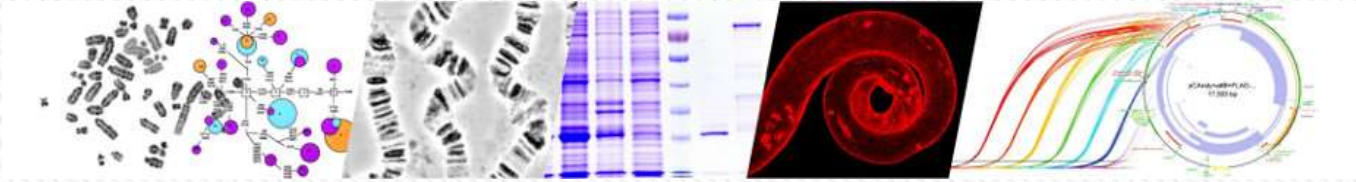


Полногеномные дупликации в эволюции позвоночных

В.А.Трифонов

Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН

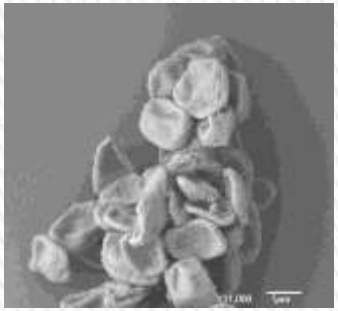
100-летняя годовщина открытия полиплоидии

Øjvind Winge (1886–1964)

- Winkler H. 1916. Uber die experimentelle Erzeugung von Pflanzen mit abweichenden chromosomenzahlen. *Z Bot* 8: 417–531.
- Winge O. 1917. The chromosomes: their number and general importance. *C R Trav Lab Carlsberg* 13: 131–275.

1916-1920 ботаник Ганс Карл Альберт Винклер ввел термины: **геном (от gene + chromosome), полиплоидия, апомиксис.**

Полиплоидия и происхождение эукариот



Половой процесс у галофильных полиплоидных архей из Мертвого моря *Haloferax*: обнаружена система передачи генетического материала, похожая на что-то промежуточное между обычным горизонтальным переносом прокариот и эукариотическим мейозом.

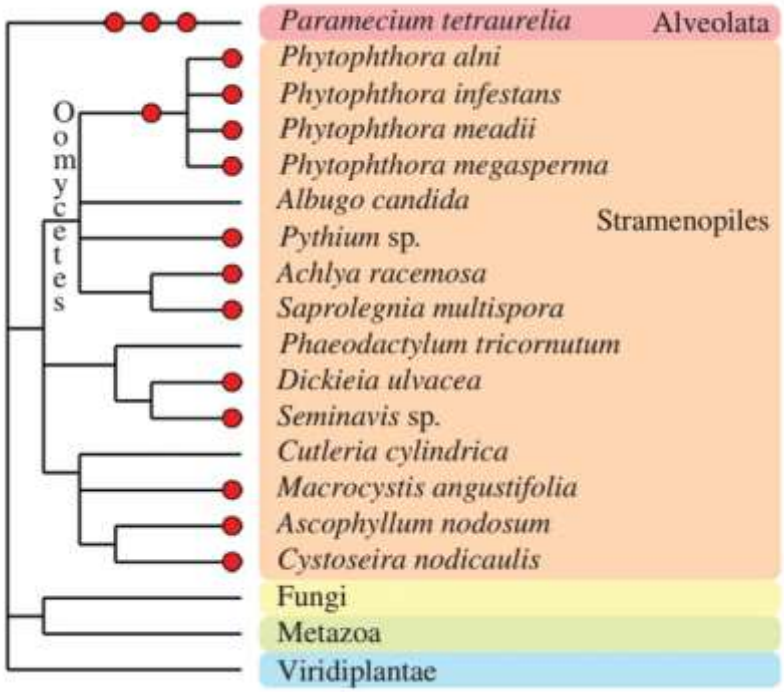
Gross J, Bhattacharya D: Uniting sex and eykaryote origins in an emerging oxygenic world. Biol Direct. 2010, 5: 53-10.1186/1745-6150-5-53.

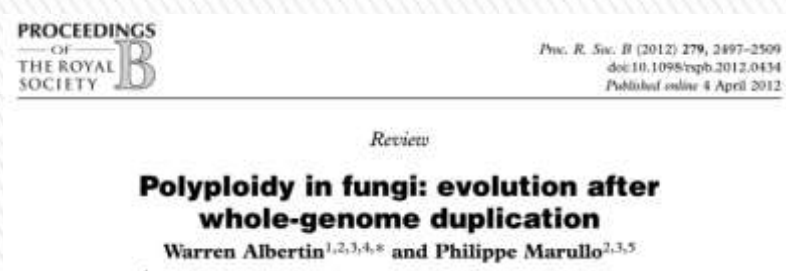
Эукариоты скорей произошли от полиплоидных архей. Полиплоидность прокариот дает кратковременное преимущество при высоком мутагенезе, но далее повышает риск вымирания из-за накопления рецессивных вредных мутаций. Преодоление проблемы накопления вредных мутаций приводит к появлению митоза, мейоза и полового размножения.

» Alexander V. Markov and Ilya S. Kaznacheev. Evolutionary consequences of polyploidy in prokaryotes and the origin of mitosis and meiosis // Biology Direct. 2016. V. 11. P. 28

Полиплоидия встречается в базальных линиях эукариот

» Растения (30-80% покрытосеменных – недавние полиплоиды)
» Животные
» Грибы
» Альвеоляты (инфузории, споровики, динофлагелляты)
» Страменопилы (бурые водоросли, оомикоты, опалины)




PROCEEDINGS OF THE ROYAL SOCIETY B

Proc. R. Soc. B (2012) 279, 2497–2509
doi:10.1098/rspb.2012.0434
Published online 4 April 2012

Review

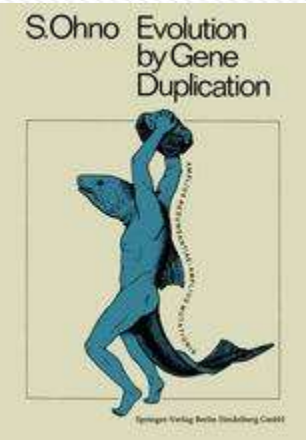
Polyploidy in fungi: evolution after whole-genome duplication

Warren Albertin[1,2,3,4,*] and Philippe Marullo[2,3,5]

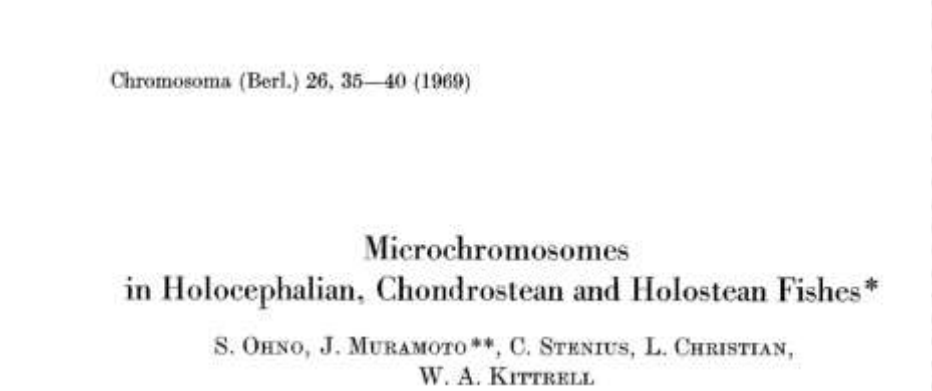
Полиплоидия у позвоночных: гипотеза 2R

S. Ohno (1928-2000)

- 50 лет назад: Сусуму Оно предлагает гипотезу двух раундов полного удвоения генома у ранних позвоночных (2R), основываясь на размерах генома и полиморфизме изоферментов
- Все современные позвоночные - палеополиплоиды.



1970



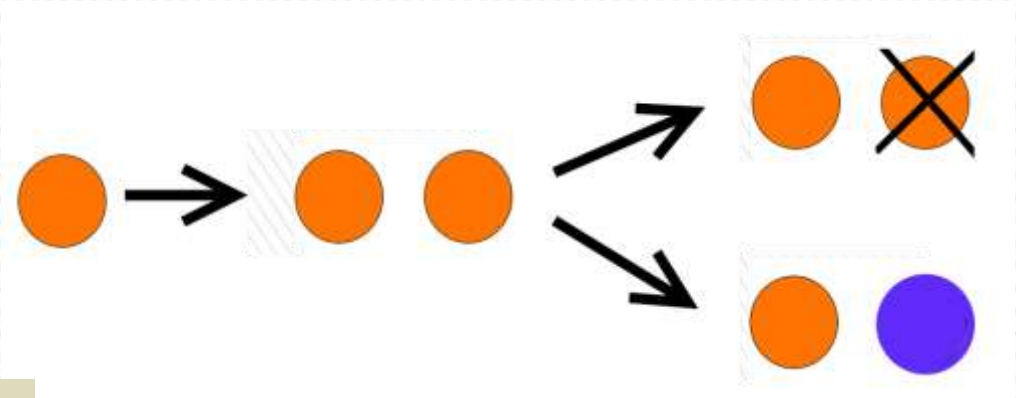
Chromosoma (Berl.) 26, 35—40 (1969)

Microchromosomes
in Holocephalian, Chondrostean and Holostean Fishes*

S. Ohno, J. Muramoto**, C. Stenius, L. Christian,
W. A. Kittrell

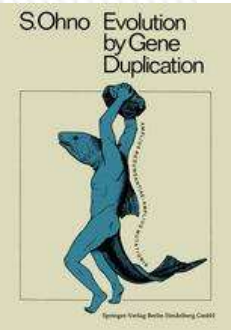
Эволюция после дупликации генома

» Избыточность генома.

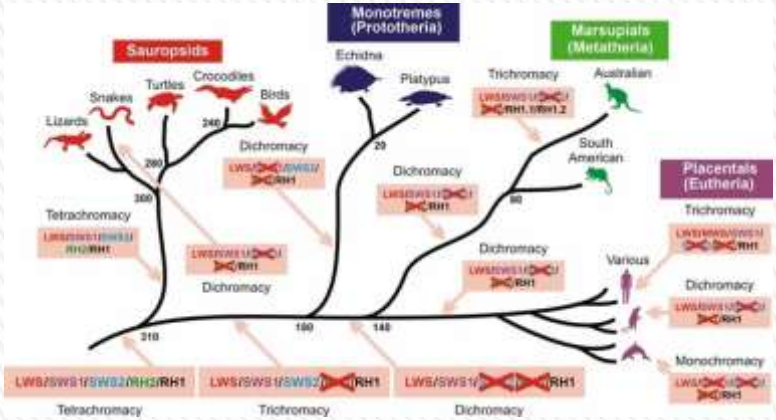


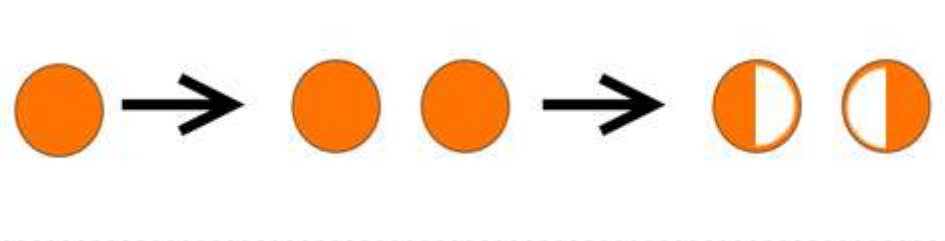
Nonfunctionalization
вырождение, псевдогенизация, потеря функции

Neofunctionalization
приобретение новой функции, возрастание сложности

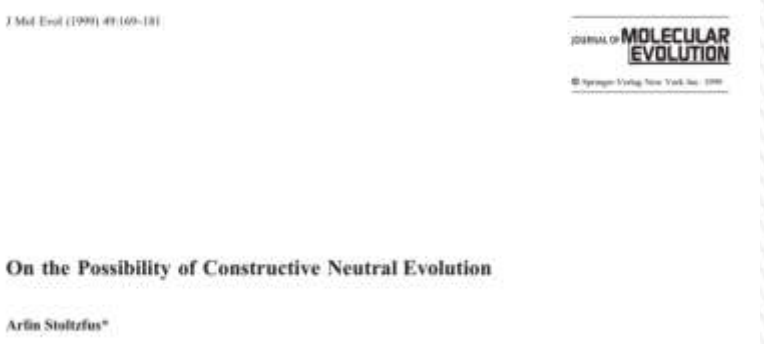


Субфункционализация





Функциональная дивергенция: разделение функций между паралогами

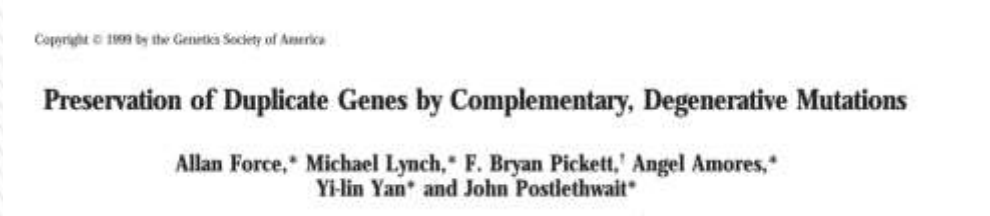

J Mol Evol (1999) 49:169–181

JOURNAL OF MOLECULAR EVOLUTION

© Springer-Verlag New York Inc. 1999

On the Possibility of Constructive Neutral Evolution

Arlin Stoltzfus*


Copyright © 1999 by the Genetics Society of America

Preservation of Duplicate Genes by Complementary, Degenerative Mutations

Allan Force,* Michael Lynch,* F. Bryan Pickett,† Angel Amores,*
Yi-lin Yan* and John Postlethwait*

Субфункционализация и неофункционализация

- Нет жестких ограничений: свобода для эволюции!

- В большинстве случаев изменения происходят в регуляторных цис-элементах. Значительную роль играют мобильные элементы генома.

Редиплоидизация

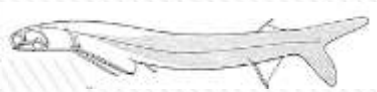
Потеря большей части дуплицированных генов.

Очень мало дуплицированных генов «выживает» после десятков миллионов лет :

~55% генов сохранилось у лососевых после полногеномной дупликации (ПГД) 80 млн лет назад (Lien et al 2016)

~ 56 % у гладкой шпорцевой лягушки (*Xenopus laevis)* после 20 млн лет (Session et al 2016).

~ 20-30 % у позвоночных после 2R (500 млн лет) (Putnam et al. 2008; Huminiecki and Heldin 2010; Makino and McLysaght 2010).



Проекты по полногеномному секвенированию

Древние события ПГД:
Отпечатки древних дупликаций у Современных тетрапод
(Hox→ Hox-A, Hox-B, Hox-C, Hox-D)

Относительно недавние события ПГД:
гладкая шпорцевая лягушка,
семга

ARTICLE

OPEN

doi:10.1038/nature12027

The African coelacanth genome provides insights into tetrapod evolution

Chris T. Amemiya[1,2*], Jessica Alföldi[1*], Alison P. Lee[4], Shaohua Fan[5], Hervé Philippe[6], Iain MacCallum[3], Ingo Braasch[7], Tereza Manousaki[8,9], Igor Schneider[9], Nicolas Rohner[10], Chris Organ[11], Domitille Chalopin[12], Jeramiah J. Smith[13], Mark Robinson[1],

OPEN

The spotted gar genome illuminates vertebrate evolution and facilitates human-teleost comparisons

Ingo Braasch[1,34], Andrew R Gehrke[2], Jeramiah J Smith[3], Kazuhiko Kawasaki[4], Tereza Manousaki[5],

Davidson et al. Genome Biology 2010, 11:403
http://genomebiology.com/2010/11/9/403

Genome Biology

OPEN LETTER

Sequencing the genome of the Atlantic salmon (*Salmo salar*)

William S Davidson[1*], Ben F Koop[2], Steven JM Jones[3], Patricia Iturra[4], Rodrigo Vidal[5], Alejandro Maass[6], Inge Jonassen[7],

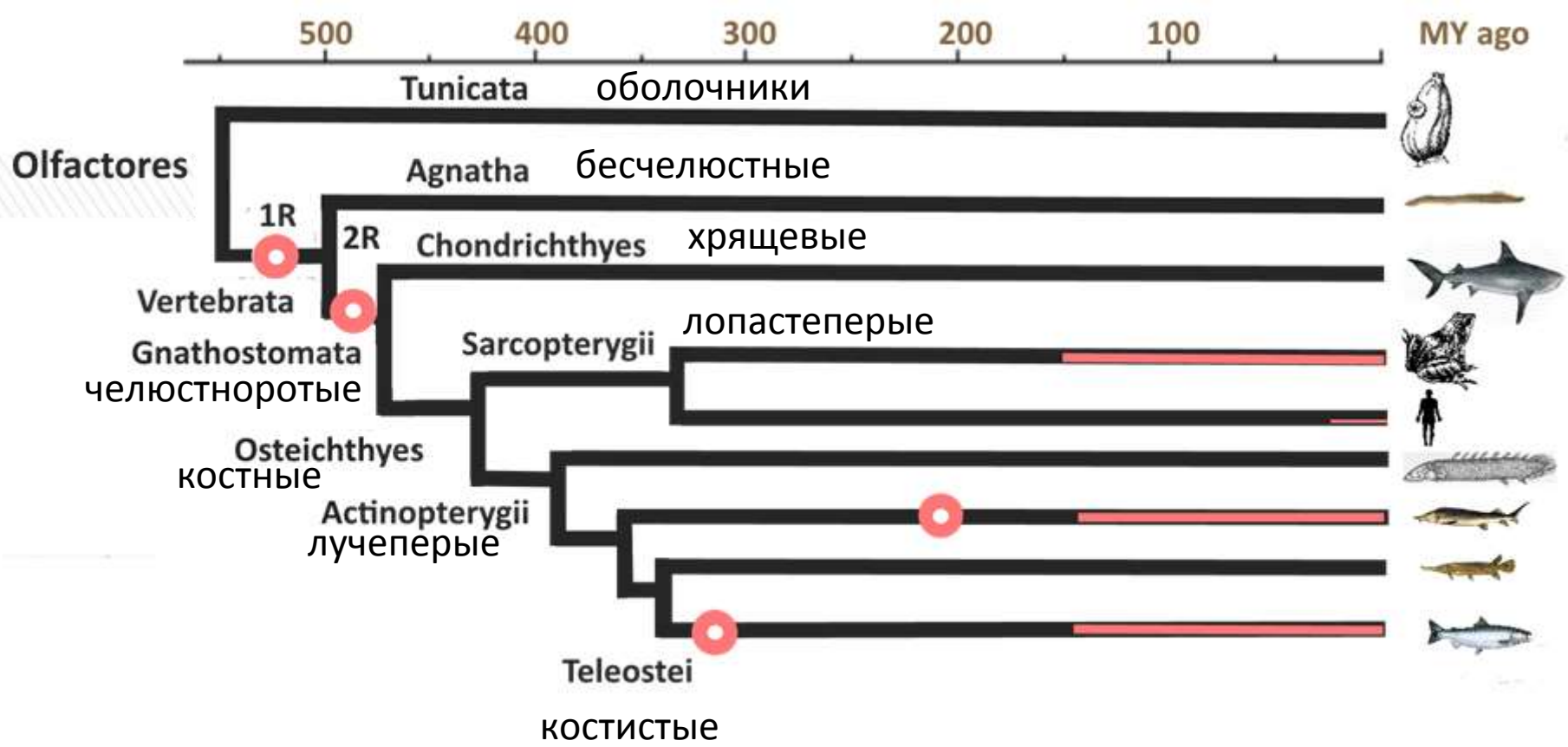
nature genetics

OPEN

Sequencing of the sea lamprey (*Petromyzon marinus*) genome provides insights into vertebrate evolution

Jeramiah J Smith[1,2], Shigehiro Kuraku[1,3], Carson Holt[1,37], Tatjana Sauka-Spengler[4,37], Ning Jiang[5],

Полногеномные дупликации позвоночных



Роль полногеномных дупликаций в эволюции геномов

» Неясен вклад ПГД в эволюционные новшества, которые привели к адаптивной радиации позвоночных. Насколько дополнительные копии генов помогли модифицировать и усложнить развитие и морфологию животных

Гладкая шпорцевая лягушка *Xenopus laevis* возникла в результате аллотетраплоидизации 20 млн лет назад. Вид демонстрирует повышенную устойчивость к множеству различных экологических факторов: засухе, солености, холоду, инфекциям относительно своих диплоидных родственников.

» Comai L: The advantages and disadvantages of being polyploid. Nat Rev Genet 2005, 6:836-846.
31.

Blomme T, Vandepoele K, De Bodt S, Simillion C, Maere S, Van de Peer Y: The gain and loss of genes during 600 million years of vertebrate evolution. Genome Biol 2006, 7:R43, doi: 10.1186/gb-2006-7-5-r43.

Роль ПГД в адаптации серебряного карася

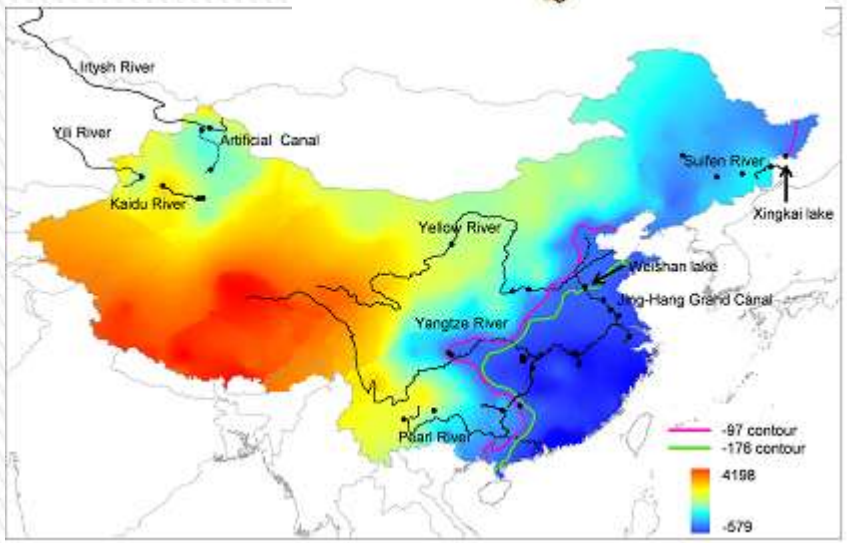
SCIENTIFIC REPORTS

OPEN

Received: 10 May 2017
Accepted: 1 June 2017
Published online: 14 July 2017

Wider geographic distribution and higher diversity of hexaploids than tetraploids in *Carassius* species complex reveal recurrent polyploidy effects on adaptive evolution

Xiao-Li Liu, Fang-Fang Jiang, Zhong-Wei Wang, Xi-Yin Li, Zhi Li, Xiao-Juan Zhang, Fan Chen, Jian-Feng Mao, Li Zhou & Jian-Fang Gui



Эволюция дуплицированных генов: полногеномные vs сегментные дупликации

После ПГД и СД обычно сохраняются разные гены: :

ПГД, возникают онологи: Сохраняется дозовый баланс! Сохраняются гены, кодирующие компоненты сложных биологических каскадов, вовлеченных в развитие, регуляцию транскрипции, сигнальную трансдукцию, что увеличивает морфологическую и функциональную сложность организма – гигантский скачек!

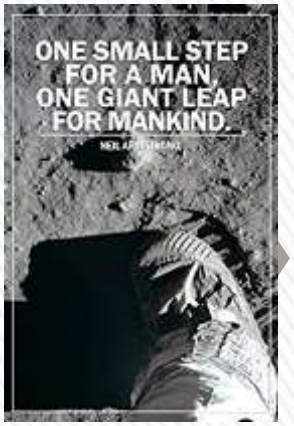
Наиболее часто сохраняются гены регуляции транскрипции, клеточного цикла, регуляции развития

С большой вероятностью теряются гены, вовлеченные в базовые молекулярно-генетические процессы: трансляцию, репликацию, сплайсинг и рекомбинацию

СД (сегментные дупликации), возникают паралоги: для дозочувствительных генов возможны только небольшие шаги и модуляция имеющихся процессов

После СД гены вырождаются и утрачиваются намного чаще чем после ПГД

Freeling M, Thomas BC: Gene-balanced duplications, like tetraploidy, provide predictable drive to increase morphological complexity. Genome Res 2006, 16:805-814



Алло- vs авто- полиплоидия

Термины впервые введены в 1926 году :

Kihara H, Ono T. Chromosomenzahlen und systematische gruppierung der Rumex arten. Zeitschr Zellf Mikrosk Anat. 1926;4:475–481.

Тип полиплоидии сильно влияет на последующую эволюцию

Мейоз:

» Автополиплоиды: мультиваленты со случайно рекомбинирующими четырьмя гомологичными хромосомами

» Аллополиплоиды: биваленты гомологичных хромосом от каждого диплоидного предка

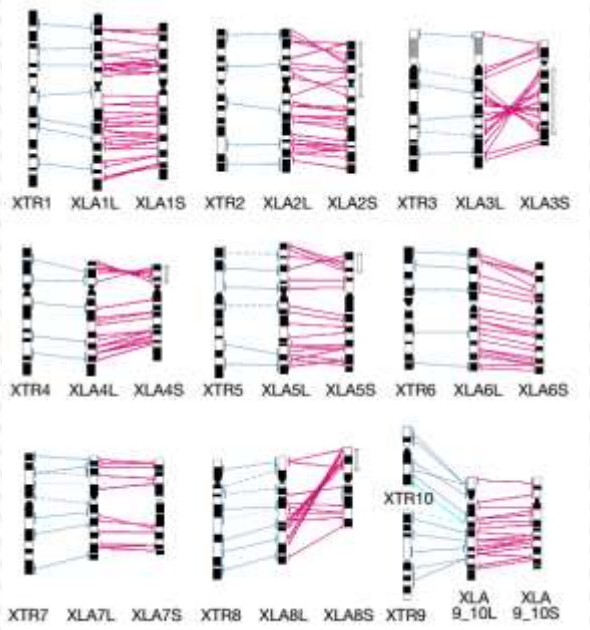
Сильный геномный стресс у аллотетраплоидов

- геномные перестройки, вызванные активацией мобильных элементов
- нарушения в регуляции генных сетей

Ассиметрия в эволюции субгеномов аллотетраплоидов

Ассиметричная эволюция двух субгеномов *Xenopus laevis* :

Субгеном L - консервативный, похож на предковый;
Субгеном S - сильно измененный, вырожденный (делеции, инверсии, транслокации).



ARTICLE

OPEN

doi:10.1038/nature19840

Genome evolution in the allotetraploid frog *Xenopus laevis*

Adam M. Session[1,2*], Yoshinobu Uno[3*], Taejoon Kwon[4,5*], Jarrod A. Chapman[2], Atsushi Toyoda[6], Shuji Takahashi[7],

Определение пола у полиплоидов

Определение пола должно очень четко регулироваться

Может зависеть от внешней среды и генетических факторов.

Проще всего для полиплоидов, если определяется внешней средой.

Если все-таки имеются половые хромосомы, то они не должны быть сильно дифференцированными из за дозового эффекта

Серебряный карась (недавний палеополиплоид с частой спонтанной полиплоидизацией): обнаружена корреляция пола с числом микрохромосом

Sex Determination and Polyploidy

Cytogenetic and Genome Research

Cytogenet Genome Res 2013;140:256–269

DOI: 10.1159/000351906

Published online: June 28, 2013

Polyploidy in Animals: Effects of Gene Expression on Sex Determination, Evolution and Ecology

B. Wertheim L.W. Beukeboom L. van de Zande

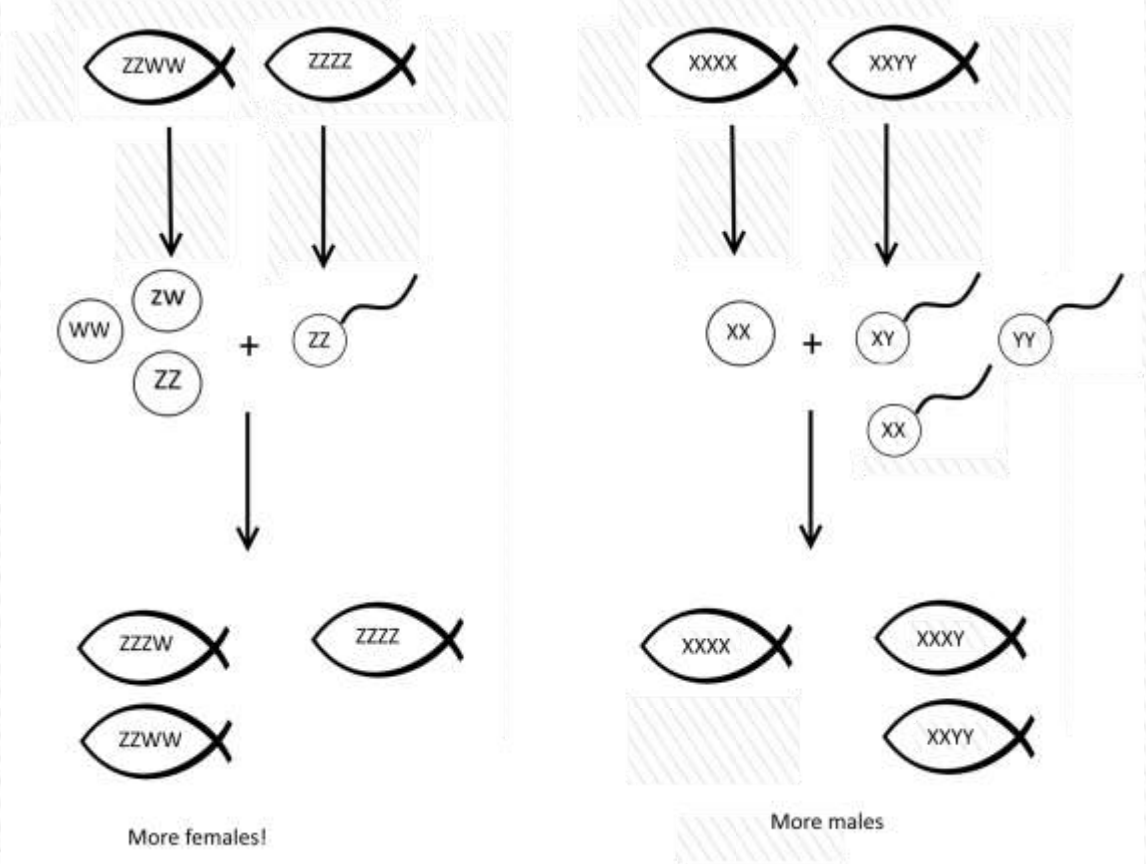
Evolutionary Genetics, Centre for Ecological and Evolutionary Studies, University of Groningen, Groningen, The Netherlands

Extra Microchromosomes Play Male Determination Role in Polyploid Gibel Carp

Xi-Yin Li, Qi-Ya Zhang, Jun Zhang, Li Zhou, Zhi Li, Xiao-Juan Zhang, Da Wang and Jian-Fang Gui

GENETICS *July 1, 2016 vol. 203 no. 3 1415-1424; https://doi.org/10.1534/genetics.115.185843*

Типы генетического определения пола и полиплоидия



Система ZW/ZZ более предрасположена к полиплоидии чем система XX/XY

ZZ/ZW: увеличение частоты самок в популяции, меньший отбор на отношение полов

Полиплоидизация и видообразование

- Мгновенное видообразование — репродуктивная изоляция полиплоида;
- Увеличение геномного разнообразия : новый материал для эволюции.
- Полиплоидные геномы нестабильны и высоко динамичны (меняется экспрессия генов, состав генома, физиология и прочее)

Полиплоидизация и видообразование

- виды, способные к самооплодотворению, с высокой вероятностью образуют успешную полиплоидную линию
- Последующее избирательное вырождение разных генов может привести к дальнейшей репродуктивной изоляции между субпопуляциям полиплоидов и дать начало дочерним видам

Недавние ПГД у позвоночных

- Лучеперые рыбы: довольно частые события в разных линиях
- Амфибии: довольно частые события, причем даже в двуполых популяциях
- Чешуйчатые рептилии: редкие случаи триплоидии в асексуальных линиях
- Птицы: очень редкие мутации, некоторые взрослые выживают
- Млекопитающие: редкие мутации несовместимые с жизнью

An Adult Triploid Chicken *(Gallus domesticus)* with a Left Ovotestis[1]

S. Ohno, W. A. Kittrell, L. C. Christian, C. Stenius and G. A. Witt

Department of Biology, City of Hope Medical Center, Duarte, Calif.

Abstract. Cytological studies of a fully-grown Rhode Island Red chicken (*Gallus domesticus*) with ambiguous sexual characteristics revealed a triploid chromosome constitution with two Zs (3A-ZZ). While this bird had the left oviduct and right rudimentary gonad of a normal hen, the left gonad was like an ovotestis with a sharply defined cortex and medulla. In the cortex were embryonic ovigerous cords containing oöcytes in first meiotic prophase; those oöcytes which had reached dictyotene and formed primordial follicles were degenerative. In the medulla were well-developed seminiferous tubules, a few of which contained sperm heads, although in most spermatocytes, meiosis had not proceeded very far. No diploid cells were found in squash preparations of spleen, bone marrow, or gonad; both somatic cells and germ cells were triploid.

Discovery of tetraploidy in a mammal

The red viscacha rat is unaffected by having double the usual number of chromosomes.

Polyploidy, or having more than a pair of each type of chromosome, is considered to be unlikely in mammals because it would disrupt the mechanism of dosage compensation that normally inactivates one X chromosome in females[1]. Also, any imbalance in chromosome number should affect the normal developmental processes and therefore constitute an evolutionary end, as in triploid humans[2].

Nevertheless, genetic evidence indicates that the red viscacha rat, *Tympanoctomys barrerae* (Octodontidae)[3], is tetraploid. *T. barrerae*, which is a highly specialized desert rodent[4], has the largest chromosome complement in mammals[5] with a single XY sex-chromosome system (Fig. 1). Although little is known about meiotic chromosome pairing in *T. barrerae*, the constant diploid number found in 13 specimens examined at three localities in Argentina indicates that segregation occurs normally.

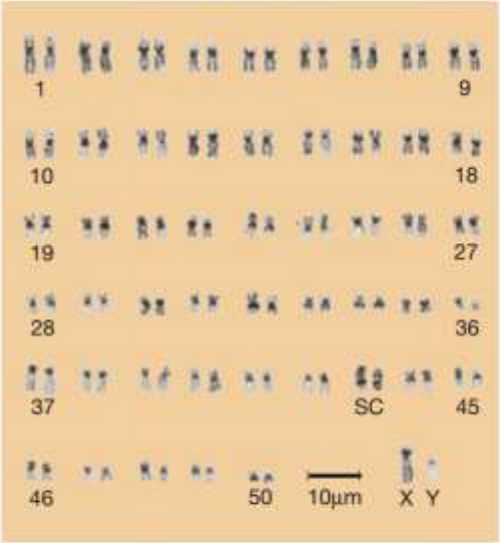


Figure 1 C-banded karyotype of a male *Tympanoctomys barrerae* from Mendoza, Argentina (4*N* = 102; fundamental number of autosomal arms is 200). The karyotype includes 36 pairs of metacentric to submetacentric chromosomes and 14 pairs of subtelocentric autosomes. The X chromosome is the largest element,

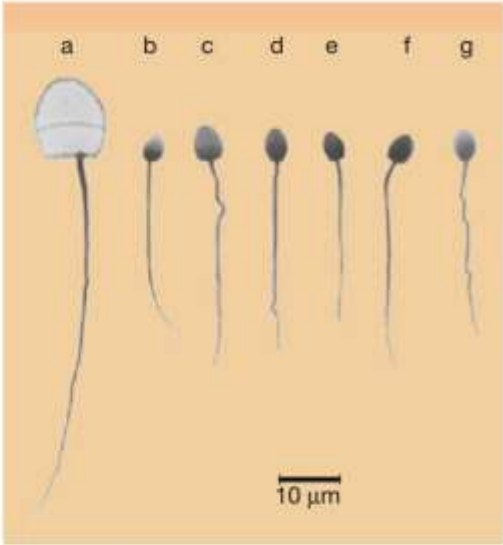
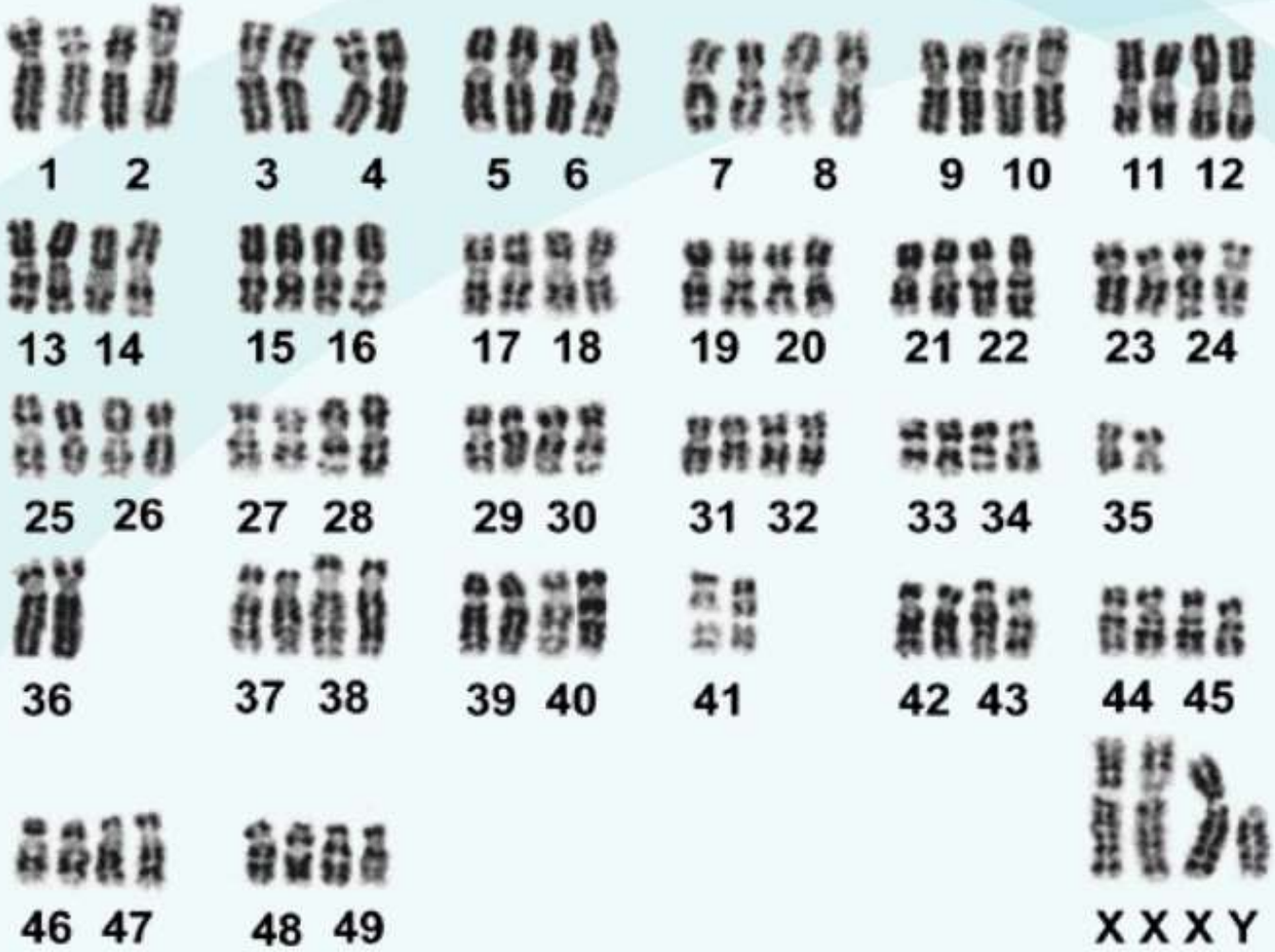
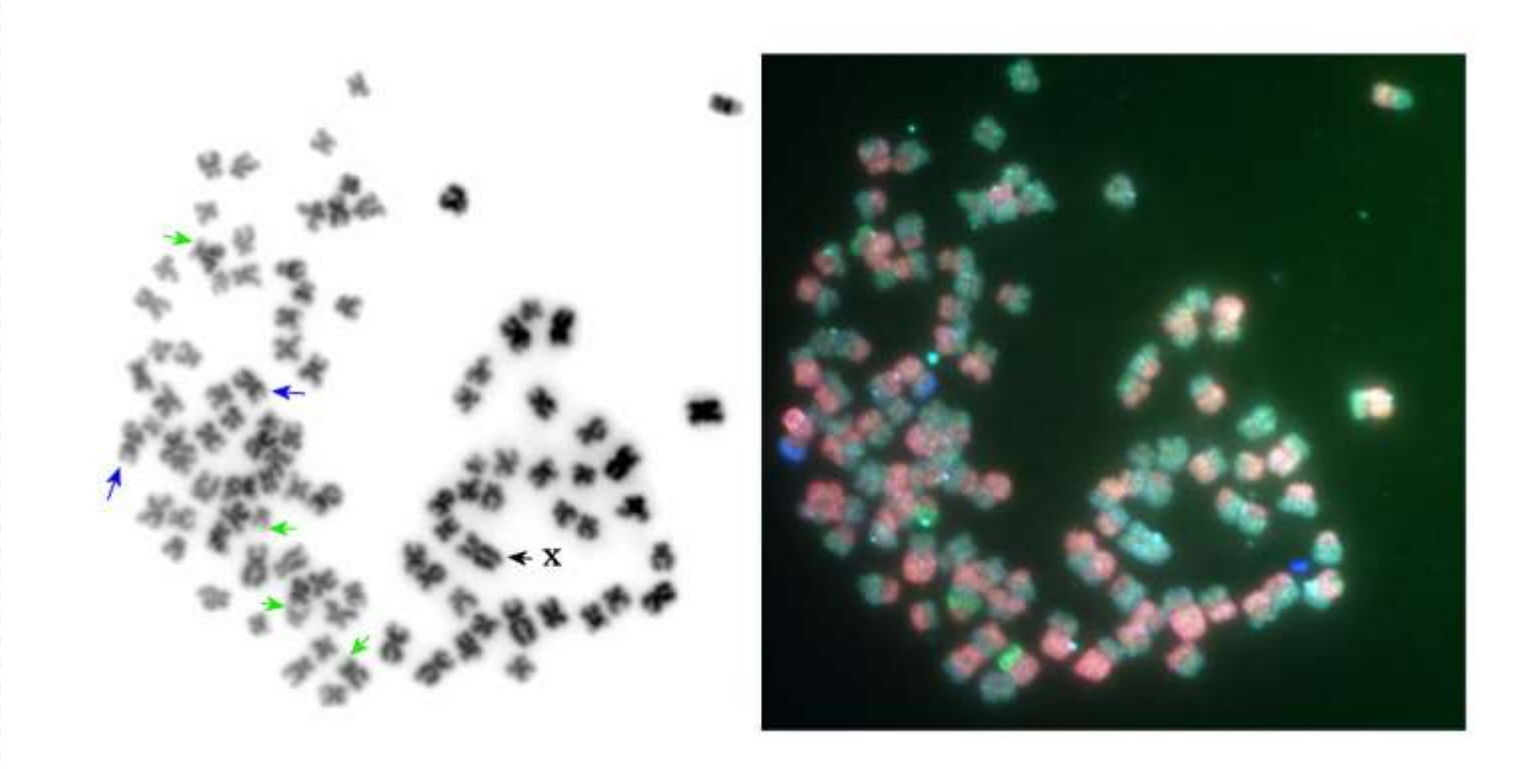


Figure 2 Bright-field photomicrograph of sperm cells from different genera in the families Octodontidae and Abrocomidae. **a,** *Tympanoctomys barrerae*; **b,** *Aconaemys fuscus*; **c,** *Octodon degus*; **d,** *Spalacopus cyanus*; **e,** *Octomys mimax*; **f,** *Octodontomys gliroides*; **g,** *Abrocoma bennetti*.

~~Тетраплоидия у млекопитающих~~



Кариотип равнинной вискачевой крысы (Gallardo et al., 2006).
Размер генома – 8.4 pg



» Гибридизация повторенной фракции ДНК (красный) и отдельных пэйнтинг проб дегу (синий и зеленый) на хромосомы вискашевой крысы.

Evolution of the Largest Mammalian Genome

Ben J. Evans[1,*], Nathan S. Upham[1,2,3,*], Goeffrey B. Golding[1], Ricardo A. Ojeda[4], and Agustina A. Ojeda[4]

[1]Biology Department, McMaster University, Hamilton, Ontario, Canada

[2]Field Museum of Natural History, Chicago, IL

[3]Department of Ecology and Evolutionary Biology, Yale University, New Haven, CT

[4]Grupo de Investigaciones de la Biodiversidad (GIB), Instituto Argentino de Investigaciones de Zonas Áridas (IADIZA), Mendoza, Argentina

*Corresponding authors: E-mails: evansb@mcmaster.ca; nathan.upham@yale.edu.

Accepted: June 21, 2017

Data deposition: Sequence data and assemblies from this study are deposited in the Sequence Read Archive of the National Center fo Biotechnology Information (NCBI), study SRP102508, bioproject PRJNA380259, including RNA sequencing (RNAseq) reads and transcriptome assemblies for *O. mimax*, *T. barrerae*, *X. tropicalis*, and *X. laevis*, and whole genome sequencing (WGS) reads, for *O. mimax* and *T. barrerae* Contigs >200 bp in length from the draft whole genome assemblies for *O. mimax* and *T. barrerae* have been deposited at DDBJ/ENA/GenBank ir subproject ID SUB2517200 under the accession NDGM00000000 and NDGN00000000. The versions described in this paper are versior NDGM01000000 and NDGN01000000. High abundance k-mer contig assemblies are provided in the Supplementary Material online.

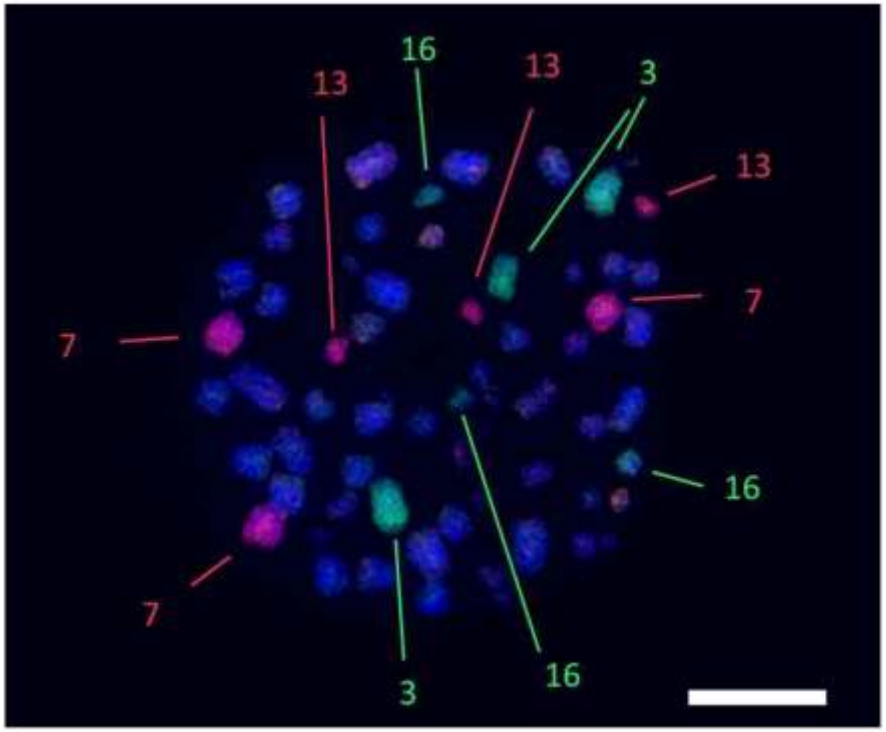
Abstract

The genome of the red vizcacha rat (Rodentia, Octodontidae, *Tympanoctomys barrerae*) is the largest of all mammals, anc about double the size of their close relative, the mountain vizcacha rat *Octomys mimax*, even though the lineages that gave rise to these species diverged from each other only about 5 Ma. The mechanism for this rapid genome expansion is contro versial, and hypothesized to be a consequence of whole genome duplication or accumulation of repetitive elements. To tes these alternative but nonexclusive hypotheses, we gathered and evaluated evidence from whole transcriptome and whole genome sequences of *T. barrerae* and *O. mimax*. We recovered support for genome expansion due to accumulation of a diverse assemblage of repetitive elements, which represent about one half and one fifth of the genomes of *T. barrerae* anc *O. mimax*, respectively, but we found no strong signal of whole genome duplication. In both species, repetitive sequences were rare in transcribed regions as compared with the rest of the genome, and mostly had no close match to annotatec repetitive sequences from other rodents. These findings raise new questions about the genomic dynamics of these repetitive elements, their connection to widespread chromosomal fissions that occurred in the *T. barrerae* ancestor, and their fitness effects—including during the evolution of hypersaline dietary tolerance in *T. barrerae*.

Key words: whole genome duplication, repetitive DNA, mammals, Rodentia, Caviomorpha, Octodontidae.

Спонтанная полиплоидизация у позвоночных

» Осетровые, караси, ящерицы, амфибии



Хромосомы триплоидного пентангского чешуепалого геккона (Lepidodactylus lugubris) (из Trifonov et al 2015)

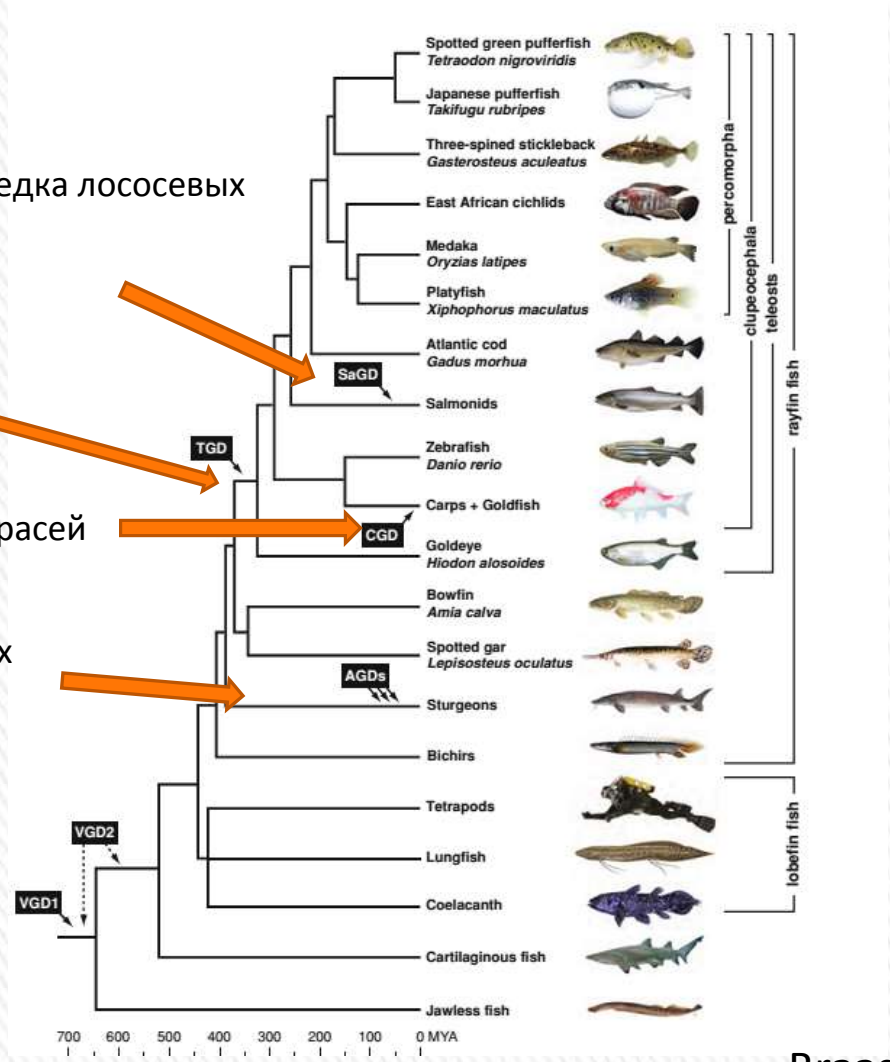
События полиплоидизации у лучеперых рыб

ПДГ предка лососевых

ПДГ предка костистых рыб

ПДГ предка карпа и карасей

ПДГ осетрообразных



Braasch, Postlethwait 2012

P. S. Soltis and D. E. Soltis (eds.), *Polyploidy and Genome Evolution*,
DOI: 10.1007/978-3-642-31442-1_17, © Springer-Verlag Berlin Heidelberg 2012

Предковый кариотип костных

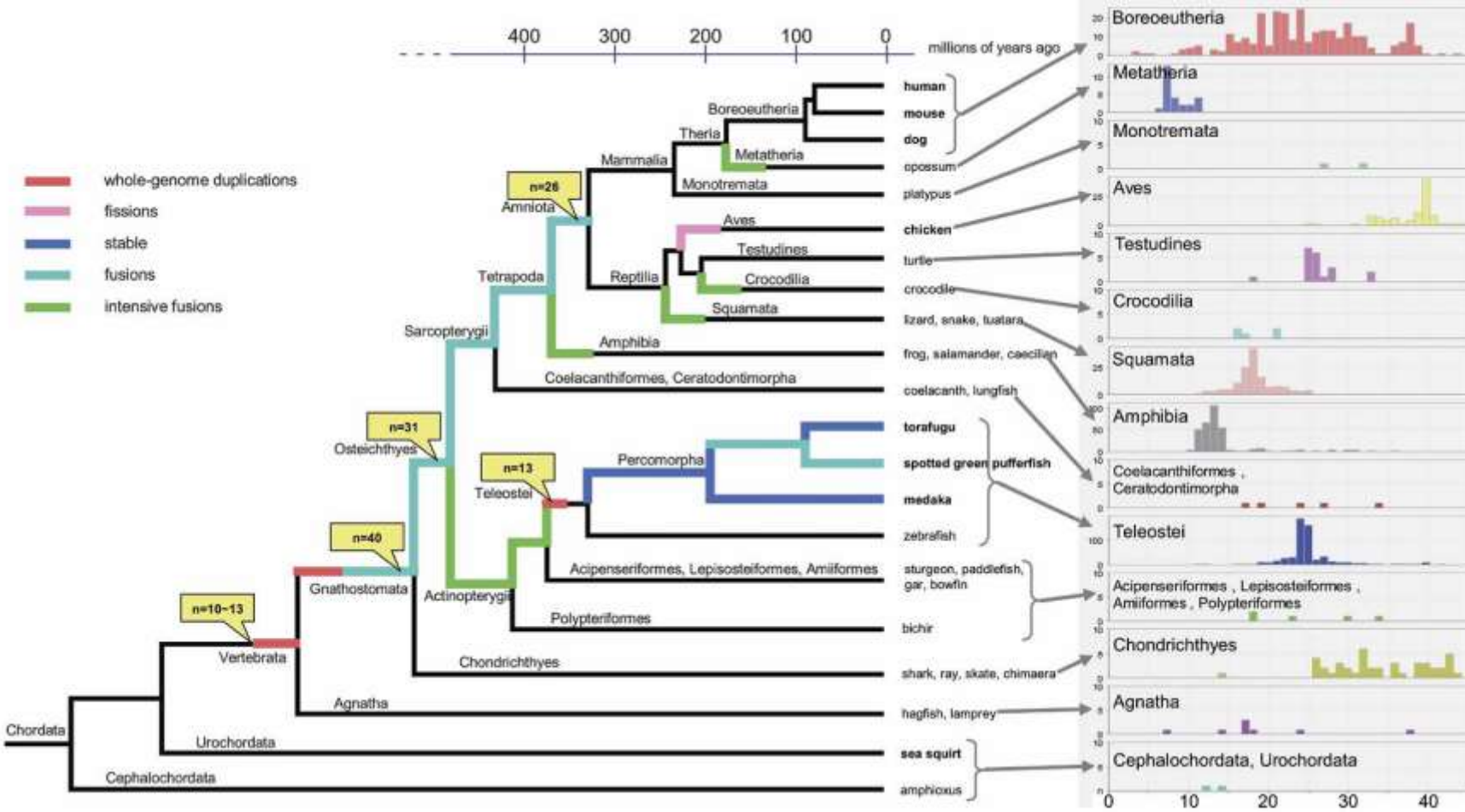
- Сравнение геномов амниот и костистых рыб:
- Предковый кариотип хордовых содержал 17 синтенных блоков (Putnam et al. 2008)
- После двух ПГД → 68 хромосом
- Предковых кариотип костных животных – 12 пар хромосом. Огромное число слияний!
- Vandepoele K, De Vos W, Taylor JS, Meyer A, Van de Peer Y:
  Major events in the genome evolution of vertebrates:
  paranome age and size differ considerably between rayfinned fishes and land vertebrates. Proc Natl Acad Sci U S A
  2004, 101 :1638-1643.
  Naruse K, Tanaka M, Mita K, Shima A, Postlethwait J, Mitani H: A
  medaka gene map: the trace of ancestral vertebrate protochromosomes revealed by comparative gene mapping.
  Genome Res 2004, 14:820-828.
  Woods IG, Wilson C, Friedlander B, Chang P, Reyes DK, Nix R,
  Kelly PD, Chu F, Postlethwait JH, Talbot WS: The zebrafish gene
  map defines ancestral vertebrate chromosomes.
  Genome Res 2005, 15:1307-1314

Article

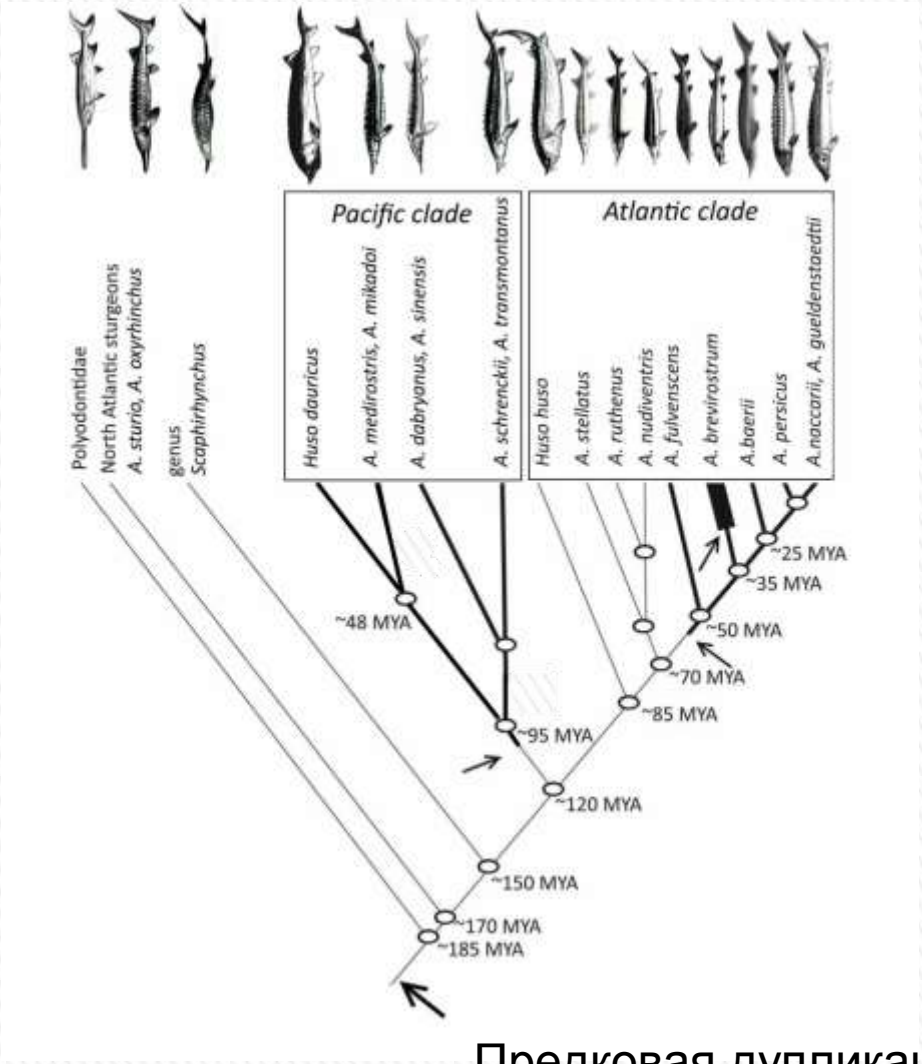
Reconstruction of the vertebrate ancestral genome reveals dynamic genome reorganization in early vertebrates

Yoichiro Nakatani,[1,5] Hiroyuki Takeda,[2] Yuji Kohara,[3] and Shinichi Morishita[1,4,5]

[1]Department of Computational Biology, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo, Kashiwa 277-0882, Japan; [2]Department of Biological Sciences, Graduate School of Science, The University of Tokyo, Tokyo 113-0033, Japan; [3]Center for Genetic Resource Information, National Institute of Genetics, Mishima 411-8540, Japan; [4]Bioinformatics Research and Development (BIRD), Japan Science and Technology Agency (JST), Tokyo 102-8666, Japan



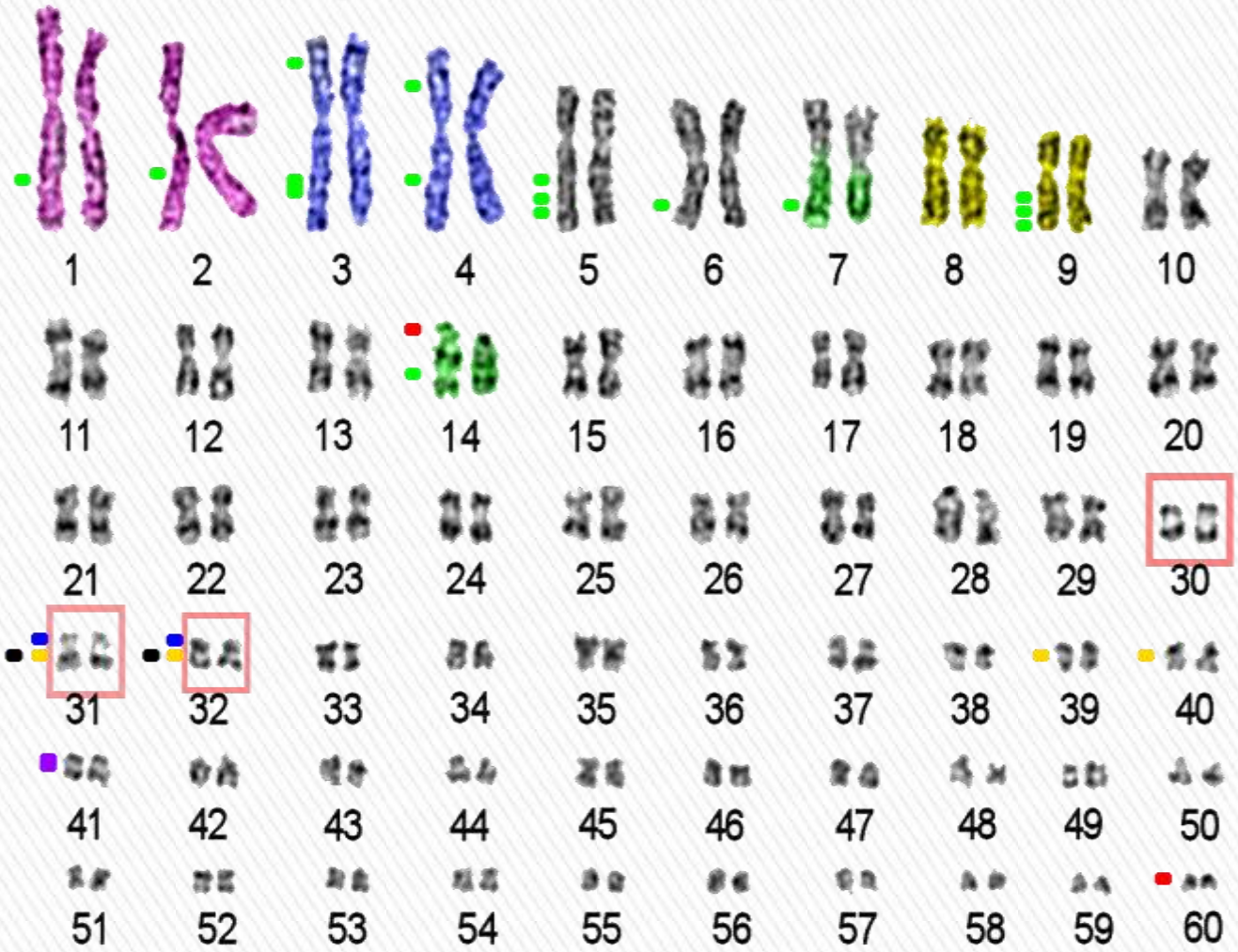
Филогения осетрообразных



Предковая дупликация остерообразных?

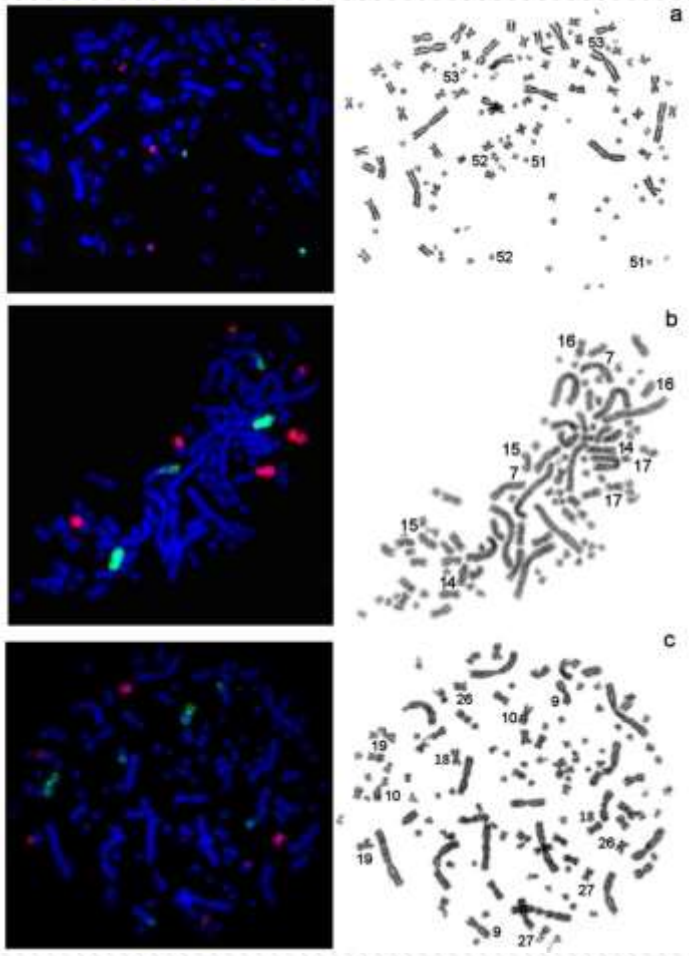
based on a tree and approximate divergence times suggested by Peng et al. (2007). Arrows indicate the polyploidization events. The line width corresponds to polyploidy level

Выявление паралогичных хромосом с помощью хромосомспецифичных повторов

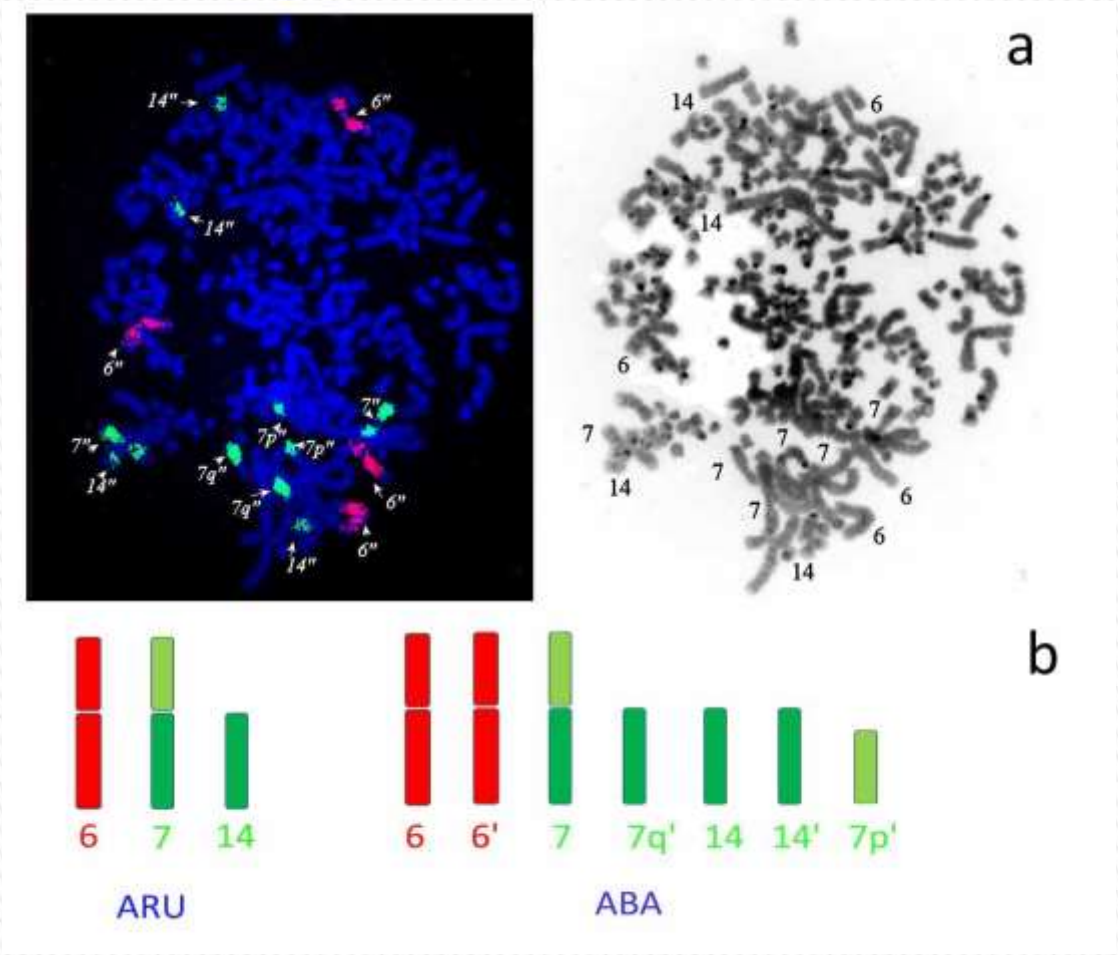


AAT, Arut26A, Arut167A, Arut219A, Arut434A, Arut802A.

Выявление предковой палеотетраплоидии с помощью хромосомного пэйнтинга



Визуализация разной эволюции паралогов у сибирского осетра



Sterlet genome sequencing

- Genomes and transcriptomes of male and female sterlet were sequenced on HiSeq platform;
- After QC and trimming using k-mer analysis genome size was estimated as 1.4-1.8 Gbp, coverage for each sample is ca 28x. Assembly with three programs was performed, only SOAPdeNovo was successful in reconstructing contigs with N50= 500.
- Some repetitive elements were found to be overrepresented in the female genome

- Transcriptome
- Illumina HiSeq PE reads were generated for two samples (Male gonad and Female spleen) of polyA-RNA libraries. After QC and trimming preliminary assembly was conducted. Now (20150420) protein annotation, read filtration and scaffolding with other species transcriptomes are under process.

- PACBIO sequencing
- RAD seq

sample	Read length, bp	type	insert size, bp	read pairs
B1 (Female 8f)	100	gDNA	420(300)	216379439
B2 (Male 9m)	100	gDNA	420(300)	222530849
RNA1 (Male gonad)	100	polyA-RNA	282(162)?	105913690
RNA3 (Female spleen)	100	polyA-RNA	220(100)?	94135627

Секвенирование отдельных хромосом стерляди

MIDI No	peak no	chr. No	reads	reads aligned concordantly exactly 1 time (gar)		gar chr.	reads aligned concordantly exactly 1 time (HSA)	
				reads	%		reads	%
S1	51	16	136912	1806	1.32	7	9636	7.04
S2	52	13	107177	2068	1.93	12, 20?	13805	12.88
S3	53	11	85926	1015	1.18	12	8458	9.84
S4	55	23 or 25	100975	1077	1.07	27?	17486	17.32
S5	56	15	109161	1064	0.97	10, 23	8482	7.77
S6	57	22	66669	968	1.45	27	14731	22.10
S7	58	14	83882	1493	1.78	1, 8	11054	13.18
S8	59	11	98724	1493	1.51	12, 20?	6808	6.90
S9	60	18	63454	564	0.89	7	3945	6.22
S10	61	4	78743	1702	2.16	14	2274	2.89
S11	63	5	52435	1085	2.07	4	1609	3.07
S12	64	8 or 9	41692	738	1.77	-	2266	5.44
S13	68	6	62191	1171	1.88	4	2818	4.53
S14	69	7	64839	1048	1.62	12	3126	4.82
S15	70	3	42616	826	1.94	1	2421	5.68

Photo by Raimond Spekking

OPEN

The spotted gar genome illuminates vertebrate evolution and facilitates human-teleost comparisons

Ingo Braasch[1,3*], Andrew R Gehrke[2], Jeramiah J Smith[3], Kazuhiko Kawasaki[4], Tereza Manousaki[5],

Ancient paralogs in sterlet genome

```
DLGEGGFGSSTLLKLTYDKFDVNLRNDDALLKNYGLLSCFKKDMHKVETYLKVMKCRRFVESN ANU

DLGEGGFGSSTLLKLTYDKFDVNLRNDDGLFKNYGLLSCFKKDMHKVETYLKVMKCRRFVESN ARU2
DLGEGGFGSSTLLKLTYDMFDVNLRNNDAVFKNYGLLSCFKKDMHKVETYLKVMKCRRFVESN ARU3
DLGEGGFGSSTLLKLTYDKFDVNLRNDDALFKNYGLLSCFKKDMHKVETYLKVMKCRRFVESN ADA
DLGEGGFGSSTLLKLTYDKFDVNLRNDDALFKNYGLLSCFKKDMHKVETYLKVMKCRRFVESN AGU1
DLGEGGFGSSTLLKLTYDMFDVNLRNNDVLFKNYGLLSCFKKDMHKVETYLKVMKCRRFVESN AGU2
DLGEGGFGSSTLLKLTYDKFDVNLRNDDALFKNYGLLSCFKKDMHKVEAYLKVVKCRRFVESN ASC
DLGEGGFGSSTLLKLTYDKFDVNLRNDDALFKNYGLLSCFKKDMHKVETYLKVMKCRRFVESN HHU1
DLGEGGFGSSTLLKLTYDKFDVNLRNDDALFKNYGLLSCFKKDMHKVETYVKVVTCSCFVESN HHU2
DLGEGGFGSSTLLKLTYDKFDVNLRNDDALFKNYGLLSCFKKDMHKVETYLKVMKCRRFVESN ASI1
DLGEGSFGSSTLLKLTYDKFDVNLRNDDAVFKNYGLLSCFKKDMHKVETYLKVMKCRRFVESN HAD
DLGEGGFGSSTLLKLTYDKFDVNLRNDDALFKNYGLLSCFKKDMHKVETYLKVMKCRRFVESN ABA1
DLGEGGFGSSTLLKLTYDKFDVNLRNDDGLFKNYGLLSCFKKDMHKVETYLKVMKCRRFVGSN ABA2
DLGEGGFGSSTLLKLTYDMFDVNLRNNDAVFKNYGLLSCFKKDMHKVETYLKVMKCRRFVESN ABA3
DLGEGGFGSSTLLKLTYDKFDVNLRNDDALFKNYGLLSCFKKDMHKVETYLKVMKCRRFVESN APE1
```

Два паралога соматотропина были ранее обнаружены в геноме 240-хромосомного русского осетра (Yasuda et al 1992), отличающиеся по 3 заменам аминокислотных остатков. Мы обнаружили два паралога соматотропин а в геноме стерляди (2n=120), что указывает а их происхождение у общего предка осетровых почти 200 млн лет назад

Множественные локусы легких цепей иммуноглобулинов (IGL) в геноме стерляди

Анализ транскриптома стерляди → четыре локуса IGL.

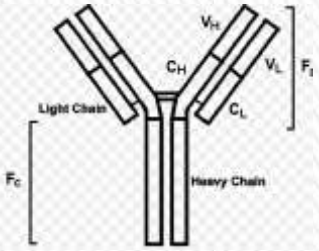
Гетерогенные кДНК IGL1-4 амплифицировали и секвенировали на MiSeq Illumina.

Анализ последовательностей подтвердил высокую гетерогенность одного из ранее описанных локусов
и мы описали новое семейство V - сегментов этого локуса.

Продукты других трех локусов (IgL2-4) описаны впервые. Один из них (IgL4) кодирует инвариантную легкую цепь с необычным укороченным доменом на N конце без гомологии с другими IG доменами.

Эта цепь может использоваться как промежуточный посредник при рекомбинации тяжелых цепей иммуноглобулинов. Две других цепи (IgL2-3) кодируют обычные рекомбинирующие легкие цепи, но их разнообразие очень низко (только по 1-3 сегментам V, J и C). Такие низкое разнообразие было описано у костистых рыб.

- Дальнейший анализ экспрессии IgL2-4 укажет на функции этих необычных IgL.



Заключение

1) Наличие нескольких геномов в клетке было критическим этапом при происхождении и ранней эволюции эукариот;
2) Эволюция путем полной дупликацией генома является распространенным процессом у эукариот, за исключением случаев “эволюционных ловушек”, сильно усложняющих этот процесс;
3) Импринтинг и высокая чувствительность к дозе генов создали эффект «эволюционной ловушки» для ПГД у млекопитающих;
4) Полногеномные дупликации ведут к эволюционным инновациям в далекой перспективе, хотя сразу после события ПГД возникает множество серьезных проблем, известных как «геномный стресс»
5) Рыбы и амфибии, а в особенности некоторые их таксоны (осетровые) являются удобными моделями для исследования процессов ПГД
6) Минимальный современный геном осетровых представляет собой мозаику из тетраплоидных, диплоидных и частично вырожденных районов, подтверждая модель диплоидизации после ПГД
7) Синтенные группы генома выявляются между осетрообразными (стерлядь) и костными ганоидами (панцирная щука) путем секвенирования отдельных хромосом
8) Фертильность межвидовых гибридов и склонность к полиплоидизации могут быть связаны, что может объясняться ослаблением чекпойнтов в пахитене

Acknowledgements

Institute of Molecular and Cellular Biology SB RAS, Novosibirsk

- *Romanenko SA*
- *Pobedintseva MA*
- *Andreyushkova DA*
- *Kulemzina AI*
- *Vorobieva NV*
- *Beklemisheva VR*
- *Biltueva LS*
- *Gladkih OL*
- *Lemskaya NA*
- *Makunin AI*
- *Serdyukova NA*
- *Kichigin IG*
- *Druzhkova AS*
- *Prokopov D.Yu.*
- *Guselnikov S.V.*
- *Graphodatsky AS*

Novosibirsk Branch of the Research and Manufactoring Fishery Center, Novosibirsk

- *Interesova EA*

Engelhardt Institute of Molecular Biology of RAS, Moscow

- *Kudryavtseva AV*

Theodosius Dobzhansky Center for Genome Bioinformatics , SpbU St Petersburg

- *Komissarov AS*
- *Kliver S*

University of Wuerzburg

- ***Manfred Schartl***

The work was supported by RSF № 14-14-00275

RSF | Russian Science Foundation