

Дифференциальная экспрессия генов в морских и пресноводных популяциях трёхиглой колюшки *Gasterosteus aculeatus*

Кузнецов Иван Алексеевич

Студент (специалист)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

E-mail: ikuz96@mail.ru

Трёхиглая колюшка, живущая в морской воде, способна заселять пресноводные водоёмы и за эволюционно короткое время адаптироваться к новым условиям среды обитания. При этом в пресноводных популяциях, независимо возникших из общей предковой морской популяции, наблюдаются признаки параллельной эволюции: положительному отбору подвержены общие аллели, редкие в предковой популяции. При сравнении геномов особей из пресноводных и морских популяций *Gasterosteus aculeatus* были определены участки, содержащие большое количество различий между двумя популяциями по сравнению со средним значением вдоль по геному, называемые «островами дивергенции».

Цель данной работы - анализ данных по уровню экспрессии генов в особях из морских и пресноводных популяций, полученных методом гибридизации кДНК на микрочипе.

В ходе выполнения работы были использованы данные по экспрессии генов в семи различных тканях *Gasterosteus aculeatus*, находящиеся в открытом доступе. Анализ осуществлялся с помощью пакетов для R, собственных скриптов на Python и Microsoft Excel.

В данном исследовании было показано, что во всех тканях количество дифференциально экспрессируемых генов, находящихся на участках островов дивергенции, превышает количество, ожидаемое исходя из общих данных по соответствующим тканям. Для отдельных островов дивергенции отношение наблюдаемого количества дифференциально экспрессируемых генов к ожидаемому по разным тканям сравнительно одинаково. Вместе с тем существует несколько генов, для которых дифференциальная экспрессия наблюдается во всех тканях. Как правило, кодируемые ими белки имеют функции, важные для общей регуляции метаболизма, поддержания гомеостаза и для функционирования иммунной системы. Кроме того, обнаружены группы генов, в том числе расположенных в одних островах дивергенции, профили дифференциальной экспрессии которых по различным тканям полностью или частично совпадают. Белки, кодируемые генами из этих групп, предположительно, задействованы в тесно связанных процессах, требующих комплексной регуляции.

Данные по дифференциальной экспрессии генов позволяют лучше понять механизмы процессов адаптации у трёхиглой колюшки.