

## Эволюционные сценарии изменения типов наследования митохондриальных ДНК

Научный руководитель – Кнорре Дмитрий Алексеевич

*Кравченко Павел Андреевич*

*Студент (специалист)*

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

*E-mail: Pavel-Kravchenko@yandex.ru*

Митохондрии - двумембранные органеллы, произошедшие путём эндосимбиоза от безъядерных организмов. В большинстве случаев они сохранили собственный (сильно редуцированный) геном. Как правило, митохондриальная ДНК передается лишь по материнской линии от матери потомкам, но относительно недавно были обнаружены другие типы наследования: отцовское, двуродительское, а также двойное однородительское наследование (doubly uniparental). Существование разных способов реализации монородительского наследования, как и мозаичное распределение разных типов наследования на филогенетическом древе, говорит о том, что в процессе эволюции эукариот тип наследования мтДНК неоднократно менялся. Однако данные о типах наследования крайне неполны, и до сих пор непонятно, что являлось причинами смены типа наследования.

Задачей нашего исследования стало создание базы данных, систематизирующей доступную информацию о типах наследования мтДНК у разных видов. Кроме того, мы решили разработать подход, позволяющий предсказывать тип наследования мтДНК на основании анализа выравниваний последовательностей этих мтДНК, взятых для разных особей одного вида.

В результате нами была собрана база данных, включающая в себя информацию о типе наследования мтДНК для 138 таксономических единиц, принадлежащих к основным надцарствам, принятым в современной систематике

(<https://github.com/Pavel-Kravchenko/Mitochondrion-inheritance-table>). Для предсказания типов наследования мтДНК мы искали и анализировали полиморфизмы в полных митохондриальных геномах. Для каждой пары полиморфизмов рассчитывали значение LD (неравновесия по сцеплению) и расстояние между этими полиморфизмами. Так, например, для *Saccharomyces cerevisiae*, вида с двуродительским наследованием мтДНК, была обнаружена отрицательная ранговая корреляция LD с расстоянием между полиморфизмами (Kendall's tau coefficient: -0.2386 и p-value < 2.2e-16), что можно интерпретировать как наличие рекомбинации между разными вариантами мтДНК в популяциях дрожжей. Для протестированных видов с монородительским наследованием мтДНК (*Mus musculus*, *Ursus arctos*, *Canis lupus*, *Drosophila melanogaster*), в соответствии с нашими ожиданиями, отрицательной корреляции обнаружено не было. Однако для большинства видов предсказание типа наследования оказалось затруднено из-за слишком большого эволюционного расстояния между последовательностями, имеющимися в базах данных.

Реализация алгоритма доступна из репозитория GitHub по адресу: <https://github.com/Pavel-Kravchenko/Evolution-of-mitochondrial-DNA-inheritance-patterns>.

Слова благодарности

Выражаю благодарность своему научному руководителю Д.А.Кнорре.