

Естественный отбор и нейтральная эволюция в митохондриальной ДНК различных групп животных

Научный руководитель:
Андрей Юрченко

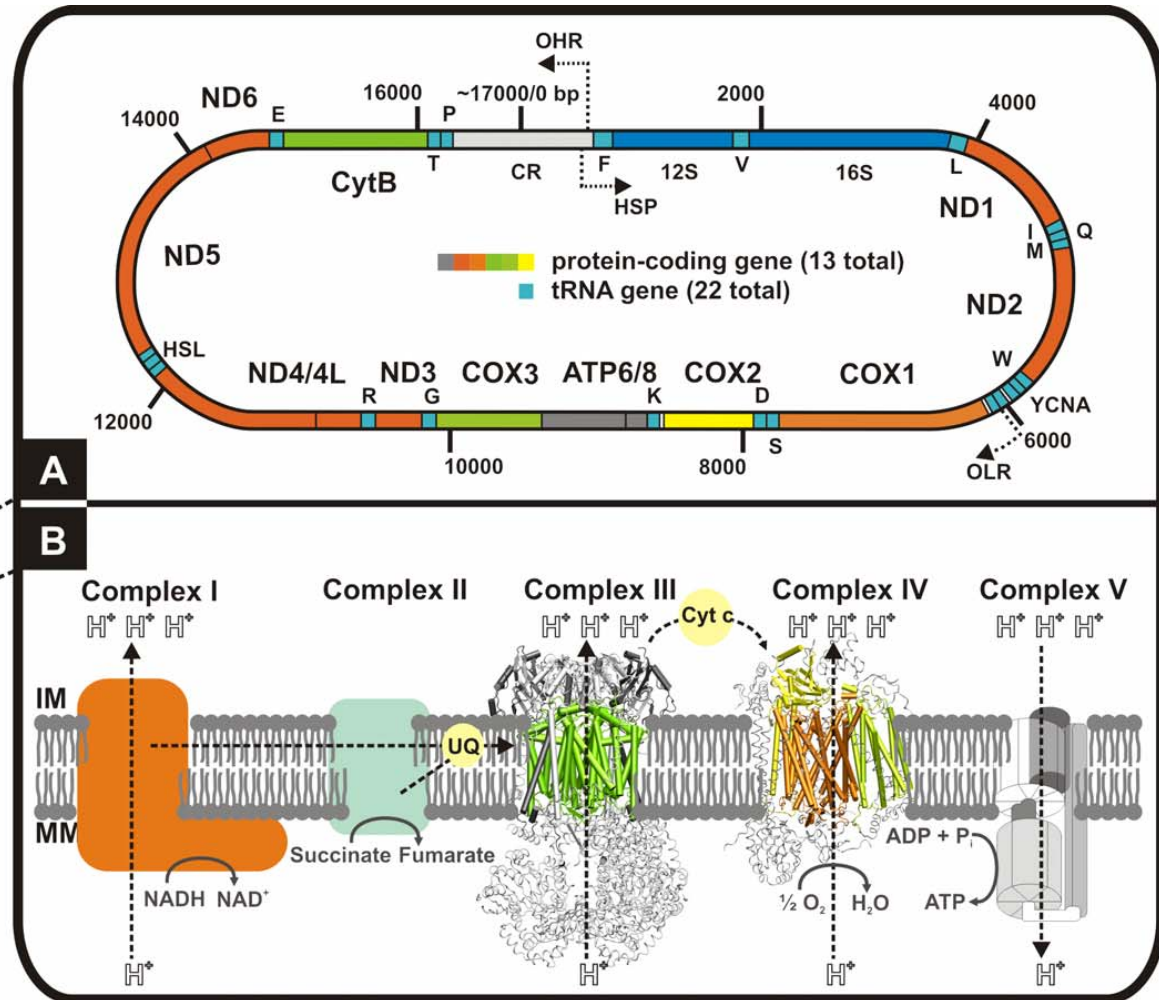
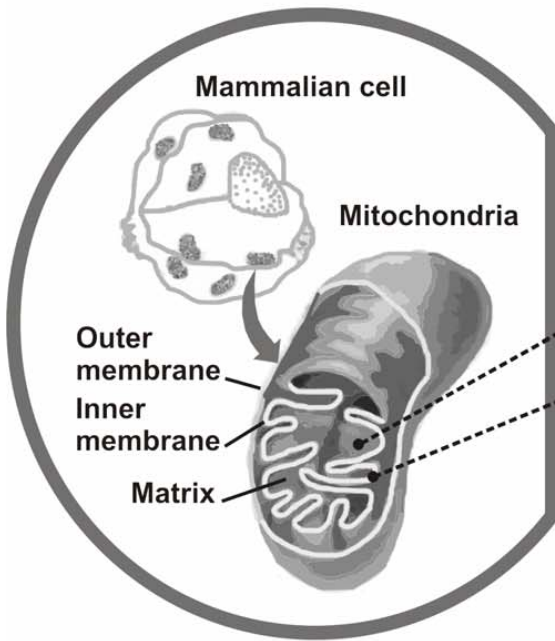
Цель работы

Выявить и проанализировать генетические особенности эволюции мтДНК

Особенности мтДНК

1. Гаплоидная
2. Одна кольцевая молекула
3. Отсутствует регулярная рекомбинация
4. Наследование по материнской линии (существуют регулярные отклонения)
5. Менее эффективные системы репарации
6. Находится под воздействием окислительного стресса
7. Низкая эффективная численность

Митохондрии и митохондриальная ДНК



Основные задачи

1. Поиск в базах данных полных митохондриальных геномов различных животных (Genbank, MetAmiga)
2. Выравнивание 13-ти белок кодирующих (по кодонам) и рРНК генов
3. Построение деревьев по суммарному выравниванию в **raxml** и **examl**
4. Анализ соотношения числа несинонимичных замен к синонимичным (признаки отбора) на межвидовом уровне PAML (FUBAR) dN/dS
5. Сбор биологических данных (масса тела, продолжительность жизни, плодовитость, относительная численность и др.) по каждому виду, включенному в анализ.
6. Поиск закономерностей между биологическими особенностями видов и выявленными генетическими особенностями эволюции мтДНК

Рассматриваемый таксон — Actinopterygii (Лучеперые рыбы)

Почему именно Actinopterygii?

1. много секвенированных митохондриальных геномов (**>3300** геномов и **>1400** видов)
2. есть хорошая база биологических данных — **Fishbase**
3. слабо изучен отбор в мтДНК (по сравнению с млекопитающими)

Пайплайн

Полные МТ геномы
(Genbank)

~~Гибриды
и неопределенные до вида~~

Случайная выборка
(один геном на вид)

Выборки по отрядам

Единая выборка

Белок-кодирующие гены (13)

Гены рРНК (2)

Выравнивание по кодонам

MAFFT

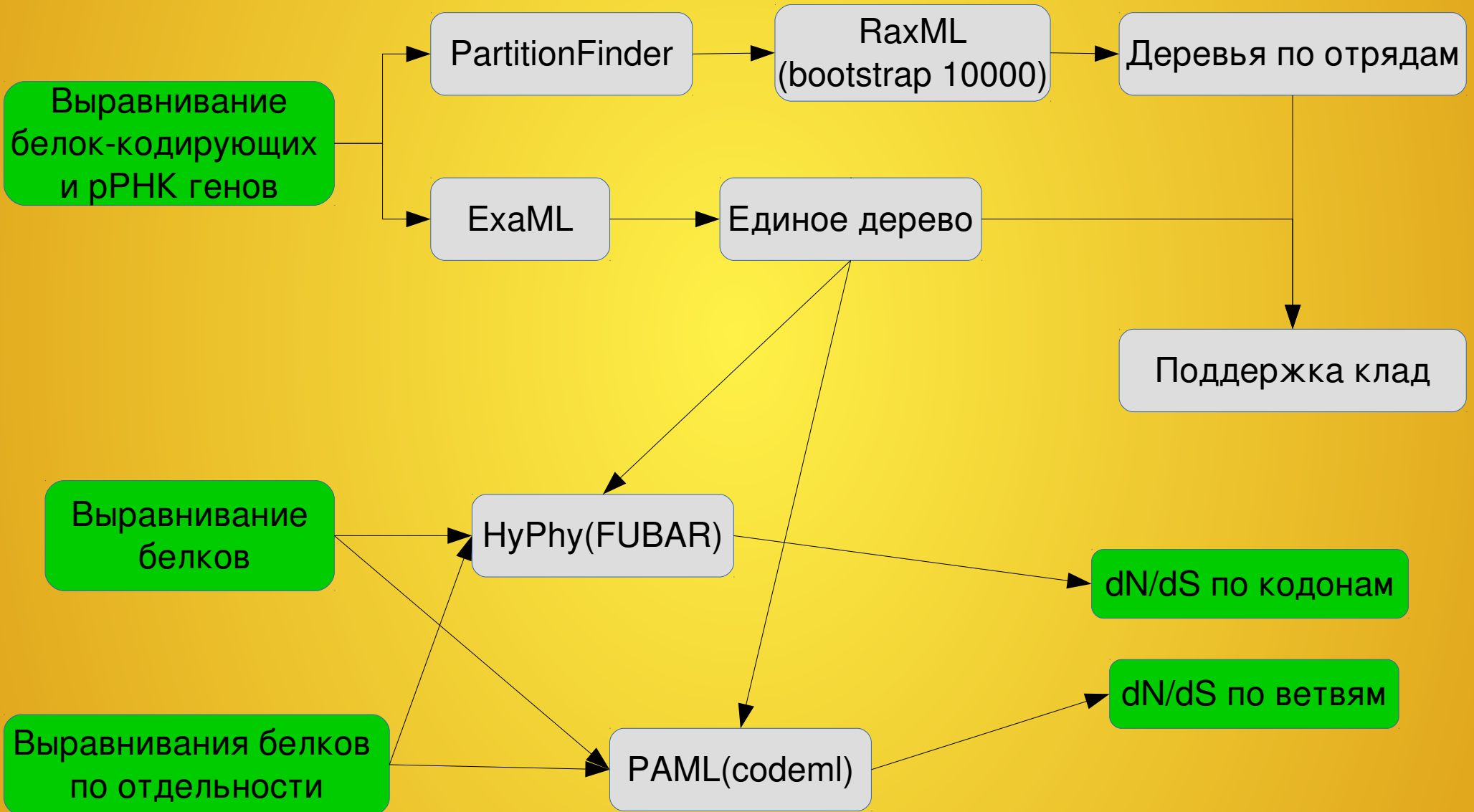
Выравнивание

Выравнивания белков
по отдельности

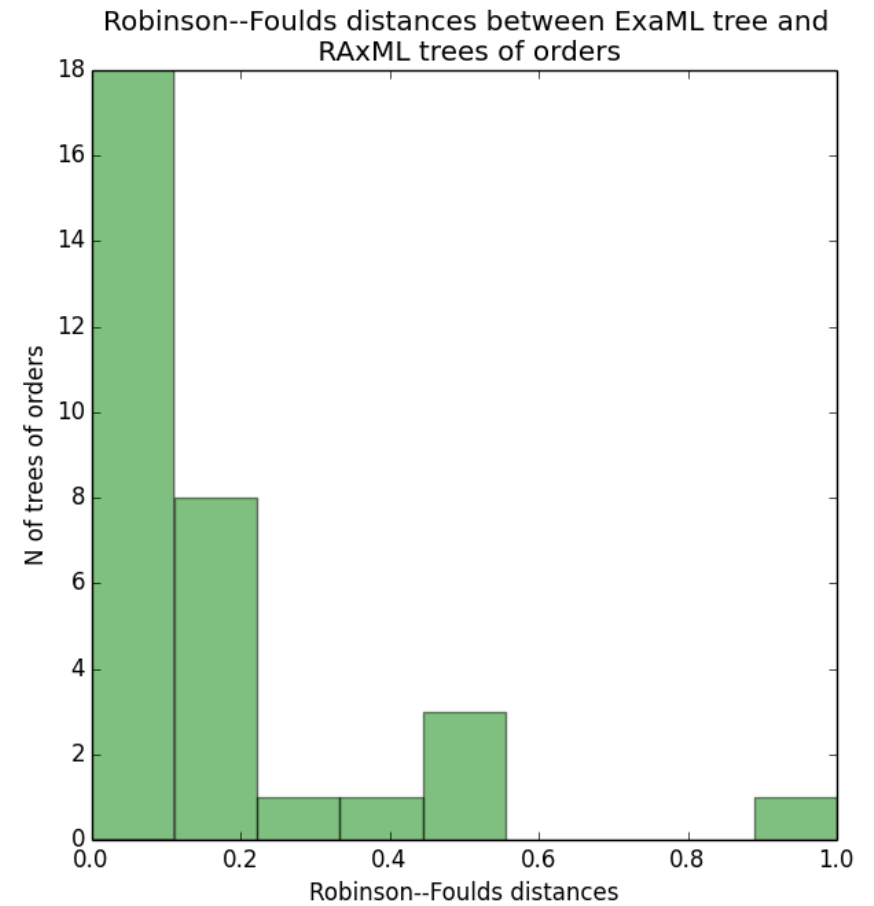
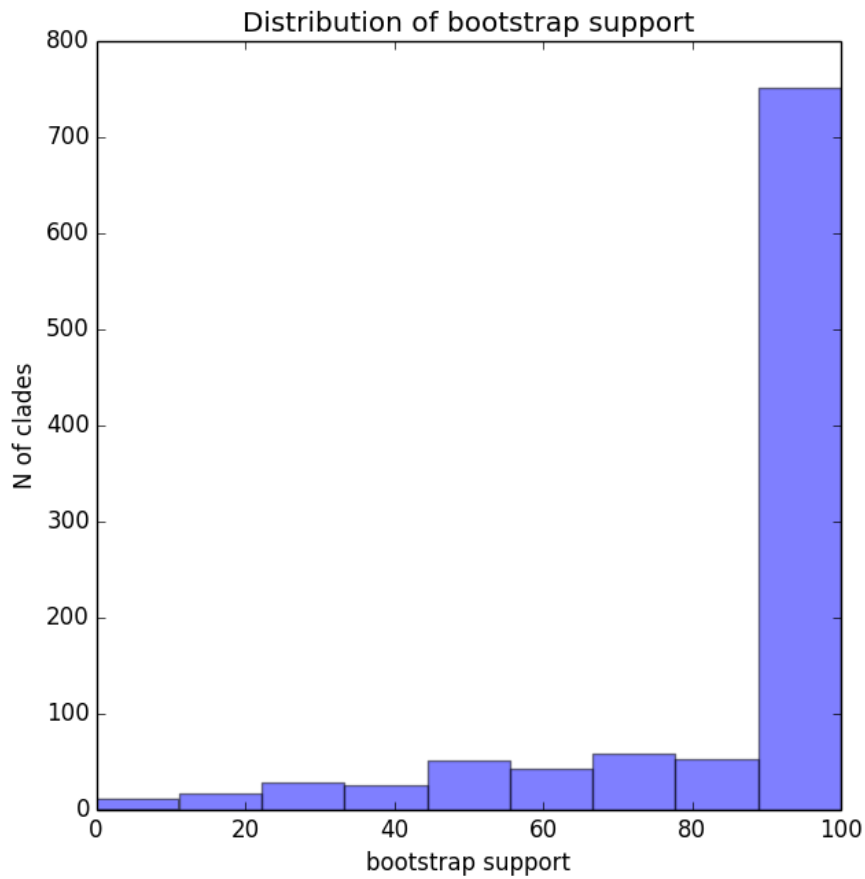
Выравнивание
белков

Выравнивание
белок-кодирующих
и рРНК генов

Пайплайн



Поддержка клад деревьев лучеперых рыб



Митохондриальный генетический код позвоночных

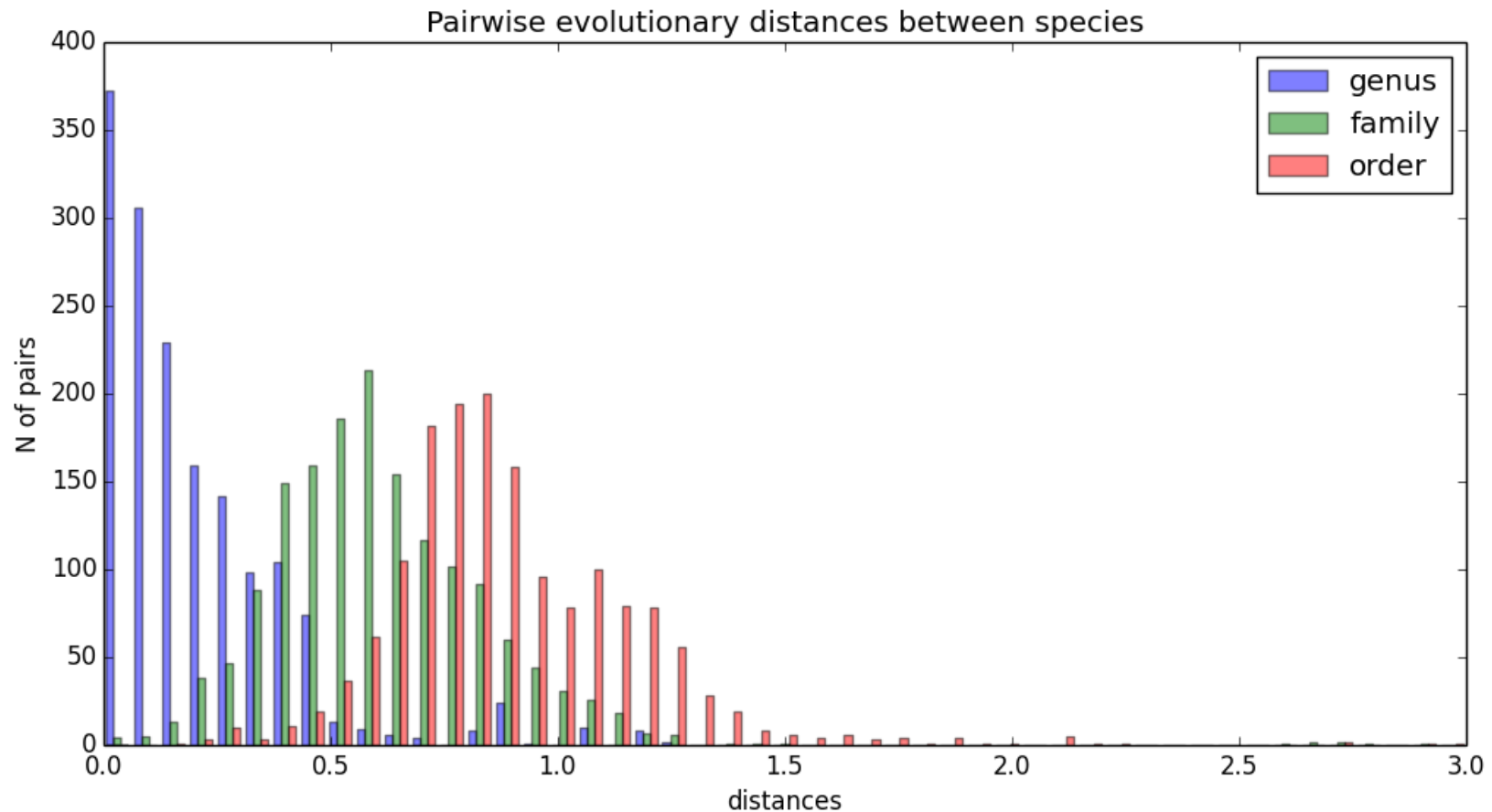
AAs = FFLLSSSSYY**CCWLLLLPPPPHHQRRRR **IIMM** TTTTNNKKSS**VVV **V**AAAADDEEGGGG
 Starts = ----- **MMMM** ----- **M** -----
 Base1 = TTTTTTTTTTTTTTTTCCCCCCCCCCCCCCCC **AAAA** AAAAAAAAAAAAAAGGGG **G**GGGGGGGGGGGG
 Base2 = TTTTCCCCAAAAGGGGTTTCCCCAAAAGGGG **TTTT** CCCCAAAAGGGGTTT **T**CCCCAAAAGGGG
 Base3 = TCAGTCAGTCAGTCAGTCAGTCAGTCAGTCAG **TCAG** TCAGTCAGTCAGTCAG **G**TCAGTCAGTCAG

Сайты под положительным отбором согласно FUBAR

Ген	L выравнивания	N кодонов	№ кодона	dS	dN	dN - dS	Постериорная вероятность, dN>dS
ATP8	228	76	1	2.72975E-015	0.0156122	0.0156122	1
			68	0.00911746	0.118107	0.10899	0.985105
COX1	1806	602	1	6.75565E-008	0.0263611	0.026361	0.999997
			588	0.266321	0.807779	0.541459	0.904343
COX2	801	267	1	0.000470895	0.0212889	0.020818	0.977881
COX3	825	275	1	2.84065E-012	0.021191	0.021191	1
CYTB	1356	452	1	9.76969E-014	0.0235774	0.0235774	1
ND2	1149	383	1	1.55426E-008	0.0245932	0.0245932	0.999999
ND4	1545	515	1	9.19987E-021	0.0259091	0.0259091	1
ND5	2214	738	1	8.26223E-005	0.0278751	0.0277924	0.997036
ND6	726	242	1	1.43052E-010	0.0198558	0.0198558	1

Вывод: FUBAR не учитывает альтернативные стартовые кодоны

Эволюционные расстояния между видами лучеперых рыб



Сравниваемые группы	W	P-value
Род — семейство	2265752	2.20E-016
Семейство — отряд	460231	2.20E-016
Род — отряд	67177	2.20E-016

Естественный отбор в действии

