxa. Springer, Dordrecht, 2005. С. 227-251.
- 4) Struck T. H. et al. Phylogenomic analyses unravel annelid evolution // Nature. 2011. Т. 471. №. 7336. С. 95-98