

А. С. Миронович

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ ДЛЯ ОЦЕНКИ ПОКАЗАТЕЛЕЙ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ЭВОЛЮЦИИ

В статье представлен обзор программного обеспечения для молекулярно-генетического анализа, включающий в себя получение нуклеотидной последовательности исследуемого организма после секвенирования, выравнивание исследуемых последовательностей, построение филогенетического древа и последующий молекулярно-эволюционный анализ полученных данных.

Молекулярная эволюция как наука включает в себя два направления исследований. Ее целями являются изучение законов изменения наследственной информации в живых системах, включая доклеточные и клеточные формы жизни, и изучение истории развития жизни на Земле, установление родственных отношений между формами жизни, их генетическим материалом – филогении форм жизни (phylogeny) [1, с. 9]. С расшифровкой молекулярной структуры генов стало очевидным, что эволюционные взаимосвязи организмов могут быть исследованы на основе сравнения нуклеотидной последовательности ДНК или аминокислотных последовательностей белков [2, с. 17]. На практике молекулярно-эволюционный анализ проводится с помощью различных компьютерных программ. Далеко не все эти программы представляют широкий практический интерес: среди них есть и устаревшие, и уступающие аналогичным, и недостаточно проверенные, и направленные на решение весьма узких вопросов, редко возникающих на практике, и т. д. [1, с. 208]. Задачей филогенетического анализа является установление, реконструкция эволюционной истории – родственных связей, отношений между формами жизни – и датирование эволюционных событий, моментов дивергенций [1, с. 90].

Цель работы – провести анализ и подбор оптимальных биоинформатических программ для проведения молекулярно-генетических исследований и оценки показателей молекулярной эволюции.

Современный молекулярно-генетический анализ включает получение нуклеотидной последовательности организма; выравнивание исследуемых последовательностей, построение филогенетического древа и анализ полученной информации.

В качестве маркеров использовались нуклеотидные последовательности, взятые из референсных геномов *Hominidae* гена первой субъединицы цитохром оксидазы I (COI) *Homo sapiens*, *Pongo abelii*, *Gorilla gorilla*, *Pan troglodytes*. Для хранения и анализа полученной генетической информации существует целый ряд международных баз данных, или генетических банков (в подавляющем большинстве случаев свободно доступных любому исследователю для работы даже без какой-либо регистрации) [1, с. 215]. Нуклеотидные последовательности для работы были взяты из National Center for Biotechnology Information (NCBI) [3].

Анализируемое биоинформатическое программное обеспечение (ПО):

MEGA11 (Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11) – компьютерное программное обеспечение для проведения статистического анализа молекулярной эволюции и построения филогенетических деревьев [4].

Unipro UGENE – это бесплатное программное обеспечение для биоинформатики с открытым исходным кодом [5].

Сравнительный анализ деревьев, построенных в программах MEGA и UGENE, проводился с данными полученными в результате комплексных палеонтологических и молекулярно-генетических исследований [6].

Результаты, полученные в ходе работы, приведены ниже (рисунки 1, 2).

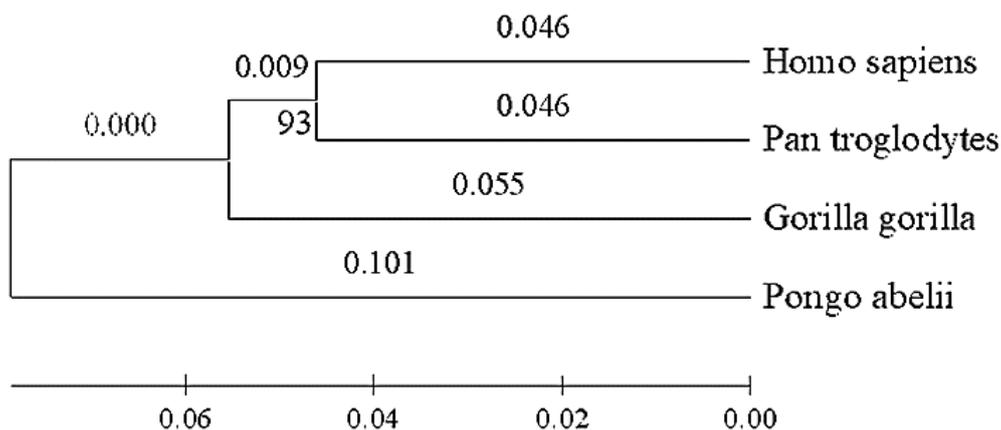


Рисунок 1 – Филогенетическое дерево, построенное в программе MEGA, основываясь на последовательностях гена COI

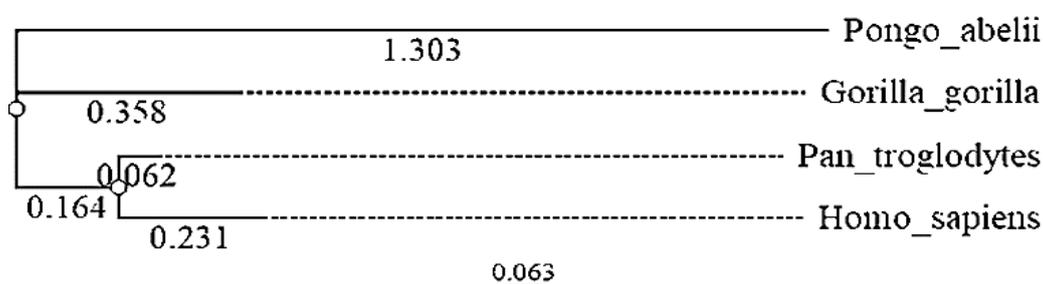


Рисунок 2 – Филогенетическое дерево, построенное в программе UGENE на основании последовательностей гена COI

В ходе проведённой работы можно отметить, что деревья, построенные в программе UGENE, менее точно отражают эволюционные отношения, нежели деревья, построенные в программе MEGA, и требуют дополнительных источников для оценки достоверности ветвления.

Заключение. Анализируя результаты проведённого исследования, можно сделать следующие выводы:

1 В процессе выполнения работы был проведен анализ и подбор оптимальных биоинформатических программ для проведения молекулярно-генетических исследований и оценки показателей молекулярной эволюции. Также на примере мт-гена COI была проведена филогенетическая реконструкция происхождения представителей Hominidae.

2 Сравнительный анализ ПО показал, что MEGA имеет простой и интуитивно понятный интерфейс, что делает программу относительно легкой в использовании для начинающих и опытных пользователей; специализируется на анализе молекулярной эволюции, предоставляет инструменты для анализа последовательностей и построения филогенетических деревьев. UGENE требует некоторого времени на изучение своего функционала, что может повысить сложность использования для новичков в биоинформатике, а также обладает богатым набором функций, включая анализ мутаций, выравнивание последовательностей, аннотацию геномов и другое.

Литература

1 Лукашов, В. В. Молекулярная эволюция и филогенетический анализ / В. В. Лукашов. – Москва : БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009. – 256 с.

2 Картавец, Ю. Ф. Молекулярная эволюция и популяционная генетика : учеб. пособие / Ю. Ф. Картавец. – Владивосток : Издательство Дальневосточного государственного университета, 2008. – 562 с.

3 NCBI [Electronic resource] : National Center for Biotechnology Information Search database. – Mode of access: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>. – Date of access: 11.03.2024.

4 Tamura, K. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11 [Electronic resource] / K. Tamura, G. Stecher, S. Kumar // Mol. Biol. Evol. – 2021. – Vol. 25. – № 38 (7). – P. 3022–3027. – Mode of access: <https://www.megasoftware.net/>. – Date of access: 11.03.2024.

5 Okonechnikov, K. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit [Electronic resource] / K. Okonechnikov, O. Golosova, M. Fursov, the UGENE team // Bioinformatics Applications Note. – 2012. – Vol. 28. – № 8. – P. 1166–1167. – Mode of access: <https://ugene.net/ru/>. – Date of access: 11.03.2024.

6 Ней, М. Молекулярная эволюция и филогенетика / М. Ней, С. Кумар. – Киев : КВЦ, 2004. – 418 с.

УДК 576 (476)

Н. С. Науменко

**ПЛАСТИЧЕСКИЕ И МЕРИСТИЧЕСКИЕ ПРИЗНАКИ
КАРАСЯ СЕРЕБРЯНОГО *CARASSIUS AURATUS GIBELIO* (BLOCH, 1782)
ИЗ РЕКИ ДНЕПР (РЕЧИЦКИЙ РАЙОН)**

Определены пластические и меристические признаки карася серебряного из р. Днепр (Речицкий район). Проведено сравнение полученных данных с более ранними исследованиями других авторов. Установлено отсутствие существенных различий значений меристических признаков у серебряного карася по сравнению с аналогичными данными других авторов. Это свидетельствует об эволюционной консервативности меристических признаков. Наибольшей изменчивости подвержены пластические признаки, что объясняется экологическими особенностями обитания и возрастными изменениями.

Карась серебряный *Carassius auratus gibelio* (Bloch, 1782) относится к семейству Карповые *Cyprinidae* (Fleming, 1822). По окраске карась серебряный отличается от карася обыкновенного серебристыми боками тела и брюшком, а также практически черным цветом брюшины. Областью естественного распространения карася серебряного являются пресные водоемы Тихоокеанского побережья и бассейна реки Амур. К настоящему времени он широко расселен человеком за пределы своего ареала, встречается в водоемах бассейнов Балтийского, Черного, Каспийского и Аральского морей, в пойменных озерах рек Западной и Восточной Сибири до Колымы включительно. Вселен также в водоемы Северной Америки, Западной Европы, Индии и др. [1]. Работы по акклиматизации карася серебряного в водоемах Республики Беларусь начаты в 1948 г. Карась, завезенный из бассейна реки Амур, был выпущен в водоемы на севере республики и в прудовые хозяйства южных районов и озера Червоное. Это и послужило началом формирования популяций карася серебряного и его акклиматизации в естественных водоемах и прудовых хозяйствах республики. В настоящее время карась серебряный широко распространен в водоемах бассейнов рек Днепр, Припять, Западная Двина и Неман [1]. По данным М. Коттела, карась серебряный отсутствует в северной части Балтийского бассейна, Исландии, Ирландии, Шотландии и на островах Средиземноморья [3].

Исследования пластических и меристических признаков *Carassius auratus gibelio* были проведены более 60 лет назад [4]. За этот длительный период времени произошли