МОЛЕКУЛЯРНАЯ ЭВОЛЮЦИЯ

Molecular Evolution

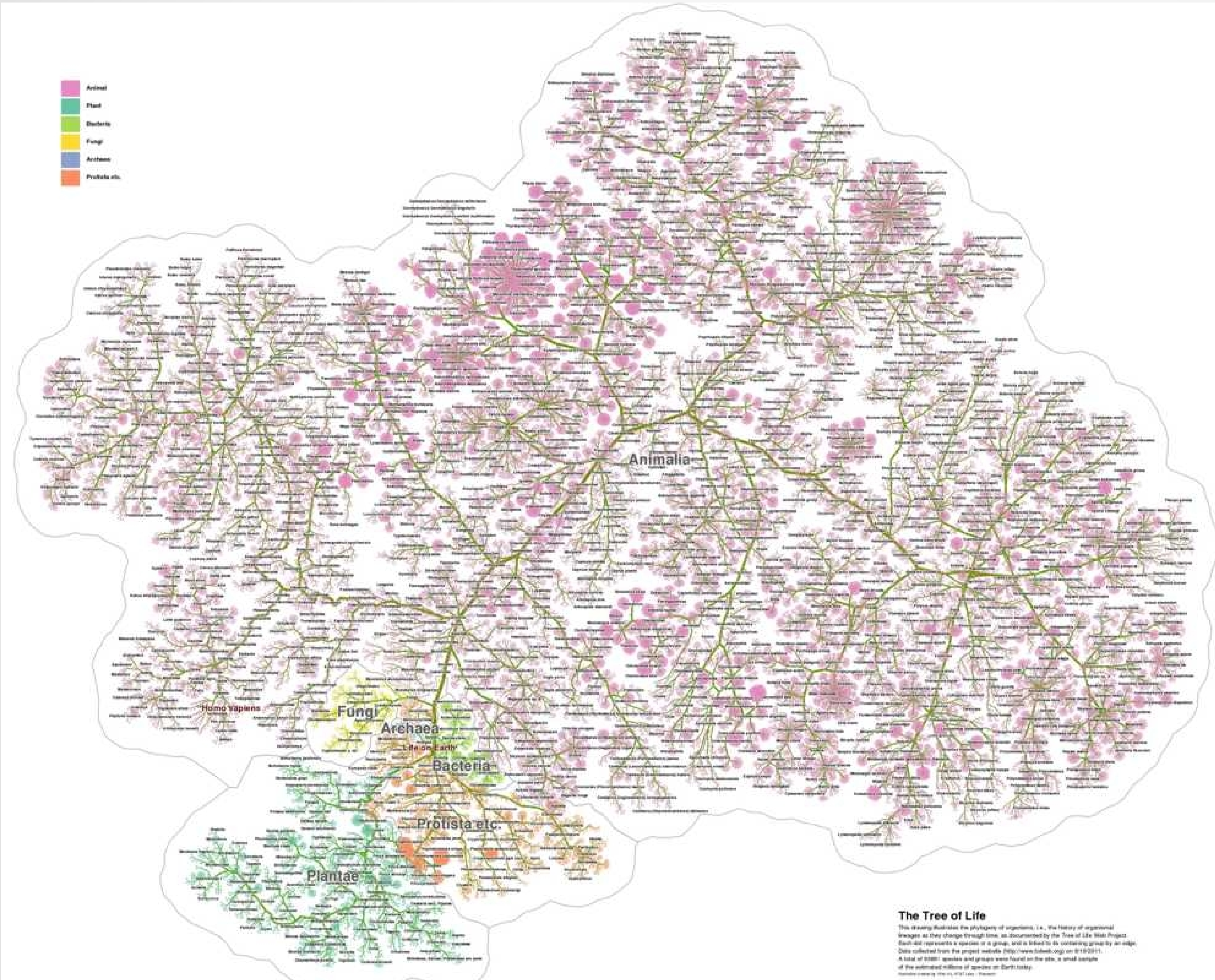
Irkutsk 2016

ОСНОВЫ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ЭВОЛЮЦИИ

The Basics of Molecular Evolution.

Irkutsk 2016

Дерево жизни



93891 species

http://yifanhu.net/TOL/

МОЛЕКУЛЯРНАЯ ЭВОЛЮЦИЯ

Молекулярная эволюция это процесс изменений в составе последовательностей информационных молекул - ДНК, РНК и белков - в поколениях.

Основные вопросы молекулярной эволюции - скорость и степень влияния нуклеотидных замен, нейтральность эволюции или естественный отбор, генетическая природа сложных признаков, генетические основы видообразования, и др.

Irkutsk 2016

Движущие силы молекулярной эволюции

Мутации
- Точечные мутации
- Дупликации
- Делеции
- Вставки
- Инверсии

Транслокации
Рекомбинации
Конверсия генов

Дрейф генов
Отбор

Irkutsk 2016

Структура и функции генов

Гены белок-кодирующие

РНК кодирующие гены

- рРНК
- тРНК
- мяРНК
- ...

Irkutsk 2016

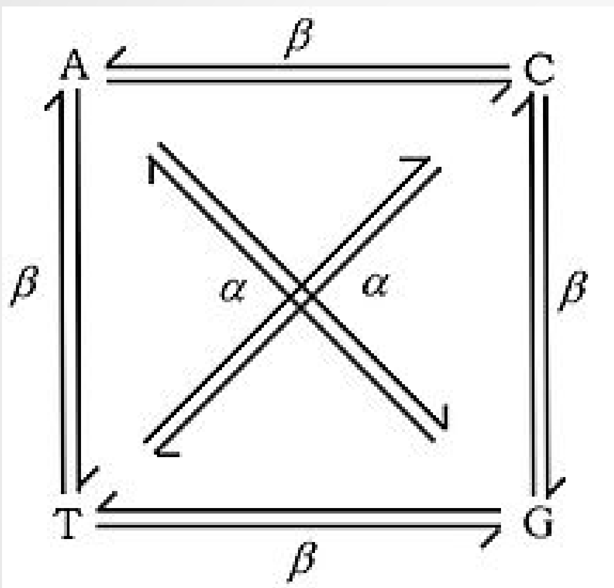
Генетический код

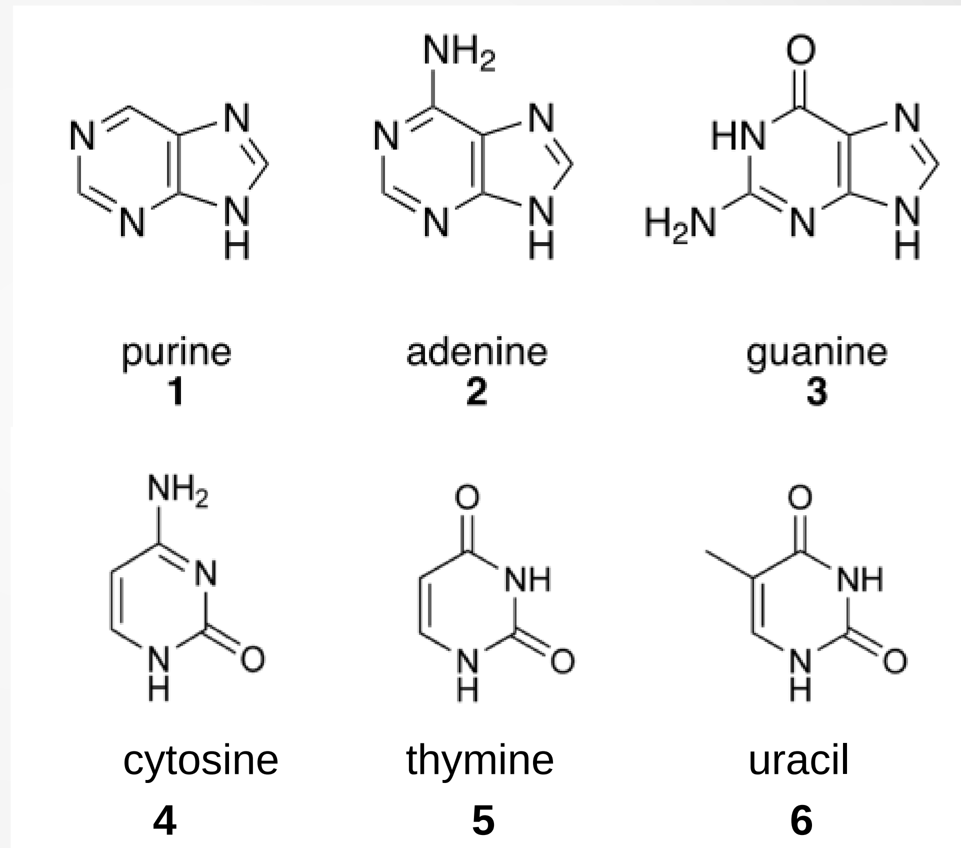
First base	Second base							
	T		C		A		G	
T	TTT	Phe (F)	TCT	Ser (S)	TAT	Tyr (Y)	TGT	Cys (C)
	TTC	Phe (F)	TCC	Ser (S)	TAC		TGC	
	TTA	Leu (L)	TCA	Ser (S)	TAA	STOP	TGA	STOP
	TTG	Leu (L)	TCG	Ser (S)	TAG	STOP	TGG	Trp (W)
C	CTT	Leu (L)	CCT	Pro (P)	CAT	His (H)	CGT	Arg (R)
	CTC	Leu (L)	CCC	Pro (P)	CAC	His (H)	CGC	Arg (R)
	CTA	Leu (L)	CCA	Pro (P)	CAA	Gln (Q)	CGA	Arg (R)
	CTG	Leu (L)	CCG	Pro (P)	CAG	Gln (Q)	CGG	Arg (R)
A	ATT	Ile (I)	ACT	Thr (T)	AAT	Asn (N)	AGT	Ser (S)
	ATC	Ile (I)	ACC	Thr (T)	AAC	Asn (N)	AGC	Ser (S)
	ATA	Ile (I)	ACA	Thr (T)	AAA	Lys (K)	AGA	Arg (R)
	ATG	Met (M) START	ACG	Thr (T)	AAG	Lys (K)	AGG	Arg (R)
G	GTT	Val (V)	GCT	Ala (A)	GAT	Asp (D)	GGT	Gly (G)
	GTC	Val (V)	GCC	Ala (A)	GAC	Asp (D)	GGC	Gly (G)
	GTA	Val (V)	GCA	Ala (A)	GAA	Glu (E)	GGA	Gly (G)
	GTG	Val (V)	GCG	Ala (A)	GAG	Glu (E)	GGG	Gly (G)

Синонимичные замены

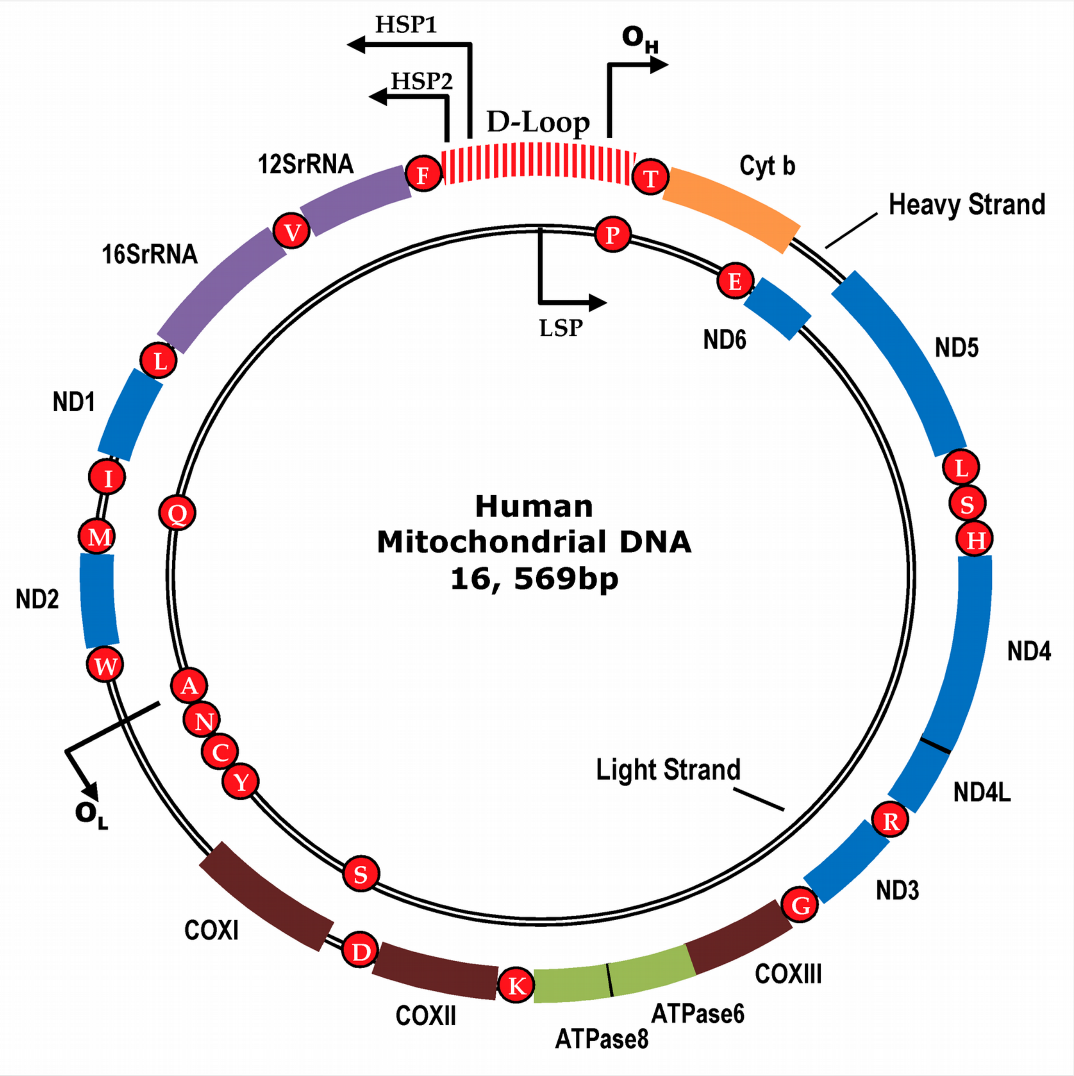
Несинонимичные замены

Генетический код



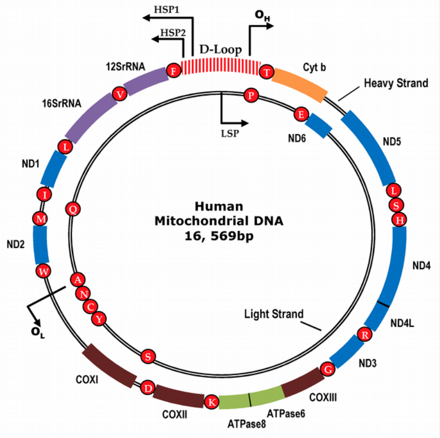


Структура и эволюция митохондриальной ДНК



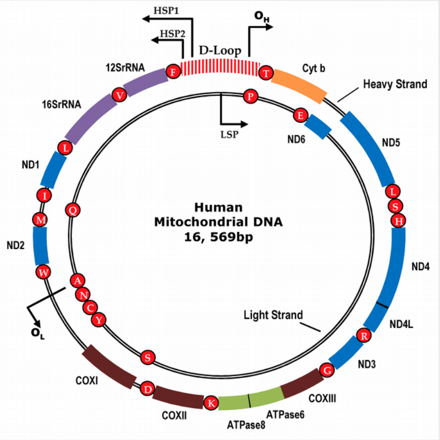
Структура митохондриальной ДНК

Кольцевая молекула



Структура митохондриальной ДНК

В основном, кольцевая молекула



Линейная

У некоторых
- Инфузорий
- Одноклеточных водорослей
- Книдарий

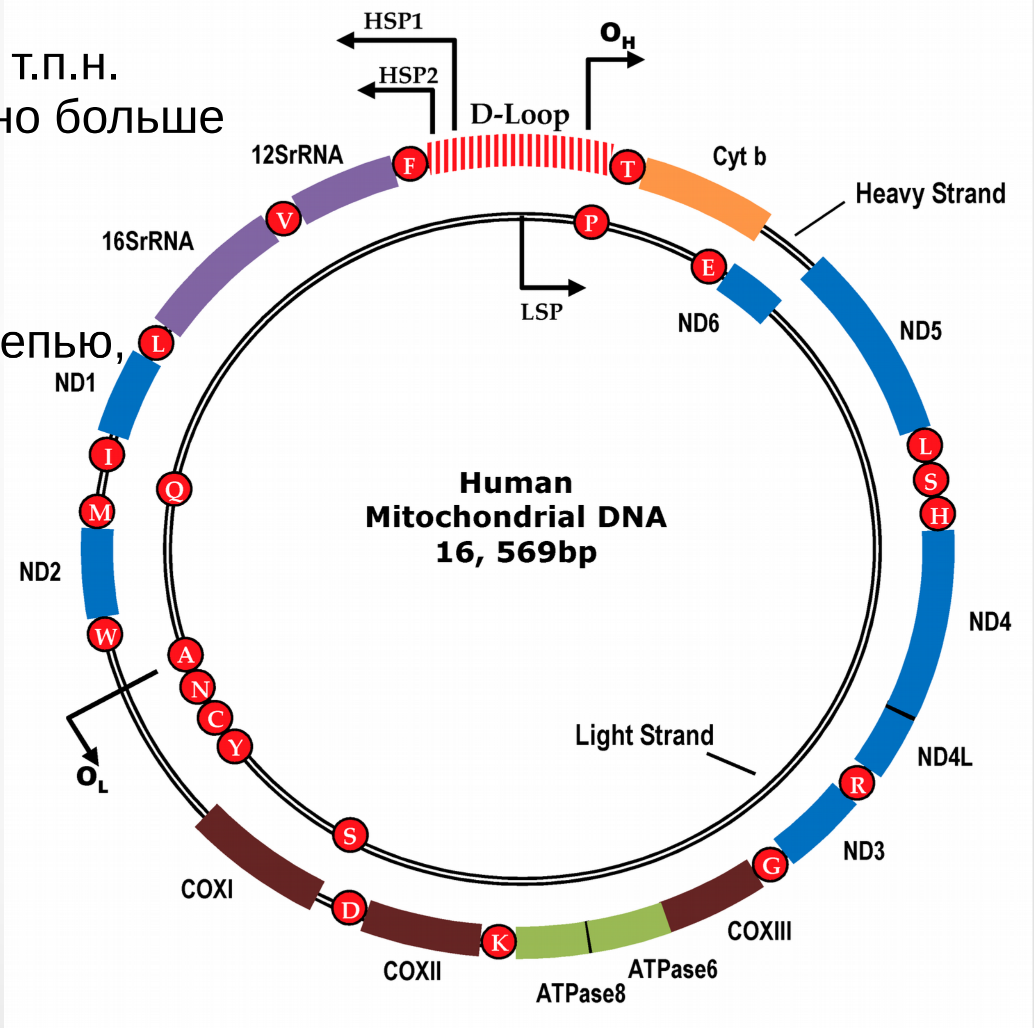
Структура митохондриальной ДНК

Размер

- У большинства животных 16 — 17 т.п.н.
- У растений и грибов — значительно больше

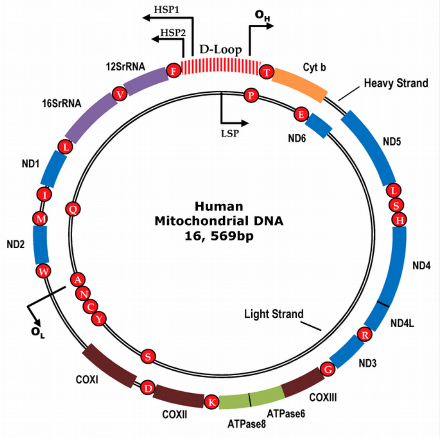
У большинства животных 37 генов

28 генов кодируются легкой (С богатой) цепью,
9 генов — тяжелой (G богатой),
13 гена — кодируют белки,
22 — тРНК
2 — рРНК



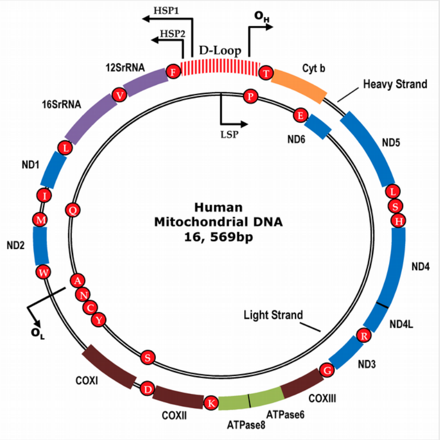
Эволюция митохондриальной ДНК

Наследуется по материнской линии



Эволюция митохондриальной ДНК

В основном, наследуется по материнской линии



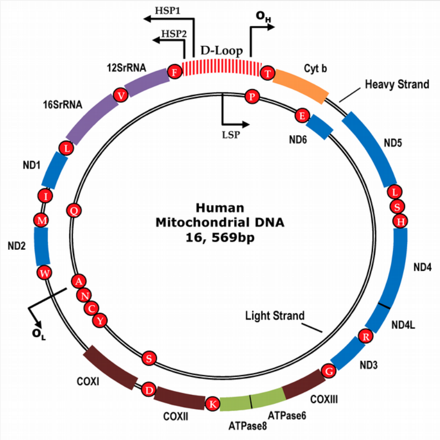
Мужское наследование отмечено для

некоторых
- Моллюсков
- Насекомых

Единичные случаи отмечены мышей, домашних кур и человека

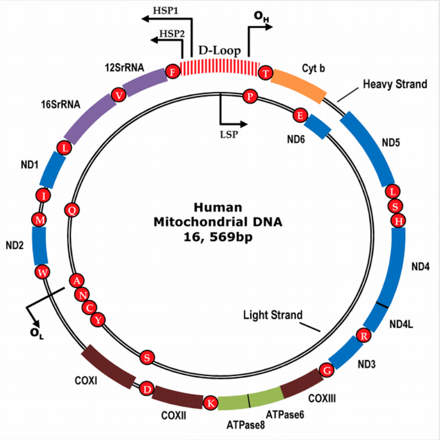
Эволюция митохондриальной ДНК

Скорость эволюции, в среднем, на порядок выше, чем в ядерном геноме.



Эволюция митохондриальной ДНК

Вопросы

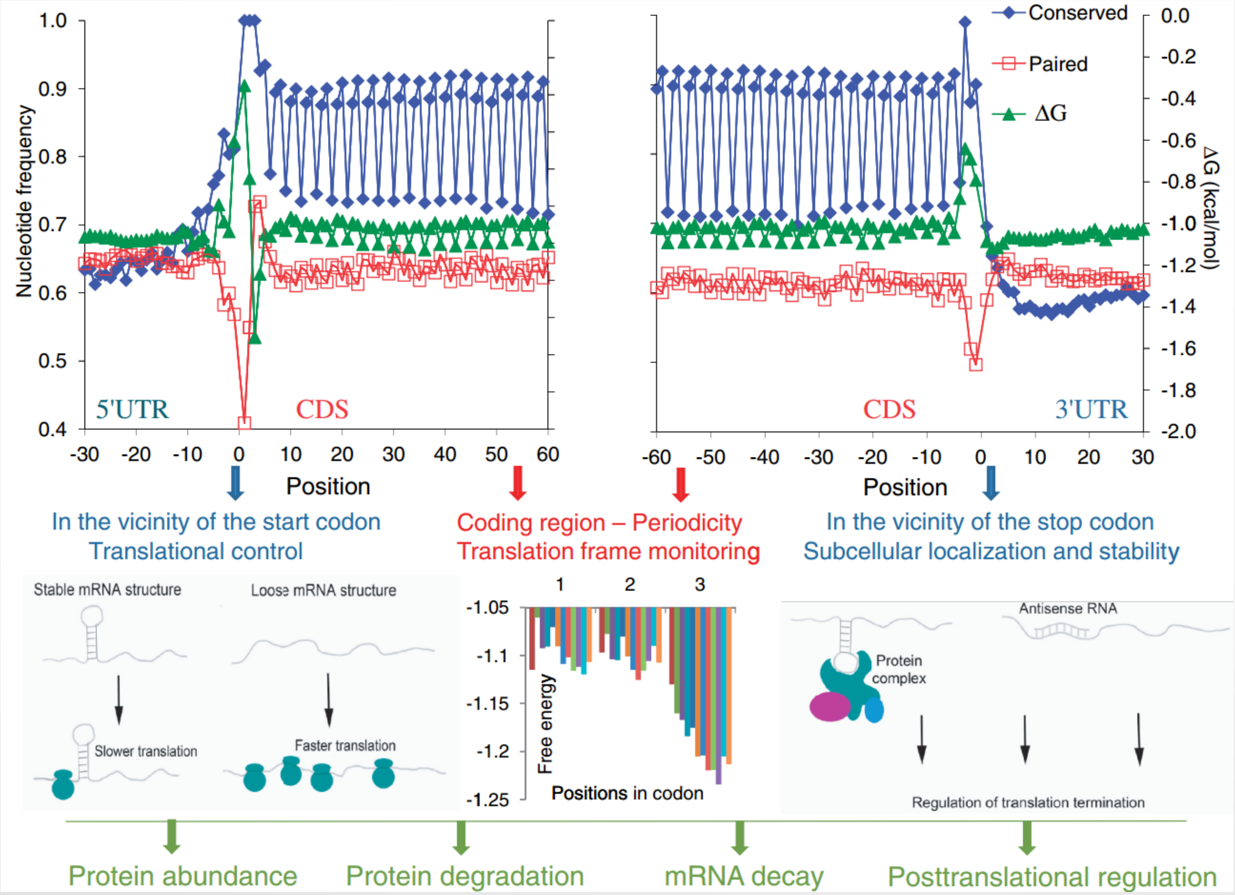


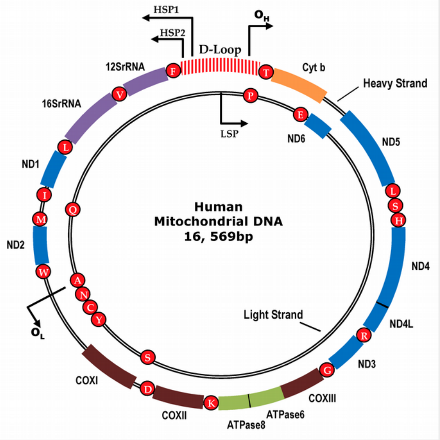
Ко-эволюция с ядерным геномом

Эволюция митохондриальной ДНК

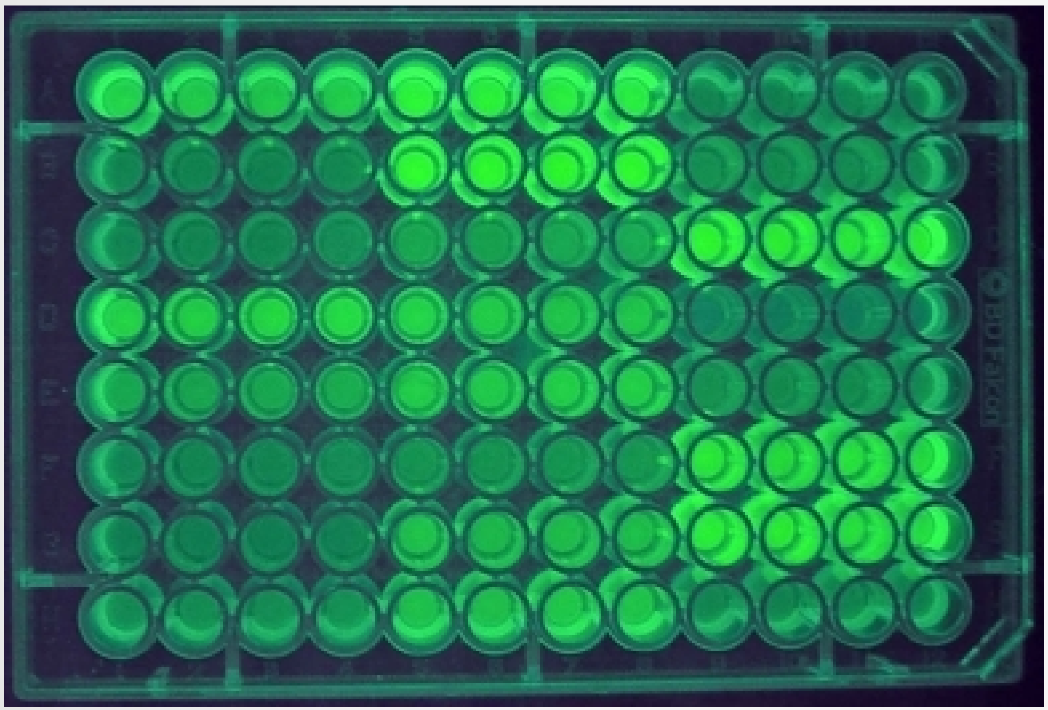
Вопросы

Роль синонимичных замен

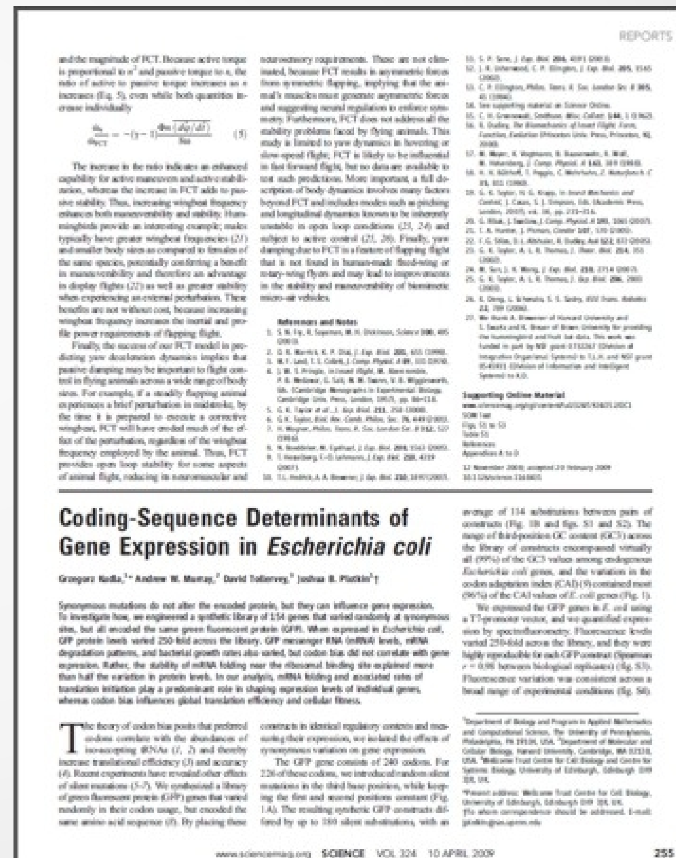




Эволюция митохондриальной ДНК



Kudla G, Murray AW, Tollervey D, Plotkin JB. Science. 2009;324:255–258.

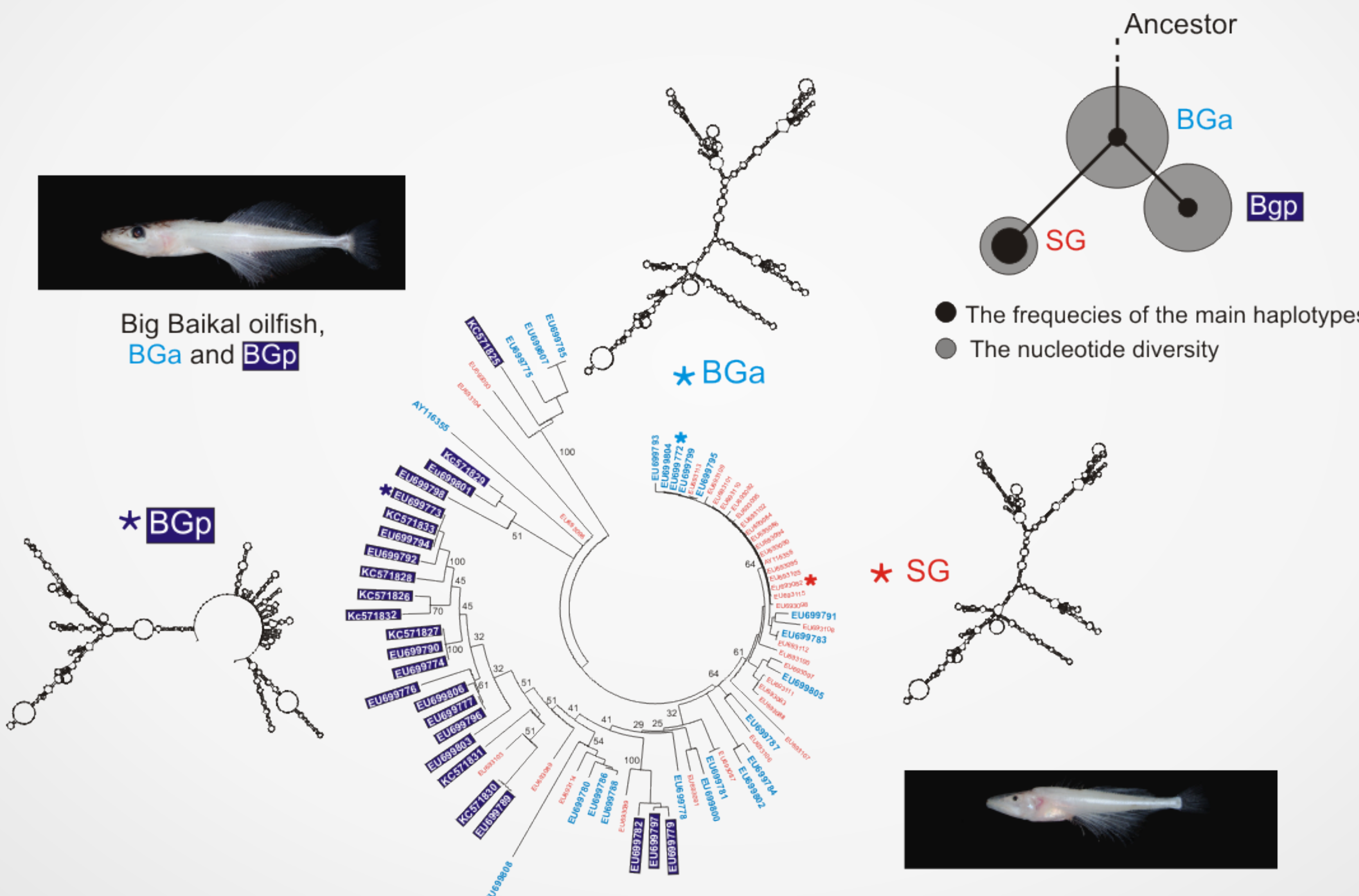


Coding-Sequence Determinants of Gene Expression in *Escherichia coli*

Grzegorz Kudla, Andrew W. Murray, David Tollervey, Joshua B. Plotkin

http://www.sciencedaily.com/releases/2009/04/090409142258.htm

Baikal Oilfishes Cytb

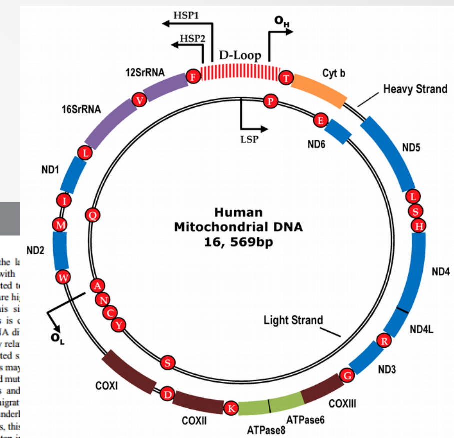


Big Baikal oilfish, BGa and BGp

Little Baikal oilfish, SG

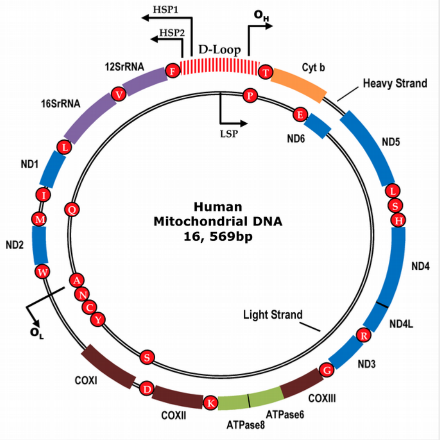
Эволюция митохондриальной ДНК

Вопросы остались

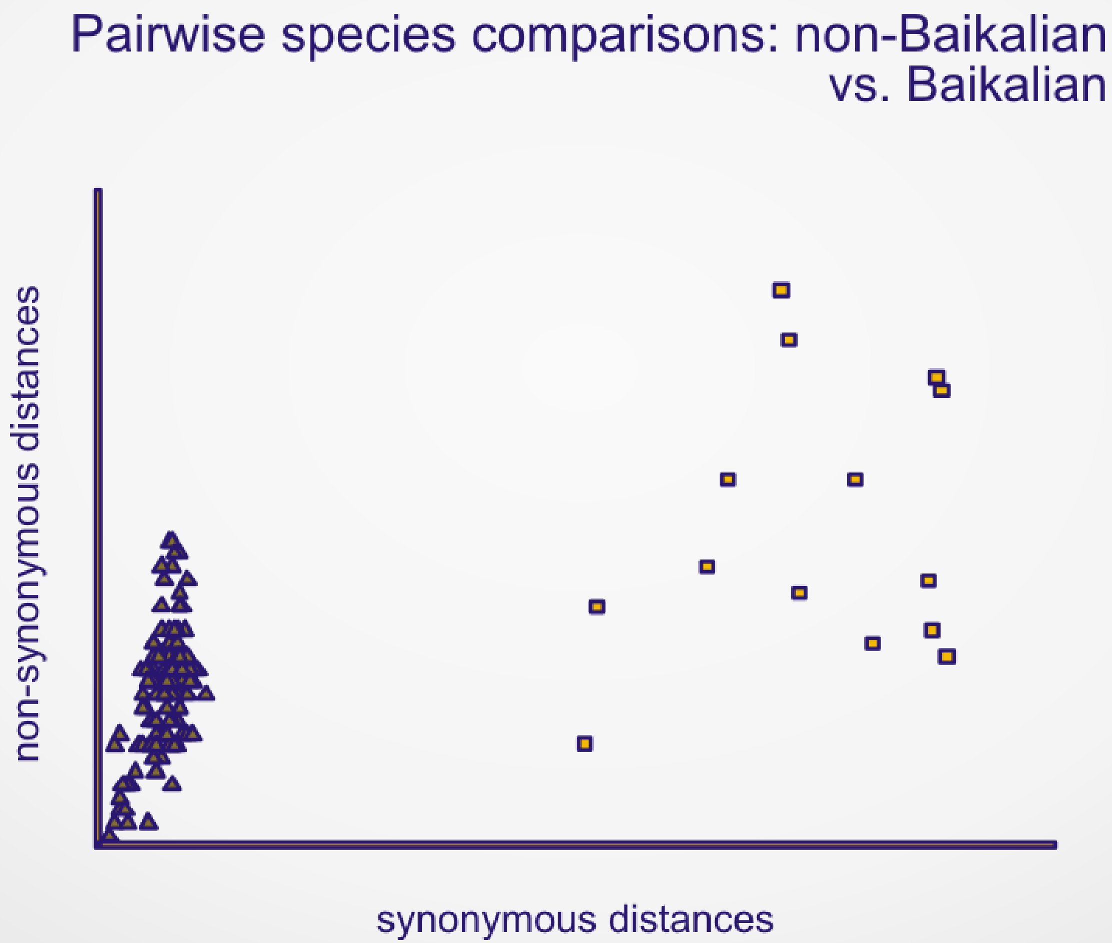


Эволюция митохондриальной ДНК

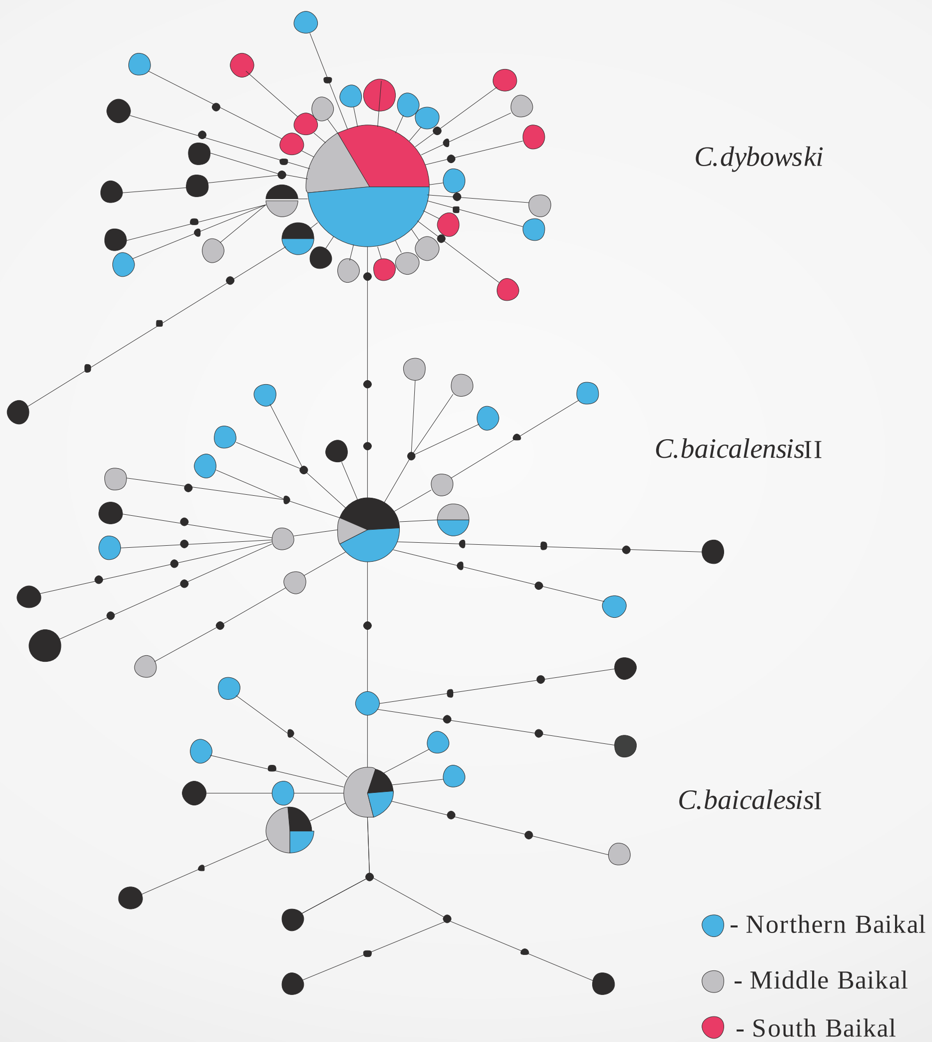
Спасибо за внимание!



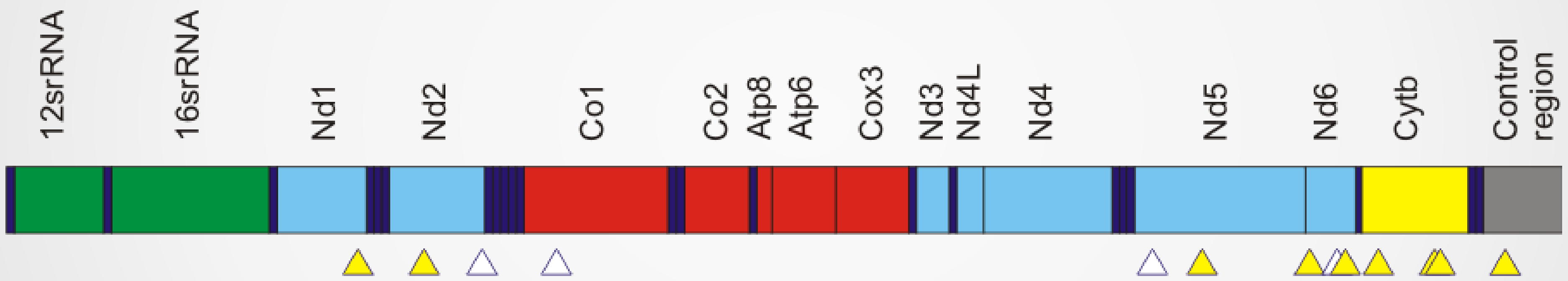
Synonymous vs. Non-synonymous substitutions.



Байкальские голомянки
Baikal oilfishes



Baikal Oilfishes mitochondrial genome



T > C

Thank you!

Байкальские голомянки
Baikal oilfishes

Большая голомянка (Comephorus baicalensis Pallas, 1776)
Big Baikal oilfish

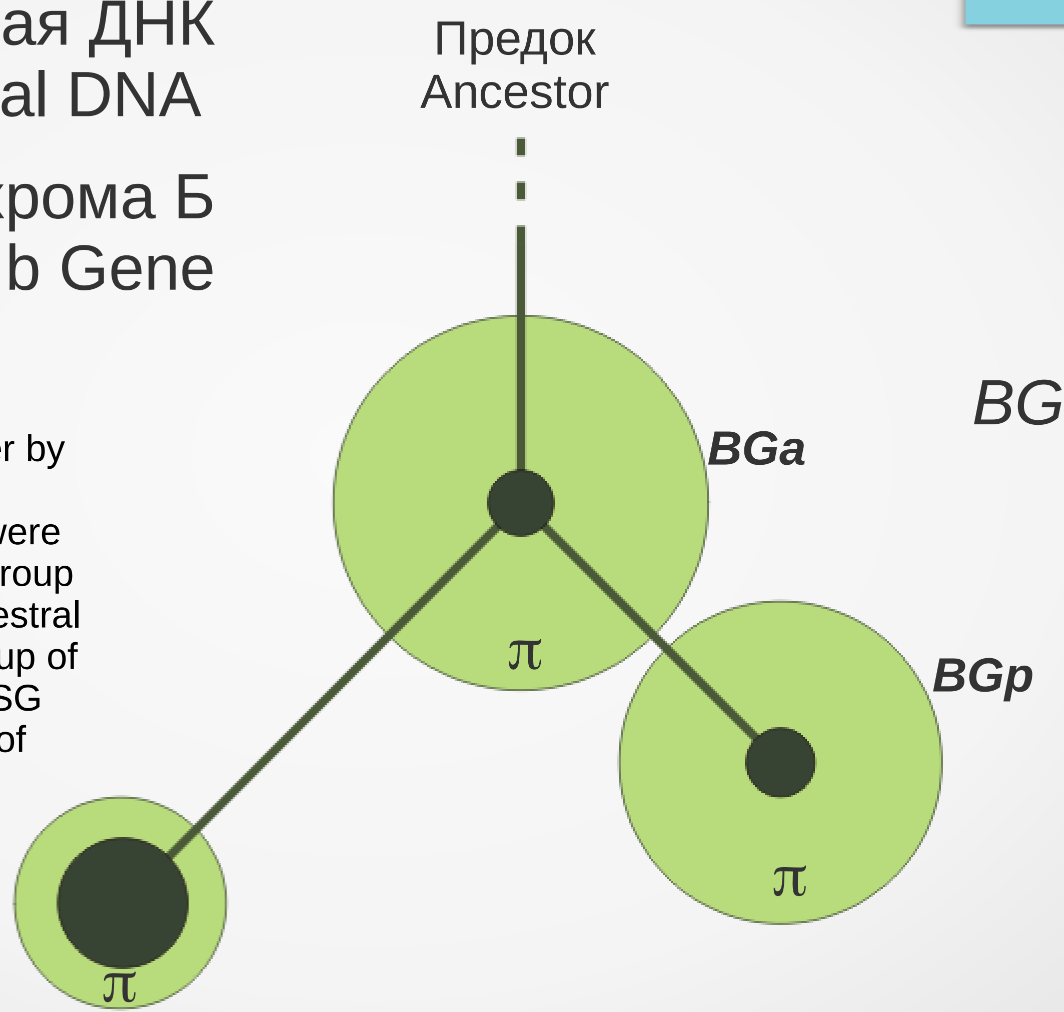
Малая голомянка (Comephorus dybowski Korotneff, 1905).
Little Baikal oilfish

Внутри и межвидовые генетические взаимоотношения
Within and Between Species Genetic Variation

Митохондриальная ДНК
Mitochondrial DNA

Ген цитохрома Б
Cytchrome b Gene

Two genetic groups of BG that differ by two nucleotide substitutions in the mitochondrial cytochrome b gene were found (Teterina et al., 2010). One group was represented by the line of ancestral haplotypes (BGa), and another group of BG (BG-paraphyletic or BGp) and SG derived from the central haplotype of BGa.



● - Circle diameters are proportional to the frequencies of the main haplotypes.

● - Circle diameters are proportional to the respective values of nucleotide diversity (π).

Численность представителей групп BGa и BGp
The number of representatives of groups BGa and BGp

Анализ
однонуклеотидного
полиморфизма
SNP analysis

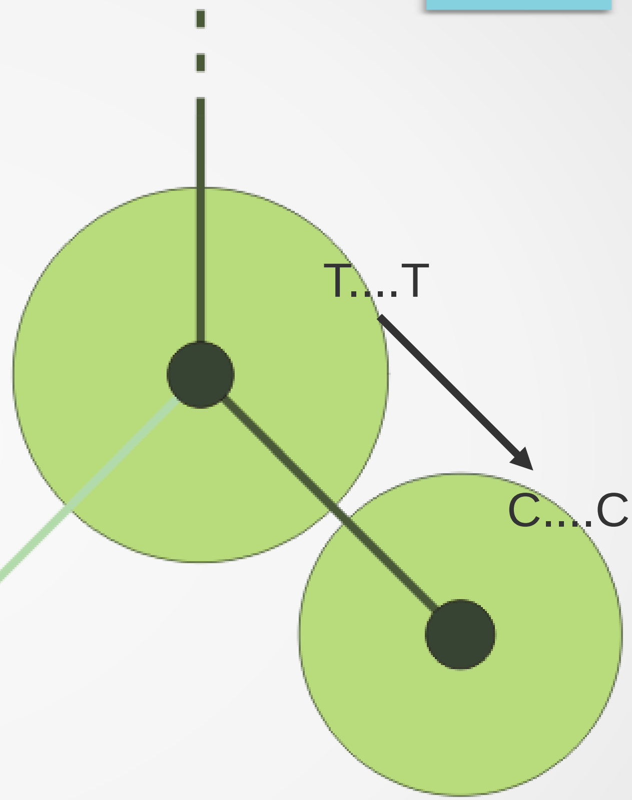
BGa/BGp = 50/50

В любом месте, в любое время, в любом возрасте
In any place, at any time, at any age

Замены между основными гаплотипами BGa и BGp
Substitutions between the main haplotypes of BGa and BGp

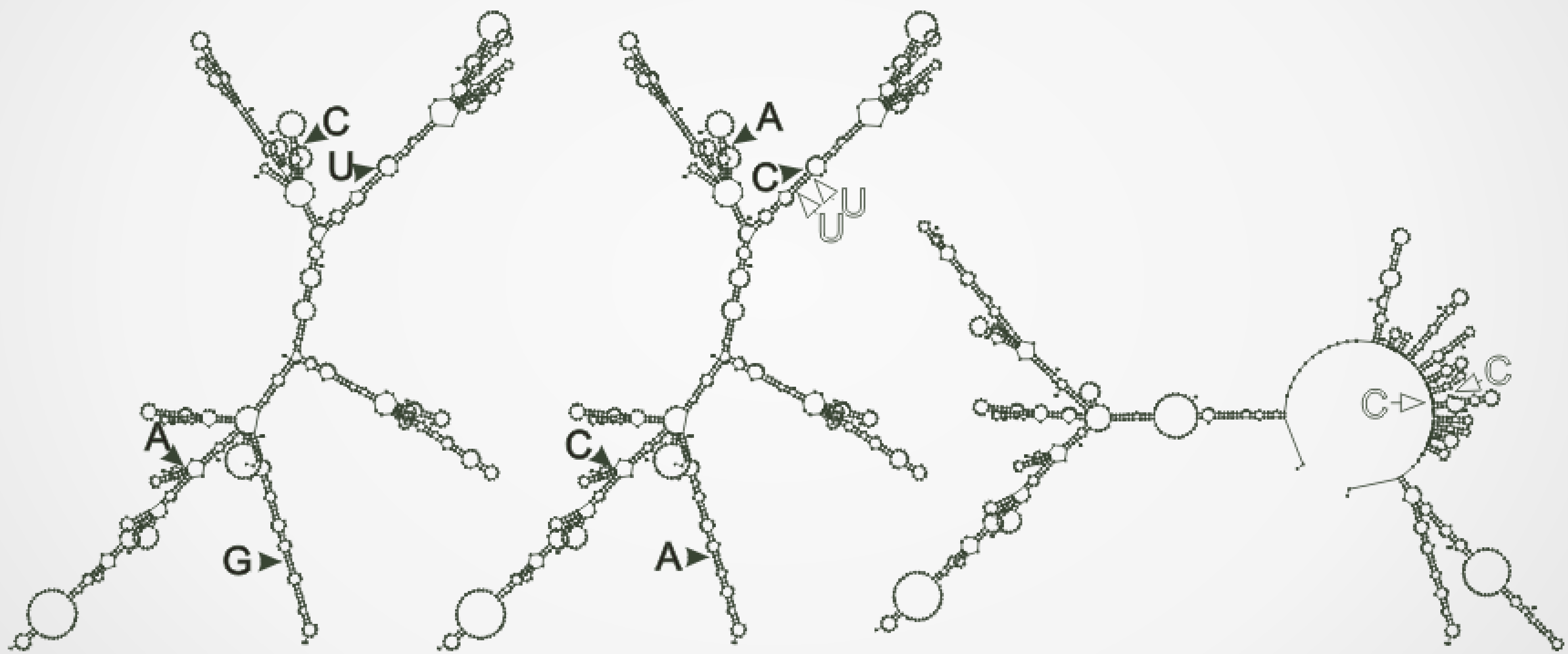
TGG TAC TTC **T**TG TT**T** GCC TAC GCC
TGG TAC TTC **T**TG TT**T** GCC TAC GCC
TGG TAC TTC **T**TG TT**T** GCC TAC GCC
TGG TAC TTC **T**TG TT**T** GCC TAC GCC
TGG TAC TTC **T**TG TT**T** GCC TAC GCC
TGG TAC TTC **T**TG TT**T** GCC TAC GCC
TGG TAC TTC **T**TG TT**T** GCC TAC GCC

TGG TAC TTC **C**TG TT**C** GCC TAC GCC
TGG TAC TTC **C**TA TT**C** GCC TAC GCC
TGG TAC TTC **C**TG TT**C** GCC TAC GCC
TGG TAC TTC **C**TG TT**C** GCC TAC GCC
TGG TAC TTC **C**TG TT**C** GCC TAC GCC
TGG TAC TTC **C**TG TT**C** GCC TAC GCC
TGG TAC TTC **C**TG TT**C** GCC TAC GCC



Моделирование вторичной структуры мРНК
The mRNA secondary structure prediction

Основные гаплотипы
The main haplotypes



SG ***BGa*** ***BGp***

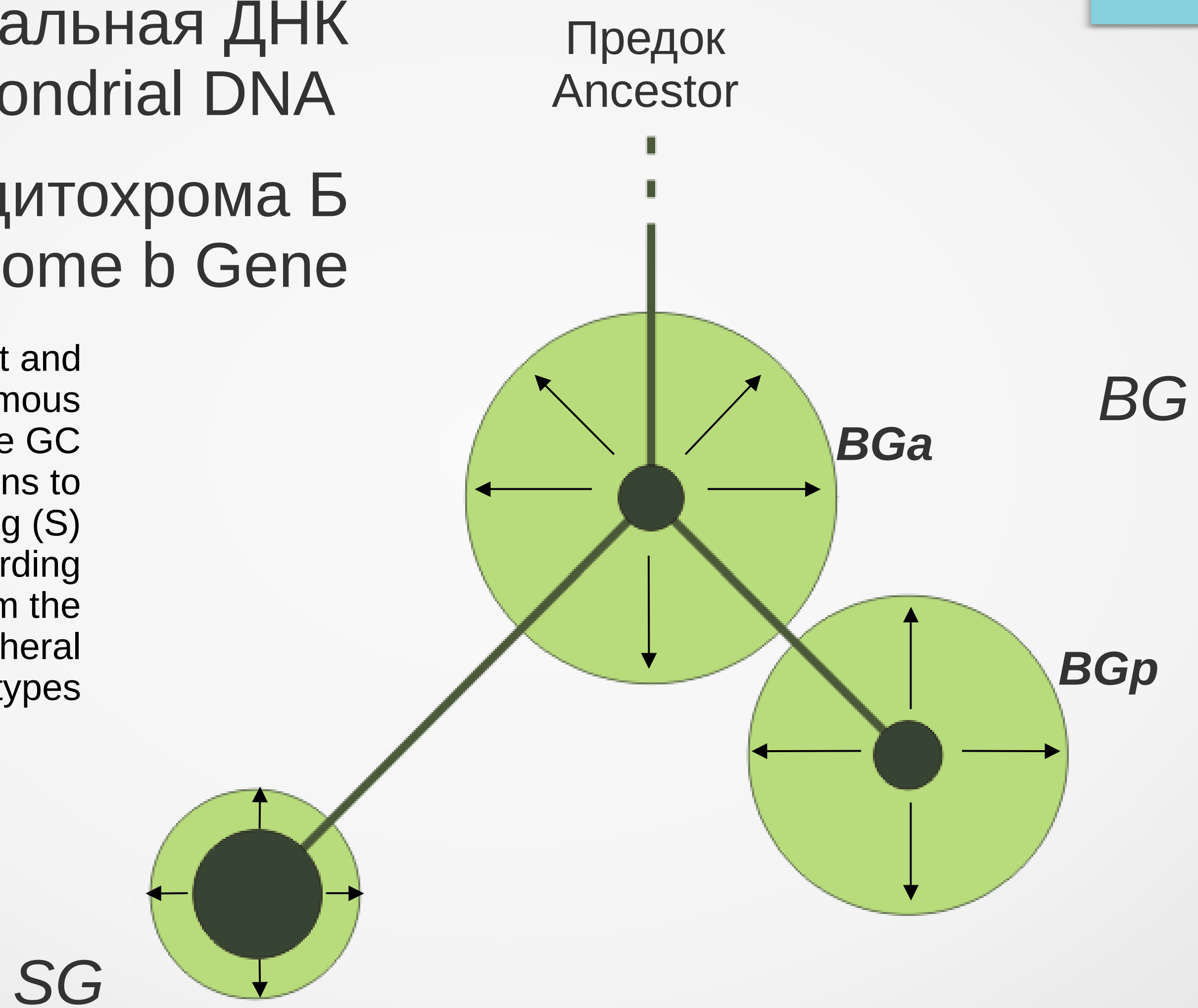
UnaFold v3.8

Тест центробежного отклонения замен нуклеотидов
Test of Centrifugal Substitution Bias

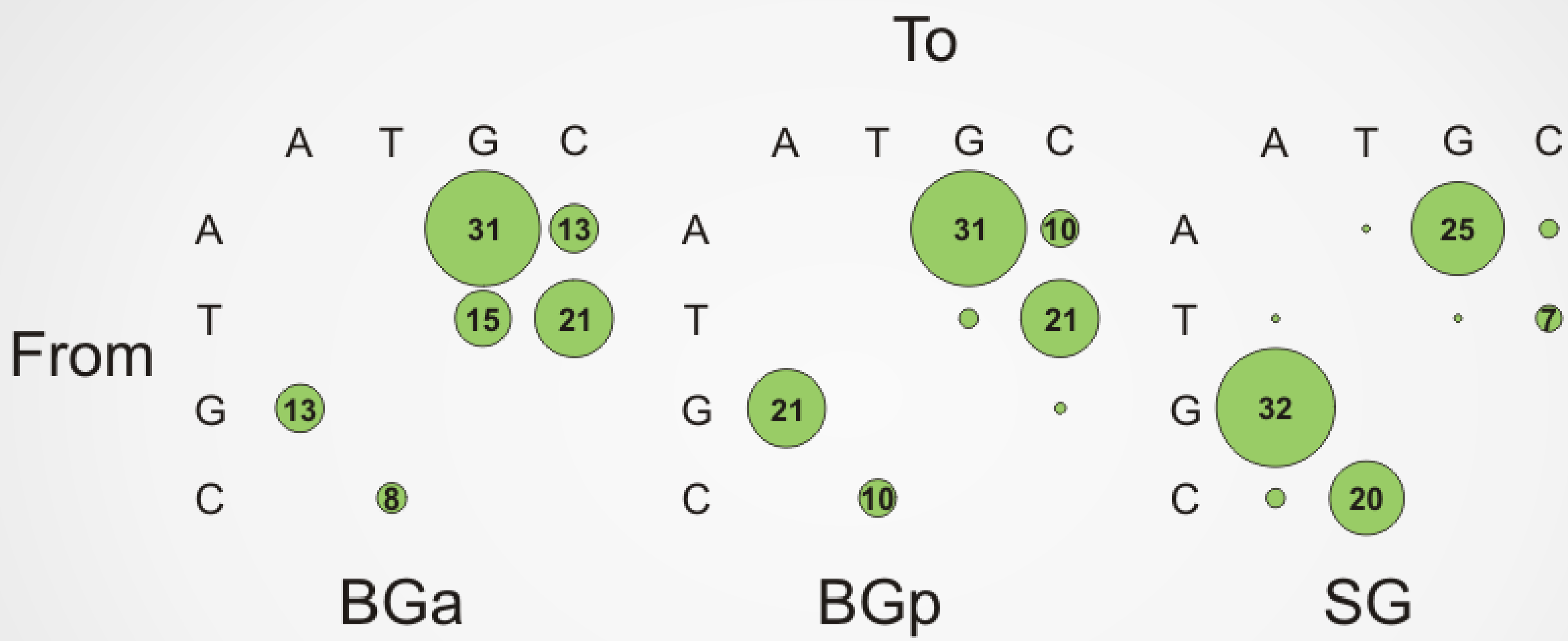
Митохондриальная ДНК
Mitochondrial DNA

Ген цитохрома Б
Cytchrome b Gene

We analysed the amount and distribution of synonymous mutations, affecting the GC composition (mutations to weak (W) - A,T or to strong (S) - G,C nucleotides), according to their directions from the central to peripheral haplotypes



Тест центробежного отклонения замен нуклеотидов
Test of Centrifugal Substitution Bias



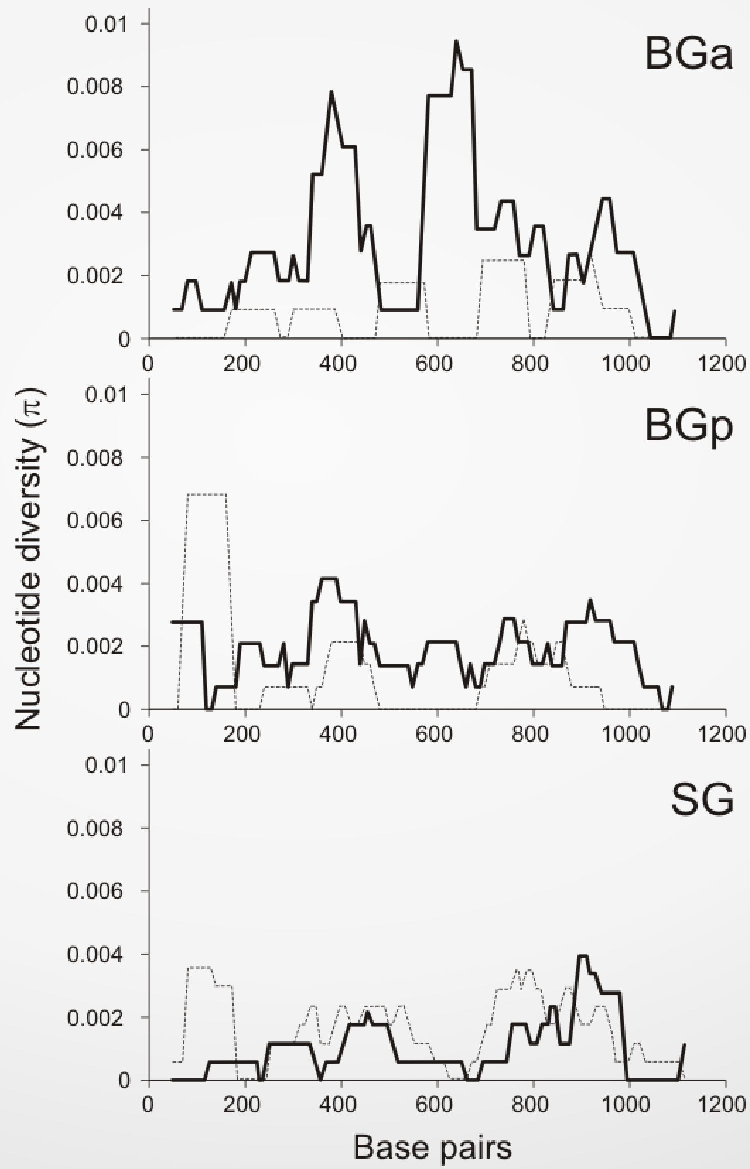
$$\frac{(A/T \rightarrow G/C)}{(G/C \rightarrow A/T)} =$$

	BGa	BGp	SG
$\frac{(A/T \rightarrow G/C)}{(G/C \rightarrow A/T)}$	3.9	2.2	0.68

Тест центробежного отклонения замен нуклеотидов
Test of Centrifugal Substitution Bias

Sliding Windows

Nucleotide diversity (π) along the Cytb

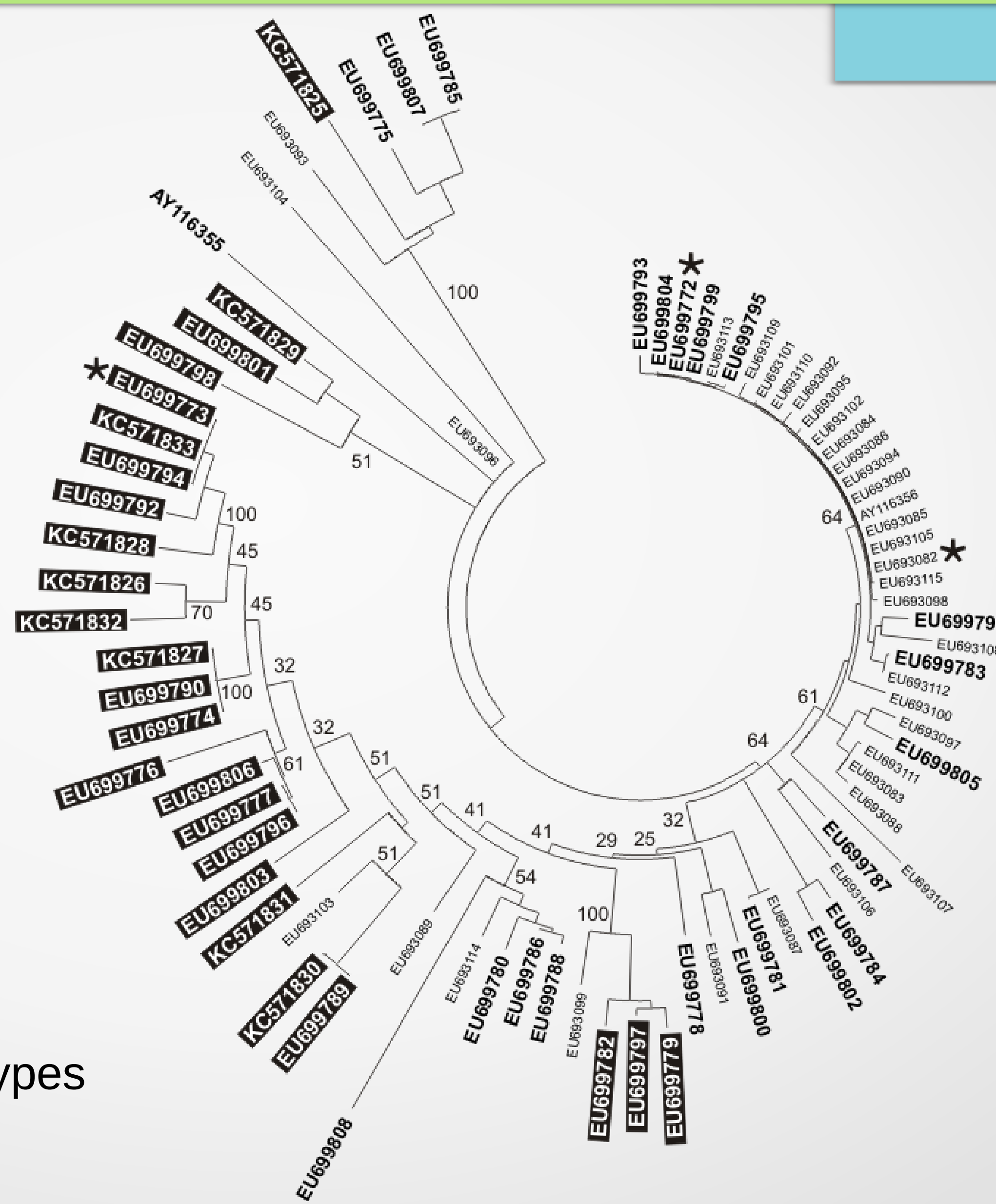


Bold solid lines indicate W→S mutations, and thin dashed lines indicate S→W mutations.

Моделирование вторичной структуры мРНК
The mRNA secondary structure prediction

Consensus NJ tree based on genetic distances between mRNA secondary structures

(31 runs of RnaFold and RNAdistance programs were performed with temperature ranging from 1 to 4 °C and steps equal to 0.1 °C.)



GenBank A.N. - ***BGa***

GenBank A.N. (white on dark) - ***BGp***

GenBank A.N. - ***SG***

* - the main haplotypes

MEGA 5
RNAdistance (Vienna RNA Package).

Синонимичные замены влияют на экпрессию
Silent Mutations Influence Protein Production

Выводы
Conclusions

We have found some signs of selection, whose action may be related to the regulation of mtDNA gene expression through alterations of mRNA secondary structure. mtDNA gene expression regulation is still poorly understood, and virtually nothing is known about regulation at the mRNA level. If our suppositions are correct, golomyankas can serve as a valuable data source for the study of these processes.