

Поиск сигналов естественного отбора в пластомах растений рода *Allium*

Научный руководитель – Сперанская Анна Сергеевна

Никитин Павел Андреевич

Студент (специалист)

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

E-mail: niki4pingvi@mail.ru

Руководитель: Анна Сергеевна Сперанская, Денис Валерьевич Поздышев.

Работа выполнена коллективно, в соавторстве и при непосредственных консультациях Виктории Александровны Скобеевой, Ильи Витальевича Артюшина, Анастасии Александровны Криницыной, Максима Игоревича Антипина.

Подсемейство *Allioideae* семейства *Amaryllidaceae* представляет собой распространенную почти по всему земному шару группу растений, играющую важную роль в экологической организации сообществ и в сельском хозяйстве.

Настоящая работа предлагает исследование микроэволюционных процессов пластидных геномов представителей подсемейства Луковые. Проведено множественное выравнивание (с помощью MAFFT) последовательностей cpDNA 38 видов рода *Allium* и 11 других представителей семейства *Amaryllidaceae* (в качестве аутгруппы), как полученных ранее в лаборатории, так и из базы данных GenBank. На основании выравнивания было построено филогенетическое дерево (с помощью IQ-Tree2). С помощью биоинформатических методов была получена информация об относительной длине ветвей дерева (в блоках фиксированной длины в выравнивании); соотношении dN/dS (для оценки баланса между нейтральными мутациями, очищающим отбором и полезными мутациями); были определены сайты, находящиеся под отбором с помощью aBSREL (adaptive Branch-Site Random Effects Likelihood); FUBAR (Fast Unconstrained Bayesian Approximation) и MEME (Mixed Effects Model of Evolution).

В результате были установлены гены, для которых разные независимые методы показывают существование естественного отбора. Под положительным отбором оказались совершенно разные гены: гены домашнего хозяйства, такие как субъединица ацетил-КоА карбоксилазы (*accD*), белок созревания цитохрома C (*ccsA*), рибосомальные белки (*rpl16*, *rpl20*, *rps16*), субъединицы пластидной РНК-полимеразы (*rpoA*, *rpoB*), матураза K (*matK*), гены отвечающие за производство белков, связанных с процессом фотосинтеза, а именно: кодирующие НАДН-дегидрогеназный комплекс хлоропластов (*ndh*), белок второй фотосистемы (*psbM*), субъединица RuBisCO (*rbcL*), а также белки с неизвестной на данный момент функцией (*ycf1*, *ycf2*). Также некоторые из перечисленных генов в пластомах целого ряда видов *Allium* потеряли функциональность, превратившись в псевдогены (*infA*, *ccsA*, *rps2* и *rps16*).

Мы предполагаем, что отбор в перечисленных генах свидетельствует о связи этих генов с адаптацией растений к условиям обитания в природе. Например, НАДН-дегидрогеназный комплекс, кодируемый генами *ndh* обеспечивает растению циклический транспорт электронов в условиях невысокой освещенности и обеспечивает большую устойчивость растения к условиям обитания, связанных с окислительным стрессом (например, к условиям обитания в горах, характеризующихся интенсивным светом и УФ-излучением, быстрой смене температурного режима и экстремальными значениями температур).

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 18-04-01203.

Источники и литература

- 1) Daniell, H., Lin, C.-S., Yu, M., Chang, W.-J., 2016. Chloroplast genomes: diversity, evolution, and applications in genetic engineering. *Genome Biol* 17, 134. <https://doi.org/10.1186/s13059-016-1004-2>
- 2) Friesen, N., Fritsch, R.M., Blattner, F.R., 2006. Phylogeny and New Intrageneric Classification of *Allium* (Alliaceae) Based on Nuclear Ribosomal DNA ITS Sequences. *Aliso: A Journal of Systematic and Evolutionary Botany* 22, 372–395.
- 3) Martín, M., Sabater, B., 2010. Plastid *ndh* genes in plant evolution. *Plant Physiology and Biochemistry* 48, 636–645. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2010.04.009>