

Филогения рода *Thismia* (Thismiaceae, Dioscoreales) в свете данных по пластидным геномам**Научный руководитель – Логачёва Мария Дмитриевна****Юдина Софья Всеволодовна***Студент (бакалавр)*

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра высших растений, Москва, Россия

E-mail: Yudina.Sophia@gmail.com

Thismia - род микогетеротрофных растений, включающий около 80 видов; является наиболее богатым видами родом семейства Thismiaceae. Растения мелкие, обладают запоминающимся обликом, который, однако, весьма разнообразен в пределах рода. Представители рода *Thismia* произрастают преимущественно в тропических регионах Азии и Америки, также описано несколько видов из субтропической и умеренной зон [3].

Среди нефотосинтезирующих растений наблюдается тенденция к резкому уменьшению размеров пластидного генома вследствие потери генов. Так, размер пластома *T. tentaculata* - 16 kb; он включает 12 генов [4]. Вследствие этого, а также особенностей накопления замен в пластидных последовательностях нефотосинтезирующие растения - сложный объект для молекулярно-филогенетических исследований. Так, многие стандартные филогенетические маркеры - например, ген *rbcL*, спейсер *trnH-psbA* - у них просто отсутствуют, делая актуальным поиск новых маркерных участков.

На сегодняшний день достоверной информации о филогении рода не существует. Мы собираемся найти пластидные маркеры, по которым выполним филогенетическую реконструкцию рода. Для работы были выбраны 10 видов: *T. alba*, *T. annamensis*, *T. cornuta*, *T. hongkongensis*, *T. kelabitiana*, *T. mucronata*, *T. neptunis*, *T. taitongiana*, *T. tentaculata*, *T. viridistriata*.

Для сборки пластидных геномов было проведено секвенирование тотальной геномной ДНК с низким покрытием на платформе Illumina. Для полученных данных провели de novo сборку с помощью программы CLC genomics Workbench. Отбор контигов, предположительно содержащих пластидные гены, осуществляли посредством выравнивания известной последовательности *T. tentaculata* против всех последовательностей контигов, используя BLAST в программе BioEdit [2]. Для контигов со сходством к последовательности, обладающих оптимальными длиной и покрытием, выполняли аннотацию с помощью программы DOGMA [6]. Размеры генов уточняли двумя способами. Для белок-кодирующих генов делали поиск открытой рамки считывания de novo, используя для трансляции электронный ресурс molbiol.ru [7] и затем выравнивая полученную последовательность с аминокислотной последовательностью для соответствующего гена у *T. tentaculata* в nucleotide BLAST [1]. Для рРНК и тРНК выполняли выравнивание с соответствующими генами *T. tentaculata*. Почти у всех выбранных видов найдены 12 пластидных генов: *rps12*, *rrn5*, *rps2*, *rps18*, *accD*, *trnE-UUC*, *rpl2*, *rps4*, *rps8*, *trnfM-CAU*, *rrn16*, *rrn23*. Для *T. hongkongensis* показана достоверная псевдогенизация *rps2*, для *T. alba*, *T. annamensis*, *T. cornuta* и *T. kelabitiana* показана возможная инверсия генов *rrn16* и *rrn23*.

В работе Lim et al. было показано, что для нефотосинтезирующих видов применимы такие пластидные маркеры, как гены *accD*, *clpP* и *matK*. У *Thismia* *matK* отсутствует, поэтому будут использованы первые 2 гена, а также дополнительные маркеры - гены рибосомной РНК и рибосомных белков. Известно [5], что выбор метода для реконструкции

филогении *Thismiaceae* сильно влияет на результаты анализа. Поэтому реконструкция филогении будет проведена несколькими методами - максимальной экономии, максимального правдоподобия и методом Байеса с различными моделями замен.

Работа поддержана РФФИ, проект № 18-04-00619.

Источники и литература

- 1) Altschul S.F., Madden T.L., Schäffer A.A., Zhang J., Zhang Z., Miller W., Lipman D.J. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs // *Nucleic Acids Research*. 1997, 25(17). p. 3389–3402.
- 2) Hall T.A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT // *Nucleic Acids Symp.* 1999, 41. p. 95–98.
- 3) Larsen K., Averyanov L.V. *Thismia annamensis* and *T. tentaculata*, two new species of the family of *Thismiaceae* from central Vietnam // *Rheedea*. 2007, 12(1&2). p. 13-19.
- 4) Lim G.S., Barrett C.F., C.-C. Pang, Davis J.I. Drastic reduction of plastome size in the mycoheterotrophic *Thismia tentaculata* relative to that of its autotrophic relative *Tacca chantrieri* // *American Journal of Botany*. 2016, 103(6). p. 1-9.
- 5) Merckx V., Bakkerb F.T., Huysmansa S., Smetsa E. Bias and con[U+FB02]ict in phylogenetic inference of myco-heterotrophic plants: a case study in *Thismiaceae* // *Cladistics*. 2009, 25. p. 64-77.
- 6) Wyman S.K., Jansen R.K., Boore J.L. Automatic annotation of organellar genomes with DOGMA // *Bioinformatics*. 2004, 20(17). p. 3252-3255.
- 7) MolBiol.ru: <http://molbiol.ru/>