

**Редукция редактируемых доменов приводит к сокращению репертуара
миниколец *Wallacemonas***

Научный руководитель – Герасимов Евгений Сергеевич

Афонин Дмитрий Алексеевич

Студент (магистр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра молекулярной биологии, Москва, Россия

E-mail: afonin.dmitry.2015@post.bio.msu.ru

Род *Wallacemonas* - моноксенные паразиты насекомых, - относительно недавно описанная группа в большом семействе *Trypanosomatidae*. Одной из уникальных черт трипаносоматид является чрезвычайно сложный митохондриальный геном, представленный кинетопластом - сетью переплетенных кольцевых молекул двух размерных типов, называемых макси- и миниколецями.

Максиколеця кодируют около 18 генов компонентов дыхательной цепи и митобиромы, более половины из которых представлены криптогенами, чьи транскрипты требуют дополнительного уридилкового редактирования. Процесс созревания функциональных мРНК регулируются с помощью гидовых РНК (гРНК) [3], гены которых расположены в миниколецях.

Род *Wallacemonas* отличается тем, что большая часть его генов, например, ND8, не нуждается в редактировании [2]. Эта особенность, вероятнее всего, возникла именно у *Wallacemonas*, так как у представителей базальных по отношению к роду филогенетических групп ND8 является криптогеном [2]. Случаи редукции редактирования (как и его возникновения) довольно редки и крайне интересны с эволюционной точки зрения.

Исчерпывающим образом охарактеризованы лишь два кинетопластных генома диксенных видов: *Leishmania tarentolae* [5] и *Trypanosoma brucei* [1], - популяции мини- и максиколец которых оказались крайне гетерогенными. В типичном случае несколько тысяч миниколец размером до 1 т.п.н. кодируют около 300 гРНК, обеспечивая потребность клетки в редактировании 10 из 18 генов.

В данной работе нами был собран и аннотирован полный кинетопластный геном изолята *Wallacemonas sp. Wsd*. Используя инструментарий, разработанный нами ранее [3], мы показали, что вместе с реверсией криптогена к гену происходит реорганизация генома гидовых РНК, сопровождающаяся множественной утратой миниколец. Продемонстрирована миграция генов гРНК ND8 из утраченных миниколец в некодирующую (дивергентную) область максиколеця, структура которой оказалась уникальной среди известных ранее трипаносоматид [4].

Источники и литература

- 1) Cooper S. [и др.]. Assembly and annotation of the mitochondrial minicircle genome of a differentiation-competent strain of *Trypanosoma brucei* // Nucleic acids research. 2019. № 21 (47). С. 11304–11325.
- 2) Gerasimov E.S. [и др.]. From cryptogene to gene? ND8 editing domain reduction in insect trypanosomatids // European Journal of Protistology. 2012. № 3 (48). С. 185–193.
- 3) Gerasimov E.S. [и др.]. Trypanosomatid mitochondrial RNA editing: Dramatically complex transcript repertoires revealed with a dedicated mapping tool // Nucleic Acids Research. 2018. № 2 (46). С. 765–781.

- 4) Gerasimov E.S. [и др.]. Common Structural Patterns in the Maxicircle Divergent Region of Trypanosomatidae // Pathogens. 2020. № 2 (9). С. 100.
- 5) Simpson L. [и др.]. Comparison of the mitochondrial genomes and steady state transcriptomes of two strains of the trypanosomatid parasite, leishmania tarentolae // PLoS Neglected Tropical Diseases. 2015. № 7 (9). С. 1–35.