

**Поиск и характеристика точек разрывов полиморфной инверсии 2R1 у *Anopheles messeae* s.l., ассоциированной с адаптацией к низким температурам**

**Научный руководитель – Артёмов Глеб Николаевич**

**Глухова Алиса Александровна**

*Студент (магистр)*

Национальный исследовательский Томский государственный университет, Томск, Россия

*E-mail: richard.nilson@mail.ru*

**Глухова А.А., Артёмов Г.Н.**

*Студент, 2 курс магистратуры*

*Лаборатория экологии, генетики и охраны окружающей среды, Национальный исследовательский Томский государственный университет, Томск, Россия*

*E-mail: <mailto:richard.nilson@mail.ru>*

Малярийные комары *Anopheles* подгруппе *Maculipennis* представляют собой обширную группу двукрылых насекомых, переносчиков малярии. Вид *An. messeae* s.l. имеет широкое распространение в бореальной области Палеарктики и характеризуется наличием пяти полиморфных инверсий в геноме [1]. Клинальная изменчивость инверсии 2R1 направленная с севера на юг, может обуславливать участие в адаптивной приспособленности особей к более холодному климату. Целью работы стал поиск точек разрывов полиморфной инверсии 2R1 и поиск возможной связи генов, расположенных в их окрестности, с адаптацией к суровым климатическим условиям Сибири у *An. messeae* s.l.

Геном *An. messeae* не секвенирован, но порядок генов в стандартном варианте 2R0 у *An. messeae* совпадает с близкородственным *An. atroparvus*. Положение точек разрыва инверсии 2R1 определяли по геномной карте *An. atroparvus* [2] путем мечения и флуоресцентной *in situ* гибридизации (FISH) ген-специфичных ДНК-зондов с препаратами поли-тенных хромосом *An. messeae*. Таким образом с точностью около 100 тыс. п. н. удалось определить положение точек разрыва 2R1: одна 12,494-12,607 млн. п. н., другая 36,546-36,620 млн. п. н.

Проведен поиск генов, связанных с адаптацией к низким температурам и диапаузе у *Culex* и *Aedes* относительно точек разрывов инверсии 2R1 на карте *An. atroparvus*. Одна из точек разрыва инверсии 2R1, расположенная ближе к центромере, содержит больше ортологов генов *Aedes albopictus* связанных с инвазией в умеренные широты [3] и с адаптацией к низким температурам [4]. Тогда как гены, связанные с метаболизмом жира у *Culex pipiens*, наоборот доминируют в центральной части инверсии и в теломерной половине плеча [4].

Окрестности точек разрывов инверсии 2R1 в геноме *An. atroparvus* обогащены генами, ассоциированными с метаболическими процессами, приводящим к развитию диапаузы по результатам анализа геномной онтологии (GO:0015980, 0006091, 0045333, 0006508, 0070011, 0005996, 0019318, 0006006, 0019842, 0046983).

Полученные данные демонстрируют, что адаптивные свойства инверсии 2R1 могут быть связаны с эффектом положения генов, находящихся в окрестности точек разрывов.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ №18-34-20106.

#### **Источники и литература**

- 1) 1. Стегний В. Н. Системная реорганизация генома при видообразовании // Проблемы генетики и теории эволюции. Новосибирск, 1991. С. 242–252.

- 2) 2. Artemov, G. N. [et al.]. Partial-arm translocations in evolution of malaria mosquitoes revealed by high-coverage physical mapping of the *Anopheles atroparvus* genome // BMC Genomics. 2018, №19 (1).
- 3) 3. Poelchau, M. F. [et al.]. Deep sequencing reveals complex mechanisms of diapause preparation in the invasive mosquito, *Aedes albopictus* // Proc. Biol. Sci. 2013.
- 4) 4. Sherpa, S. [et al.]. Cold adaptation in the Asian tiger mosquito's native range precedes its invasion success in temperate regions // Evolution. 2019, №73 (9). p. 1793–1808.
- 5) 5. Sim, C., and David L. D. Transcription profiling and regulation of fat metabolism genes in diapausing adults of the mosquito *Culex pipiens* // Physiological Genomics. 2009, №39 (3). p. 202–9.