



SBB-2023

14-я Международная школа молодых ученых

«Системная Биология и Биоинформатика»

22-26 мая 2023, ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия

14th International young scientists school "Systems Biology
and Bioinformatics" 22-26 May, 2023, ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia



ЛИН
СО РАН

Маркеры стресса в природных популяциях прудовика уховидного на основании транскриптомных данных

Коваленкова М.В.

Лимнологический институт СО РАН, Иркутск

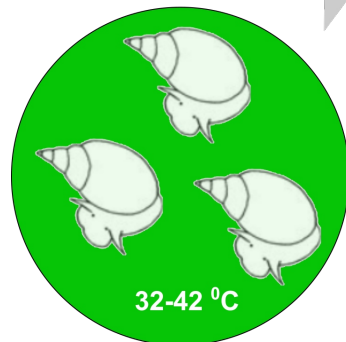
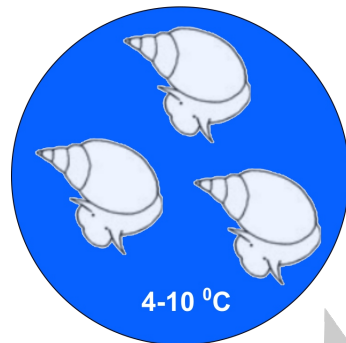
Новосибирск, 2023

Мотивация и цель

- Природные популяции обитающие в разных климатических условиях могут стать ценным источником сведений о механизмах адаптаций.
- Природные популяции прудовика в Прибайкалье существенно различаются по морфологическим и экологическим характеристикам: крупные моллюски обитают в оз. Байкал ($T = 4\text{ }^{\circ}\text{C}$), карликовые формы характерны для геотермальных источников ($T = 32\text{-}42\text{ }^{\circ}\text{C}$).
- Предполагается, что только длительная высокая экспрессия отражается на метилировании генов беспозвоночных. Поэтому для анализа взаимосвязи метилирования и экспрессии генов беспозвоночных представляет интерес изучение природных популяций длительно обитающих (на протяжении нескольких поколений) в различных условиях.

Материалы и методы

Получены две транскриптомные библиотеки для половин «ноги» трех экземпляров *Radix auricularia* из двух популяций: оз. Байкал и геотермального источника Хакусы.



Проведена сборка и первичная аннотация полученных данных, расчет покрытия аннотированных генов.



Результаты

Транскрипты шаперонов и ферментов антиоксидантной защиты в двух транскриптомах имеют сходное покрытие. В таблице приведены значения RPKM.

Gene	Baikal	Geotherm
Superoxide dismutase	88,455	72,420
Copper chaperone for superoxide dismutase	0,987	0,781
Peroxidase	4,805	5,599
Glutathione peroxidase	3,282	2,840
Glutaredoxin	1,585	0,558
Heat shock protein 90kDa	15,262	12,957
Heat shock protein 70kDa 12A-like	1,978	1,835
Heat shock factor protein	0,490	1,713
Heat shock protein 60kDa, mitochondrial	67,800	57,213
Heat shock protein 75kDa, mitochondrial	11,387	9,818
Heat shock protein 10kDa, mitochondrial-like	45,952	58,194
Ubiquitin like protein ATG12	3,619	6,14
Lys-conopressin preprohormone	3,188	103,585
Transcription factor 21-like	9,097	272,953
Splicing factor U2AF 26kDa	10,123	205,853

Результаты

- Поскольку дифференциальная экспрессия генов шаперонов и ферментов антиоксидантной защиты маловероятна, можно предполагать отсутствие кратковременного термического стресса в популяции моллюсков из геотермального источника и существование долговременных физиологических адаптаций, которые предстоит выявить в ходе дальнейшего анализа.
- Вероятна дифференциальная экспрессия некоторых транскрипционных и сплайсосомных факторов. Для дальнейшего анализа экспрессии будет использован qRT-PCR.
- Идентифицированы гены экспрессирующиеся только в одной из двух популяций: 310 транскриптов, присутствующие в сборке моллюсков из геотермальных источников, отсутствуют в сборке моллюсков из озера Байкал; 229 транскриптов присутствуют в сборке байкальских моллюсков, но отсутствуют в транскриптоме моллюсков из геотермальных источников.



Спасибо за внимание!