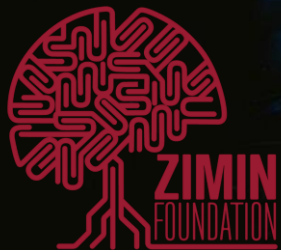




SMTB



*Потери и дубликации генов
в ходе адаптивной радиации
амфипод озера Байкал*

2021



Команда

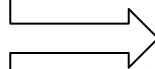
Руководитель проекта:
Лев Ямпольский

Сотрудники:
Лариса Окорокова
Штефан Риглер
Евгения Правдолюбова
Антон Кацуба

Студенты:
Мария Чудовская
Вероника Помошникова
Анита Циммерман



Пюрешка





Введение



Применение современных методов оценки стрессовых состояний байкальских амфиног является перспективным направлением в экофизиологических исследованиях, позволяющим выявлять высокочувствительные стресс-маркеры.

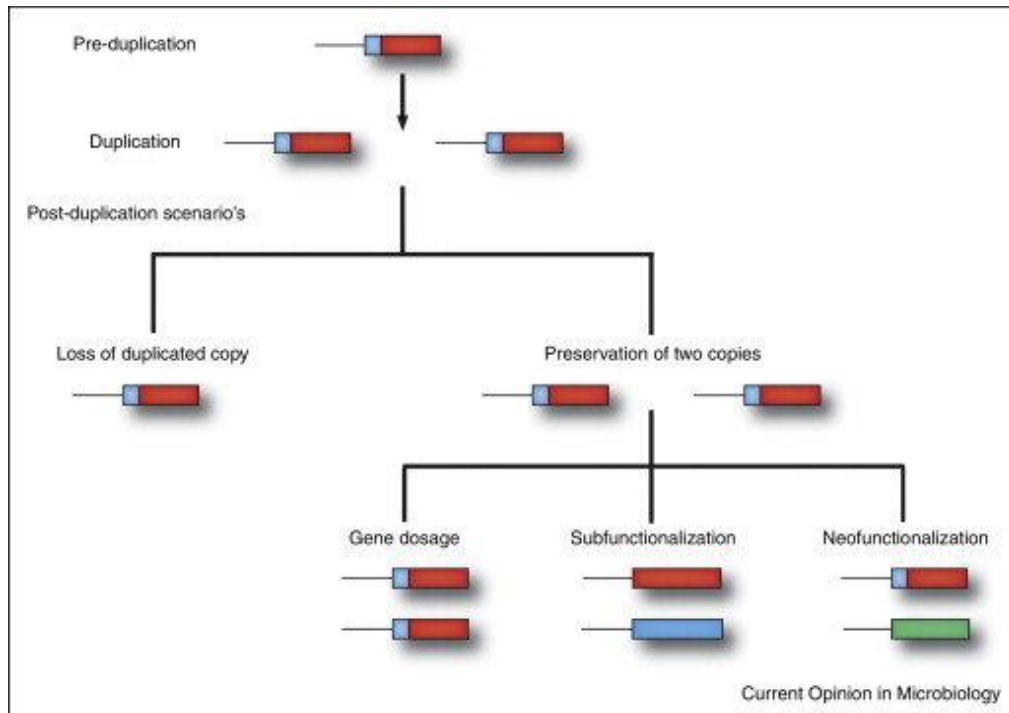
Полученные данные уже позволяют делать прогнозы состояния макрозообентоса литорали Байкала при дальнейшем потеплении вод и усилении антропогенной нагрузки



Введение

Цель: картировать транскриптомы байкальских амфинод на предковые геномы и посмотреть, в каких семействах генов, функционально важных для выживания в уникальных условиях Байкала, нынешних и палеоклиматических условий, произошли потери и дупликации.

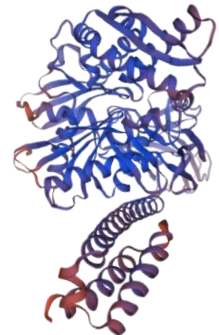
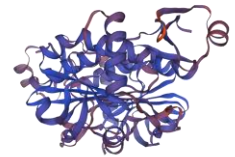
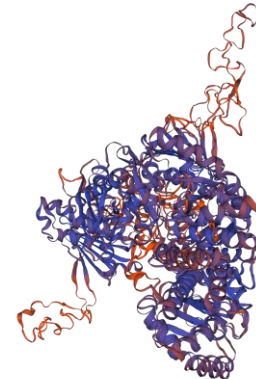
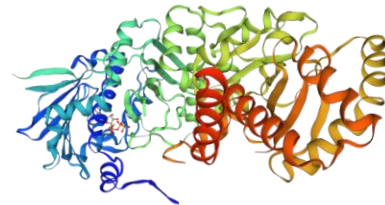
Гипотеза: в ходе эволюции происходили множественные изменения в гомологичных генах.





Процесс работы: выбор исследуемых объектов

Мы изучали белки, отвечающие за борьбу со стрессом и активными формами кислорода (система антиоксидантной защиты), белки ионных каналов, эпителиальные транспортеры: Peroxidase, Catalase. Glutathione S-transferase, Heat Shock Protein, Na-K-ATPase

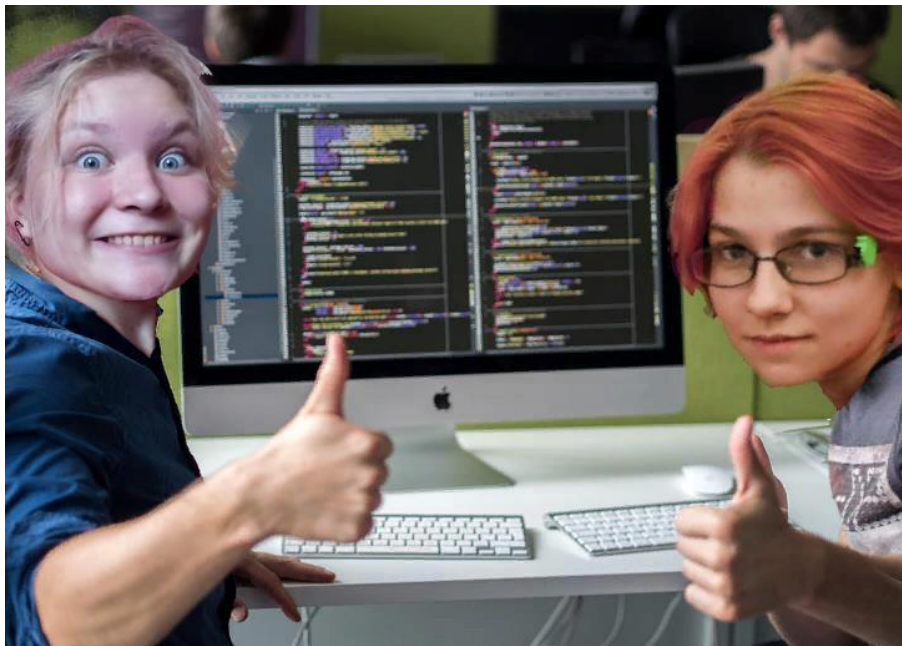




Процесс работы: кодинг... много кодинга.

expectation

reality





Процесс обработки информации:

В основной части работы использовали сервер на Linux.

Те из нас, кто пользовались Windows, работали с ним через PuTTY, подключаясь к удаленному серверу (в Великобритании).

Использовали:

trimmomatic

rnaSPAdes

TransDecoder

BUSCO

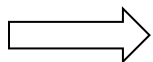
MAFFT



Процесс обработки информации:



raw reads

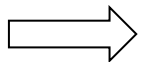


Trimmomatic:

Фильтрация, обрезка
низкокачественных
ридов и адаптеров

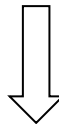


reads



rnaSPAdes:

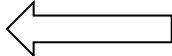
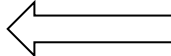
Сборка транскриптома



ТРАНСКРИПТОМ

TransDecoder:

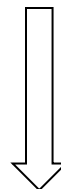
Сборка
протеома



Diamond: Сопоставление с
родственным видом



Таблица соответствия похожих
последовательностей в разных
геномах

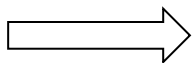


BUSCO: Оценили сборку транскриптома

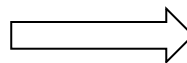


Процесс обработки информации:

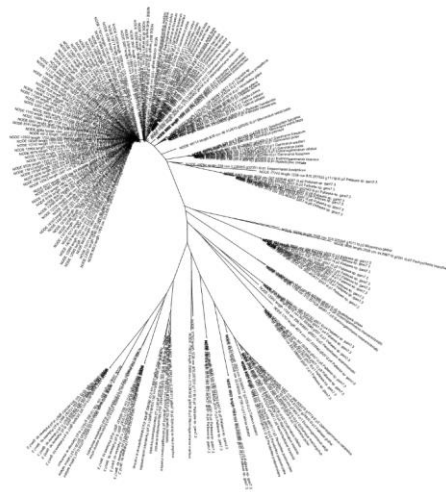
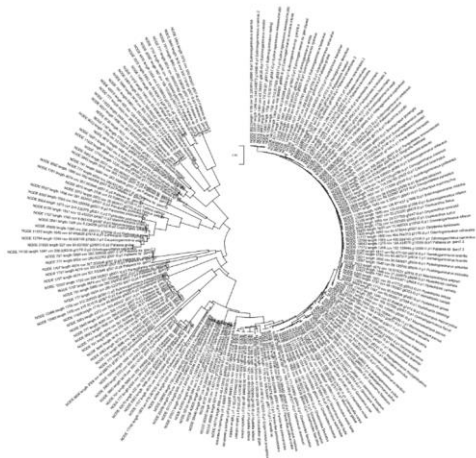
Таблица соответствия
похожих
последовательностей в
разных геномах



MAFFT: Множественные
выравнивания
последовательностей



MEGA-X:
Филогенетические
деревья





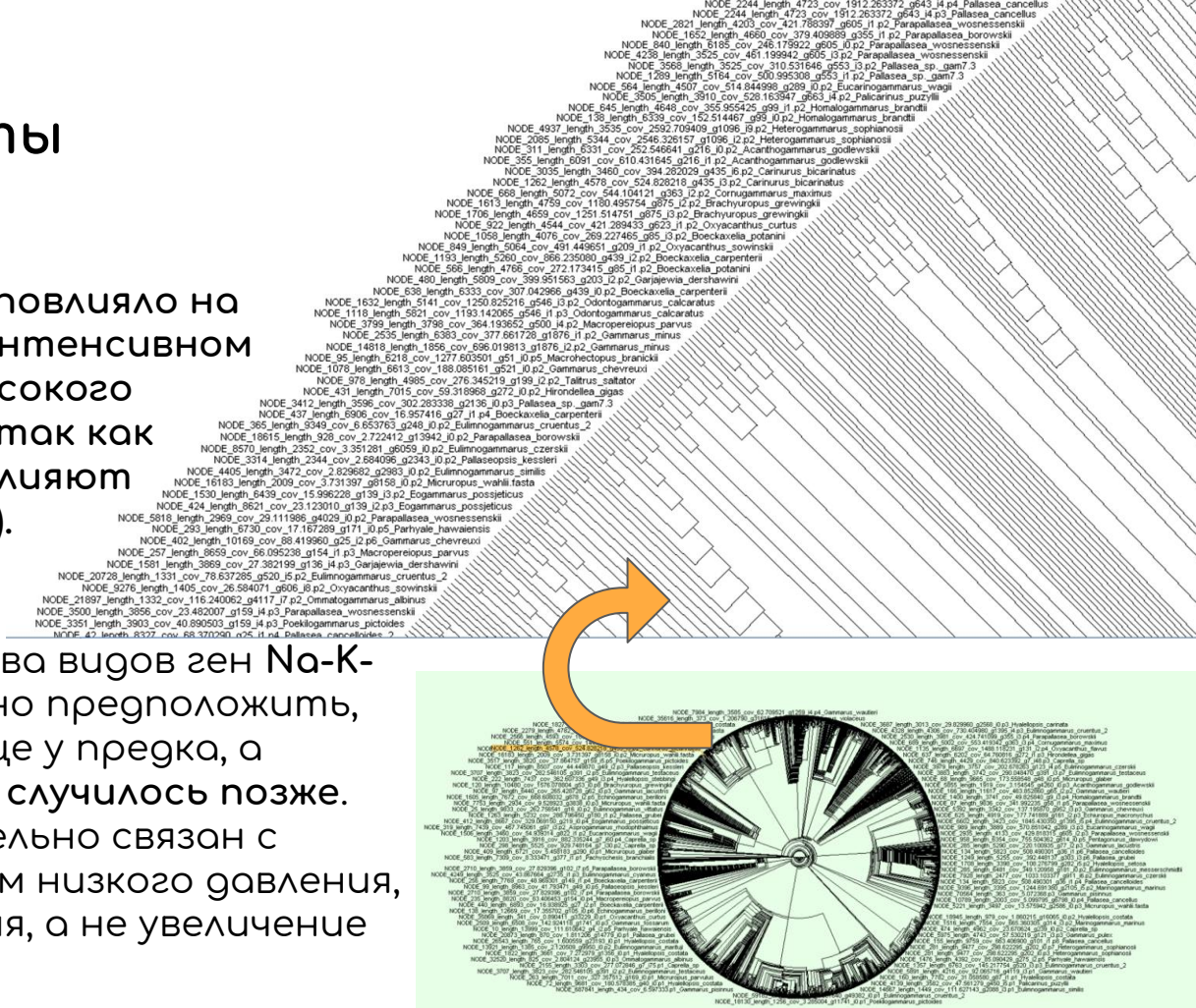
Результаты

Гипотеза:

Количество генов Na-K-АТФазе повлияло на образ жизни и выживание при интенсивном видообразовании в условиях высокого гидростатического давления, (так как известно, что такие условия влияют на функционирование мембран).

Вывод:

Судя по тому, что у большинства видов ген Na-K-АТФазе уже дуплицирован, можно предположить, что его удвоение произошло еще у предка, а интенсивное видообразование случилось позже. Возможно, этот ген действительно связан с приспособленностью к условиям низкого давления, но на это влияет его экспрессия, а не увеличение количества копий в геноме.

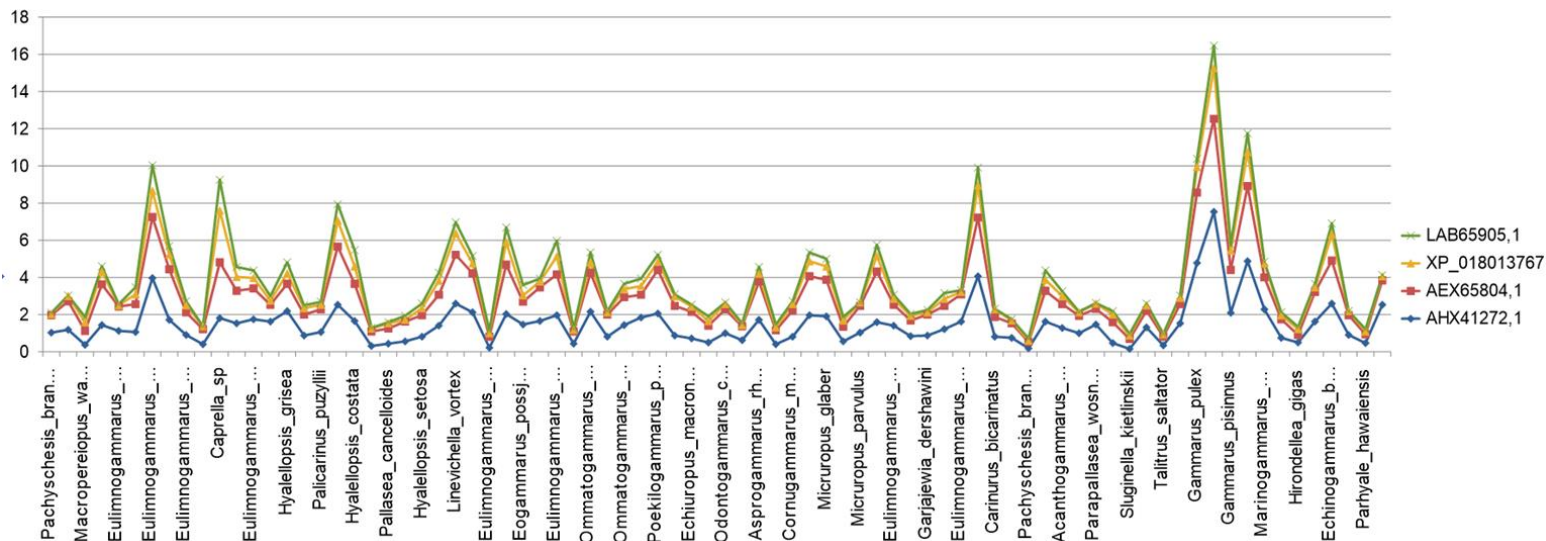




Результаты

Гипотеза: термотолерантность вида зависит от количества генов HSP

Табл 1.
Соотношение количества генов, экспрессирующ. HSP в транскриптомах различных бокоплавов к количеству их у sandhopper.



Выводы:

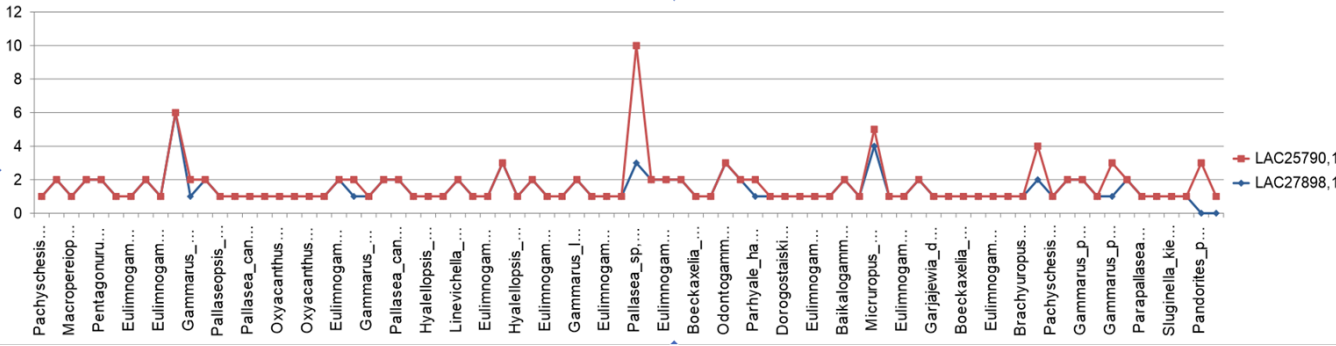
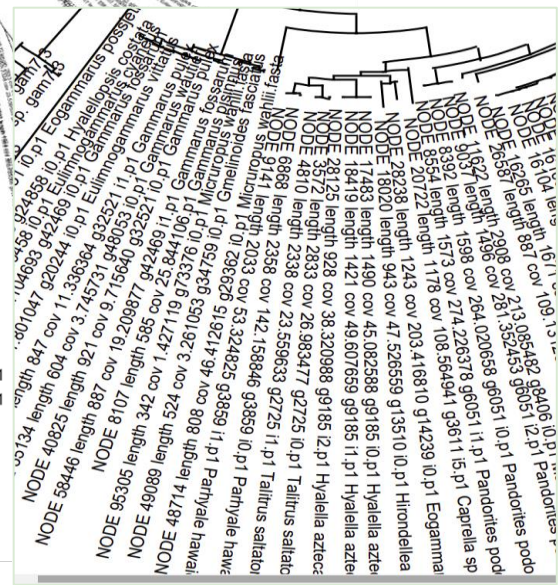
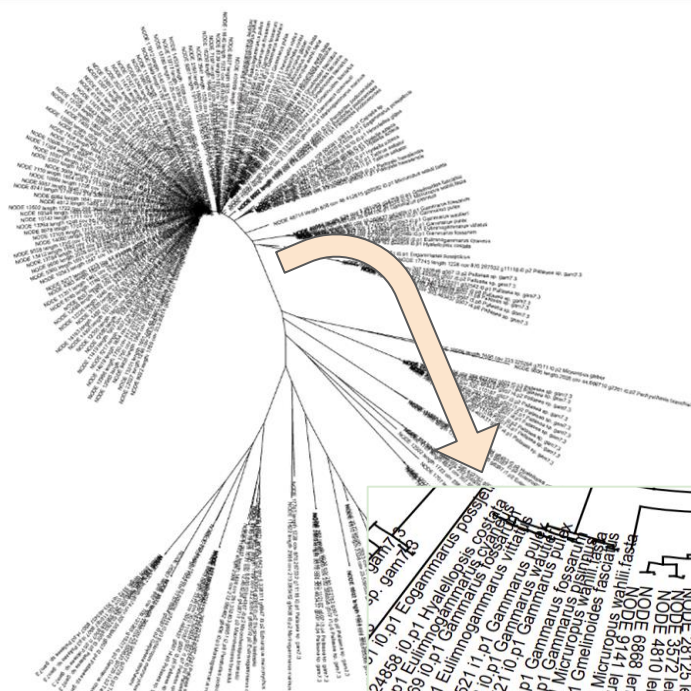
У видов с самыми высокими пиками наблюдаем множественную дупликацию генов HSP.

Продемонстрировано, что базовый уровень HSP коррелирует с термотолерантностью видов и ширитой диапозона температур среды, в которой они обитают



Результаты

Ситуация с генами,
экспрессирующими пероксидазу,
обстоит много иначе:
дупликация происходила задолго
ДО начала видообразования





Спасибо за внимание!

