

Authors: A. Dodonova*, D. Petrova*, E. Popova*, A. Minnegaliev, N. Zolotarev, K. Przesmycka, O. Lukasiewicz, J. Raubic, W. Babik, M. Konczal, M. Herdegen-Radwan, J. Radwan

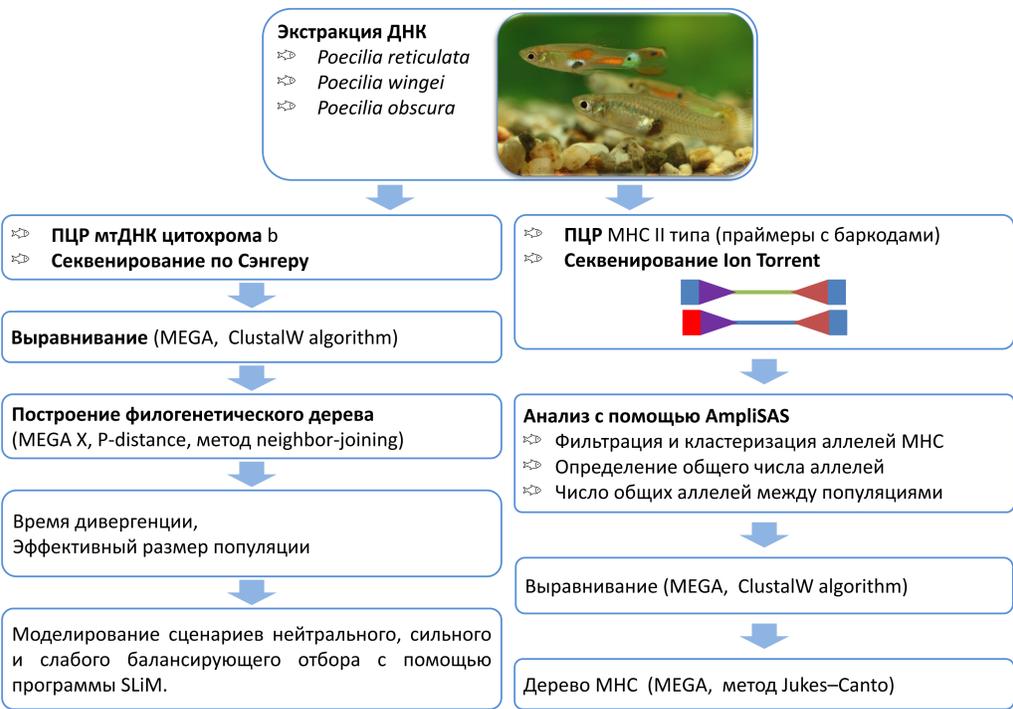
Введение

- Коволюция паразитов и их хозяев обеспечивает сильный положительный отбор генов Главного Комплекса Гистосовместимости (МНС), потому что новые аллели дают преимущество своим носителям.
- Быстрая смена генофонда популяций должна приводить к уменьшению числа общих аллелей между ними после расхождения. Несмотря на это, наблюдается межвидовой полиморфизм – ситуация, при которой некоторые аллели более похожи между особями разных видов, чем внутри популяций.
- Новая гипотеза предполагает, что позитивный отбор также поддерживает интрогрессию генов МНС между гибридирующимися видами. Мы хотим проверить ее, сравнивая общие аллели в разных популяциях гуппи, некоторые из которых вступили во вторичный контакт с помощью людей.



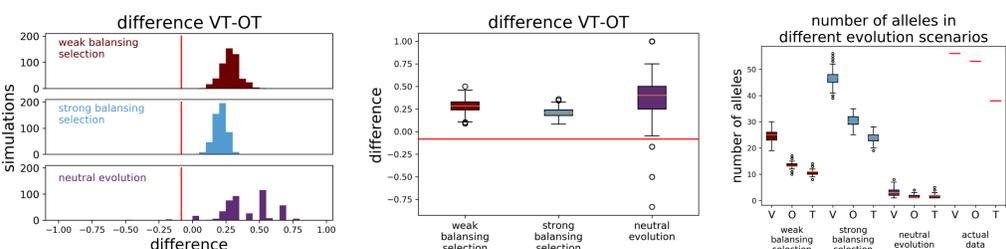
На карте представлены три вида: *P. reticulata*, *P. wingei*, и *P. obscura*. Несмотря на значительные генетические различия, благодаря географической близости возможен ограниченный обмен генами между *P. wingei* и *P. reticulata* в Венесуэле и между *P. obscura* и *P. reticulata* на острове Тринидад. Намного меньше вероятность обмена между разными популяциями *P. reticulata*, которые разделены морем.

Схема эксперимента и анализа данных



Моделирование

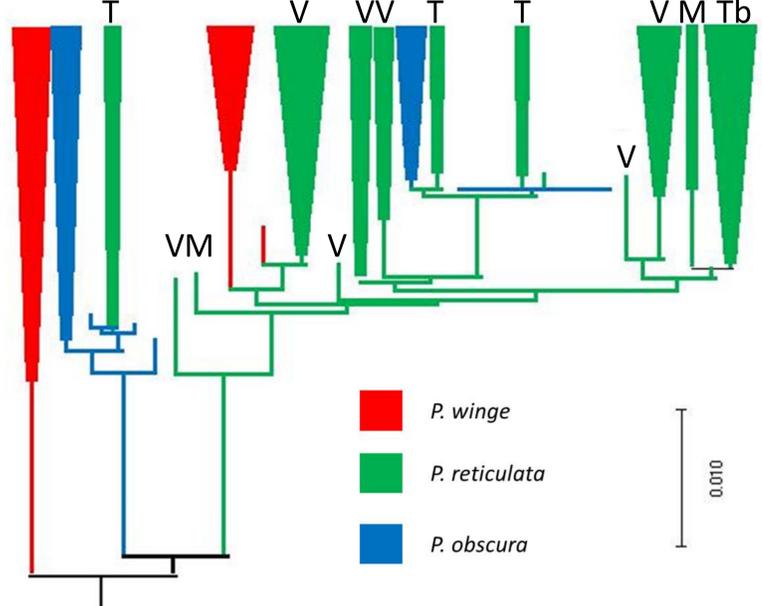
Мы смоделировали расхождение трех групп от основной популяции Венесуэлы (V). *P. obscura* (O) отделилась от неё 870 тыс. лет назад, а популяция *P. reticulata* с острова Тринидад 220 тыс. лет назад. Мы запустили три симуляции со сценариями нейтрального, сильного и слабого балансирующего отбора. Для моделирования использовались параметры: время расхождения видов ($t = \frac{d}{2u}$), эффективный размер популяции ($N_{ef} = \pi 2u$), u – частота мутаций, 2% в млн. лет.



Распределение разностей между общими аллелями близкородственных (VT) и более удаленных популяций (OT), полученных моделированием, красная линия – экспериментальные данные.

Количество аллелей в популяциях при различных сценариях моделирования.

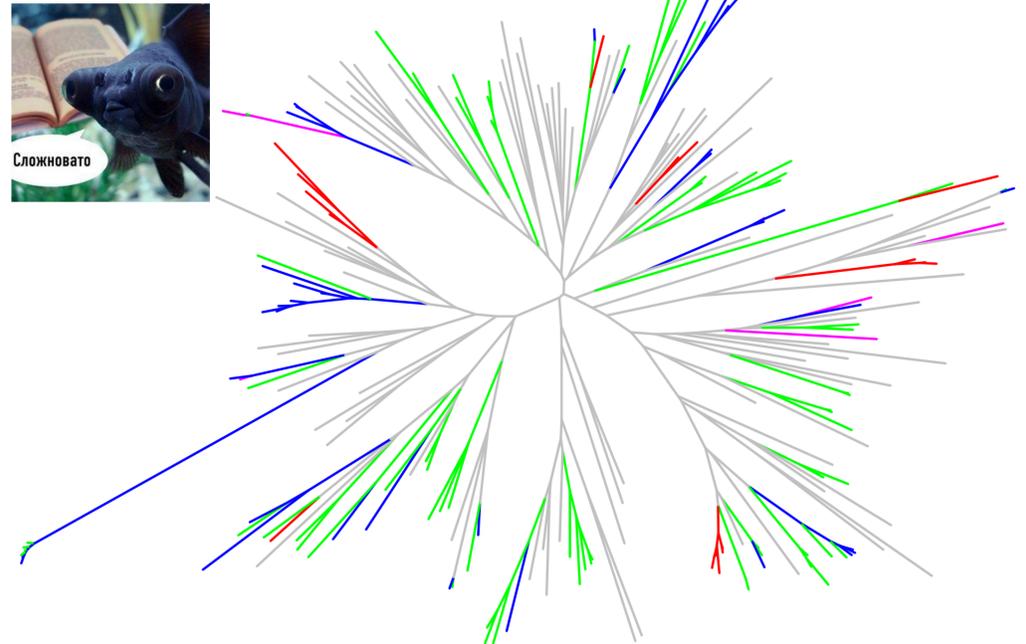
Филогенетическое дерево видов мтДНК



Филогенетическое дерево, построенное на основе данных секвенирования гена цитохрома b.

Принимая частоту мутаций за 2% на миллион лет, мы установили, что расхождение видов могло произойти 870 тыс. лет назад, а популяции *P. reticulata* – 220 тыс. лет назад.

Филогенетическое дерево МНС



Филогенетическое дерево построенное по фрагменту МНС II DAB (2-ой экзон, 217 пн). Аллели, принадлежащие к кладам с бутстреп поддержкой выше 70 %, выделены цветами.

Общие аллели между популяциями

	O-T	V-O	V-W	V-Tb	V-M	V-T	
Все аллели	84	107	90	85	64	94	O – <i>P. obscura</i> W – <i>P. wingei</i>
Общие	7	0	0	1	1	0	T – <i>P. reticulata</i> (Trinidad) Tb – <i>P. reticulata</i> (Tobago) V – <i>P. reticulata</i> (Venezuela) M – <i>P. reticulata</i> (Margarita)
Частота общих	0.083	0.000	0.000	0.012	0.016	0.000	

Число общих аллелей между *P. obscura* и *P. reticulata*, обитающих на о. Тринидад, больше, чем между всеми представителями *P. reticulata*. Четыре из семи общих аллелей принадлежат организмам с разными мтДНК.

Выводы

- Дерево мтДНК показывает большее расхождение между видами *P. reticulata*, *P. obscura* and *P. wingei*, чем между популяциями *P. reticulata*, разделенными морем.
- На дереве видна древняя интрогрессия *P. reticulata* и недавняя – между *P. reticulata* и *P. obscura*.
- Между видами *P. reticulata* and *P. obscura* (о. Тринидад) больше общих аллелей МНС, чем между венесуэльскими и островными популяциями *P. reticulata*.
- Симуляции показали, что наблюдаемая картина распределения МНС аллелей может быть объяснено только интрогрессией.
- Филогенетическое дерево МНС показывает межвидовой полиморфизм. Сходные аллели были найдены также у видов *P. obscura* и *P. wingei*, для которых нет доказательств интрогрессии.
- И интрогрессия, и балансирующий отбор, с большой вероятностью, отвечают за межвидовой полиморфизм гена МНС у родственных видов *Poecilia*.**