

Роль генных дупликаций в видообразовании байкальских бокоплавов

Научный руководитель – Спирин Сергей Александрович

Коробицын Яков Дмитриевич

Студент (специалист)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

E-mail: yakovkorobitsyn@gmail.com

Бокоплавы озера Байкал насчитывают 350 видов (20% от всего разнообразия пресноводных амфипод) и представляют собой одну из крупнейших вспышек видообразования в мире [4]. Наравне с широко известными африканскими цихлидами [3] и галапагосскими выюрами [2], бокоплавы озера Байкал - хрестоматийный пример взрывного видообразования, причины которого до сих пор остаются предметом острой научной дискуссии. Размер геномов байкальских бокоплавов варьирует в диапазоне от 4 до 16 Gbp, многократно изменяясь в различных филогенетических линиях без изменения числа хромосом [1]. Мы предполагаем, что изменчивость размера генома связана с появлением множественных генных дупликаций, оказавших определяющий эффект на адаптивную радиацию группы.

Для проверки этой гипотезы мы произвели сборку геномов двух видов байкальских бокоплавов, основанную на длинных чтениях (Pacbio HiFi и ONT), таким образом впервые уверенно разделив паралоги. Исследуя изменения копийности генов, мы определили функциональные группы, ответственные за адаптацию к новым экологическим нишам, и вероятно лежащие в основе видообразования группы.

Источники и литература

- 1) Дроздова П.Б. и др. Байкальские амфиподы и их геномы, большие и малые // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2024. Том 28, № 3
- 2) Sangeet Lamichhaney et al. Evolution of Darwin's finches and their beaks revealed by genome sequencing // Nature. 2015. Vol. 518, P. 371–375
- 3) Matthew D. McGee et al. The ecological and genomic basis of explosive adaptive radiation // Nature. 2020. Vol. 586, P. 75–79
- 4) Sergey A. Naumenko et al. Transcriptome-based phylogeny of endemic Lake Baikal amphipod species flock: fast speciation accompanied by frequent episodes of positive selection // Molecular Ecology. 2017. Vol. 26, № 2, P. 536–553