

научный доклад на межлабораторном семинаре  
5 ноября 2019 (вторник) в 14:00

## ЭКЗОННОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ НЕМОДЕЛЬНЫХ ВИДОВ НА ПРИМЕРЕ АМФИДРОМНЫХ РЫБ

**Кирилл А. Винников, Ph.D.**



Экзонное секвенирование – это один из наиболее эффективных подходов в современной эволюционной и популяционной генетике. Его ключевой особенностью являются гибридизация и ПЦР-обогащение экзонных фрагментов в ходе подготовки библиотек для секвенирования. Подобный методологический подход открывает уникальную возможность одновременного получения нуклеотидных последовательностей (ортологов) кодирующей части генома у сотен особей. Наличие геномных данных такого масштаба представляет собой чрезвычайную ценность для большинства популяционных исследований. В частности, этот метод позволяет выявлять функциональные генные ассоциации и сигналы естественного отбора в геномах немодельных видов животных и растений – то есть проводить полноценный скрининг исключительно кодирующей части генома, которая представляет собой наибольший интерес для эволюционных биологов. В настоящей работе в результате пробного эксперимента экзонного секвенирования была исследована популяционная структура амфидромных бычков рода *Stenogobius* (Teleostei, Gobiiformes) в Центральной Пацифике на более чем 12 тыс. генах. Амфидромия означает, что эти рыбы живут и размножаются в пресноводной среде, но также имеют короткую морскую личиночную стадию, благодаря которой они потенциально могут распространяться между удаленными островами и архипелагами. Таким образом, высокий уровень потока генов у амфидромных рыб сильно влияет на скорость их видообразования и на устойчивость их популяций в сравнении со многими неамфидромными видами. Популяционная структура амфидромных бычков была исследована на нескольких уровнях географической изоляции между их местообитаниями, включая пресноводные ручьи, вулканические острова, архипелаги и биогеографические районы Центральной Пацифики. Полученные данные в ходе популяционного анализа, помимо самой структуры, позволили проверить сегодняшнее состояние популяций и валидность некоторых видов в роде *Stenogobius*, а также выявить определенную группу генов, находящихся под сильным влиянием дизруптивного отбора. В ходе реализации данного проекта были также разработаны новые алгоритмы биоинформатического анализа экзонных данных, которые затем были объединены в единый программный продукт под названием «EXONtools».