

Министерство науки и высшего образования
Российской Федерации
Федеральное государственное бюджетное учреждение науки
САНКТ-ПЕТЕРБУРГСКИЙ НАУЧНЫЙ ЦЕНТР
РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК
(СПбНЦ РАН)

УДК 575.83

Рег. № НИОКТР АААА-А18-118011590123-8

Рег. № ИКРБС



УТВЕРЖДАЮ
ВРИО председателя СПбНЦ РАН

к.б.н.

Ю. Н. Бубличенко

О Т Ч Е Т

о научно-исследовательской работе

«Сравнение молекулярно-генетических, морфологических и
палеонтологических данных эволюции»

по теме

«Эволюция органического мира и планетарных процессов»
(тема № 0240-2018-0004 Государственного задания)

(промежуточный, этап 1)

Программа фундаментальных исследований Президиума РАН № 17

Научный руководитель
академик

С. Г. Инге-Вечтомов

Санкт-Петербург

2018

СПИСОК ИСПОЛНИТЕЛЕЙ

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Санкт-Петербургский научный центр Российской академии наук (ФГБУН СПбНЦ РАН)

Исполнители :

с.н.с., к.б.н.  Н.И. Абрамсон (все разделы)

с.н.с., к.б.н.  Л.А. Джапаридзе (все разделы)

в.н.с., д.б.н.  С.Я. Резник (все разделы)

н.с.  О.В. Тарасов (все разделы)

Соисполнители:

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Зоологический институт Российской академии наук (ФГБУН ЗИН РАН)

н.с., к.б.н.  Е.А. Генельт-Яновский (все разделы)

н.с., к.б.н.  Т.В. Петрова (все разделы)

м.н.с.  С.Ю. Бодров (все разделы)

аспирант  О.В. Бондарева (все разделы)

РЕФЕРАТ

Отчет 24 стр., 1 кн., 8 рис., 1 прил.

ЭВОЛЮЦИЯ, ОТБОР, ПОПУЛЯЦИЯ, БИОРАЗНООБРАЗИЕ,
ИНВАЗИВНЫЕ ВИДЫ, ЭКОЛОГИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ,
ГЕНОТИПИРОВАНИЕ, СЕКВЕНИРОВАНИЕ

Одной из фундаментальных задач эволюционной биологии является изучение механизма формирования адаптаций. До настоящего времени подавляющее большинство исследований по молекулярной филогенетике и анализу генетического разнообразия видов и популяций проводилось с использованием небольшого количества маркеров. Исследования на видовом и внутривидовом уровне затрагивали, как правило, лишь отдельные участки митохондриального генома. Выбор молекулярных маркеров в исследования по молекулярной филогении с использованием мультилокусного анализа, в значительной мере был случайным и зависел, в первую очередь, от уже имеющихся в Генбанке данных по секвенированию для конкретного таксона или же филогенетически близких форм. В последнее время, с появлением секвенирования нового поколения (NGS) вместе со значительным удешевлением секвенирования, появилась возможность коренным образом поменять прежний подход и проверить многие, противоречивые с точки зрения морфологических данных, молекулярные филогении и эволюционные сценарии. Исследования, основанные на полногеномных и транскриптомных данных, позволяют непосредственно подойти к анализу молекулярных основ в становлении адаптаций как на макротаксономическом, так и на микротаксономическом уровнях.

На уровне видов и популяций изучение генетического разнообразия интересно с точки зрения того, в какой степени генетический полиморфизм является отражением разных условий существования вида, а в какой, в свою

очередь, оказывает влияние на адаптивные способности отдельных популяций и вида в целом. Внедрение методов секвенирования нового поколения (NGS) позволило перейти на новый уровень исследование путей адаптации организмов к локальным условиям среды поскольку для анализа стали доступны одновременно огромное число ко-доминантных локусов, даже в случае когда нет референсного генома. Сравнение транскриптомов филогенетически близких таксонов с контрастными адаптациями или филогенетически далеких со сходными адаптивными признаками позволяет выявлять конвергенции и параллелизмы на молекулярном уровне.

Двустворчатые моллюски играют значительную роль в прибрежных сообществах и представляют собой одну из доминирующих групп макрофауны в экосистемах открытого моря. Значительное количество видов *Bivalvia*, типичных для литоральных сообществ, являются также обычными в верхнем горизонте сублиторали. Точно так же многие типичные сублиторальные виды встречаются от нуля глубин до батимальной зоны. Задача нашего исследования состояла в сравнении транскриптомов четырех массовых видов европейских двустворчатых моллюсков обитающих в контрастных условиях среды с целью выявить пути адаптации на генном уровне.

Традиционная парадигма биогеографии предполагает, что у широко распространённых морских беспозвоночных с планктонной личинкой отсутствует метапопуляционная структура. Уникальная изменчивость съедобной сердцевидки *Cerastoderma edule* (Linnaeus, 1758) на северо-восточной границе ареала противоречат традиционной парадигме биогеографии, и нами была выдвинута гипотеза объясняющая происхождение уникальной изменчивости у сердцевидок Северной Норвегии. Для проверки данной гипотезы одна из задач данной работы состояла в изучении генетической изменчивости и популяционной структуры съедобной сердцевидки в Норвежском и Баренцовом морях.

СОДЕРЖАНИЕ

ВВЕДЕНИЕ	6
ОСНОВНАЯ ЧАСТЬ	8
Сравнение молекулярно-генетических, морфологических и палеонтологических данных эволюции.....	8
1 Сравнение геномов и транскриптов филогенетически близких таксонов.....	9
1.1 Сравнительное исследование транскриптомов массовых видов европейских сублиторальных и литоральных двустворчатых моллюсков.....	9
1.2 Исследования молекулярных основ адаптаций грызунов к подземному образу жизни.....	13
2 Изучение генетической изменчивости и популяционной структуры широкораспространенного двустворчатого моллюска – съедобной сердцевидки <i>Cerastoderma edule</i> (Linnaeus, 1758) в Норвежском и Баренцовом морях.....	16
3 Разработка диагностических молекулярных маркеров, генотипирование типового материала с целью решения сложных вопросов номенклатуры и систематики.....	18
4 Тестирование филогенетических гипотез с учетом морфологических и молекулярных данных. Тестирование эволюционных сценариев.....	21
ЗАКЛЮЧЕНИЕ.....	22
ПРИЛОЖЕНИЕ А Сведения о публикациях по теме в 2018 году....	23