

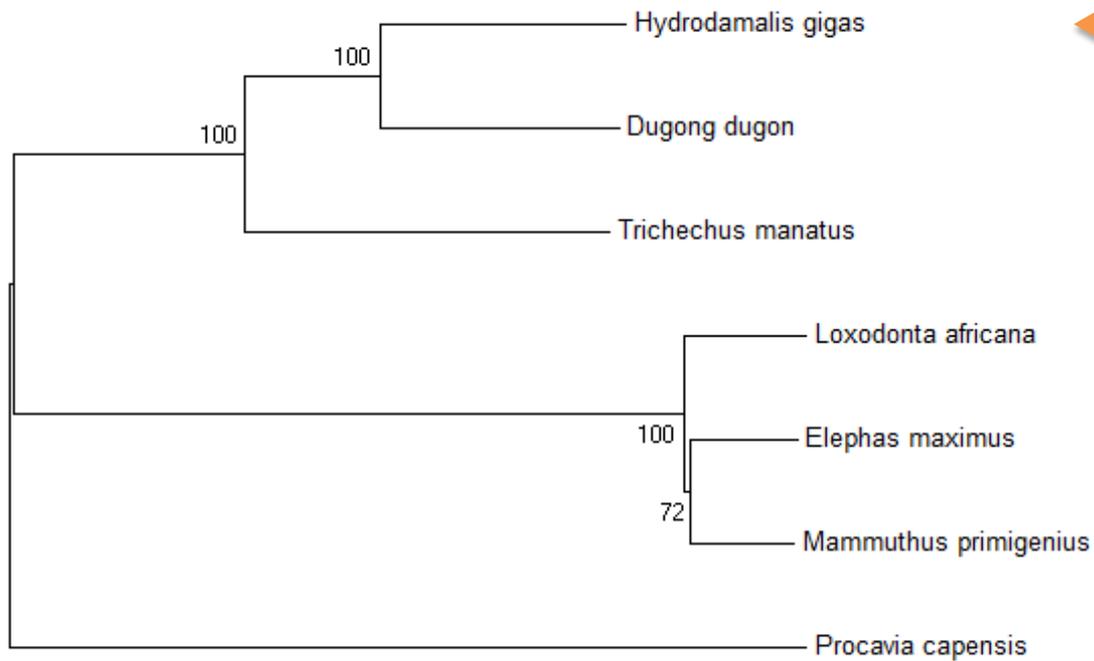


Современная геномика для палеобиологии



Москва, 16 октября 2018
Недолужко Артем, к.б.н.,
Лаборатория палео- и этногенетики,
НИЦ «Курчатовский институт»

Геномика стеллеровой коровы



0.050

Геномика вымерших форелей озера Севан



Севанская форель (*Salmo ischchan*) является одним из примеров внутриозерной диверсификации у рыб, который включал в себя 4 формы:

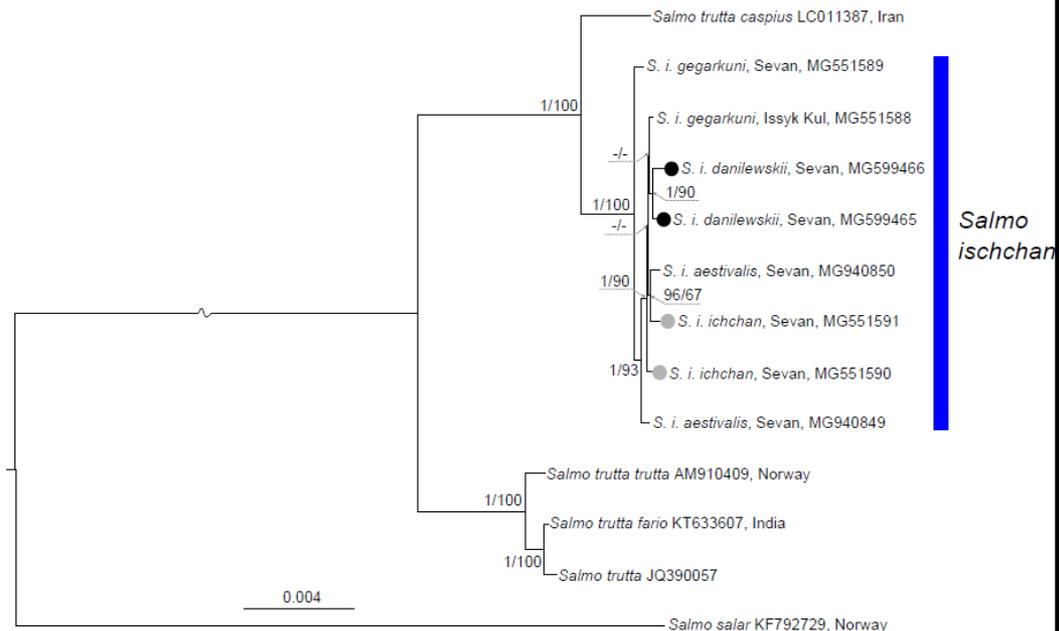
- 1) Зимний ишхан;
- 2) Гегаркуни;
- 3) Боджак⁺;
- 4) Летний ишхан⁺.



Геномика вымерших форелей озера Севан

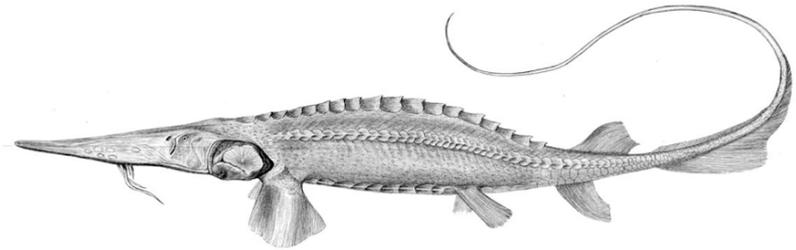


Тысячи лет эволюции не привели к значительной митогеномной дивергенции между формами севанской форели.





Геномика вымерших и вымирающих осетровых бассейна Аральского моря

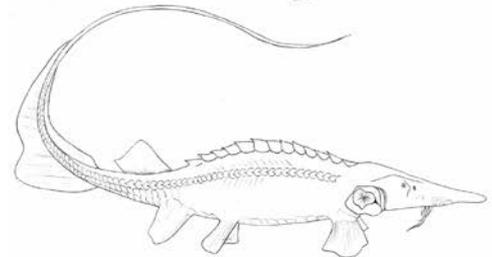
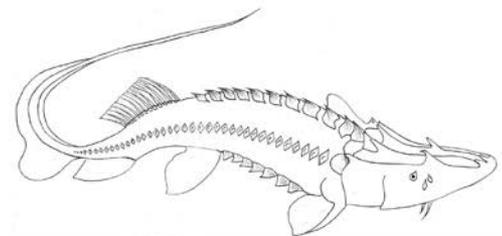
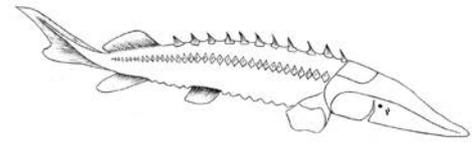
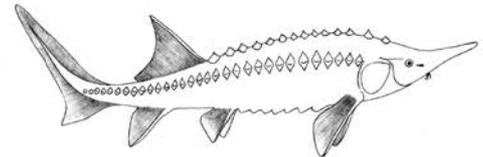
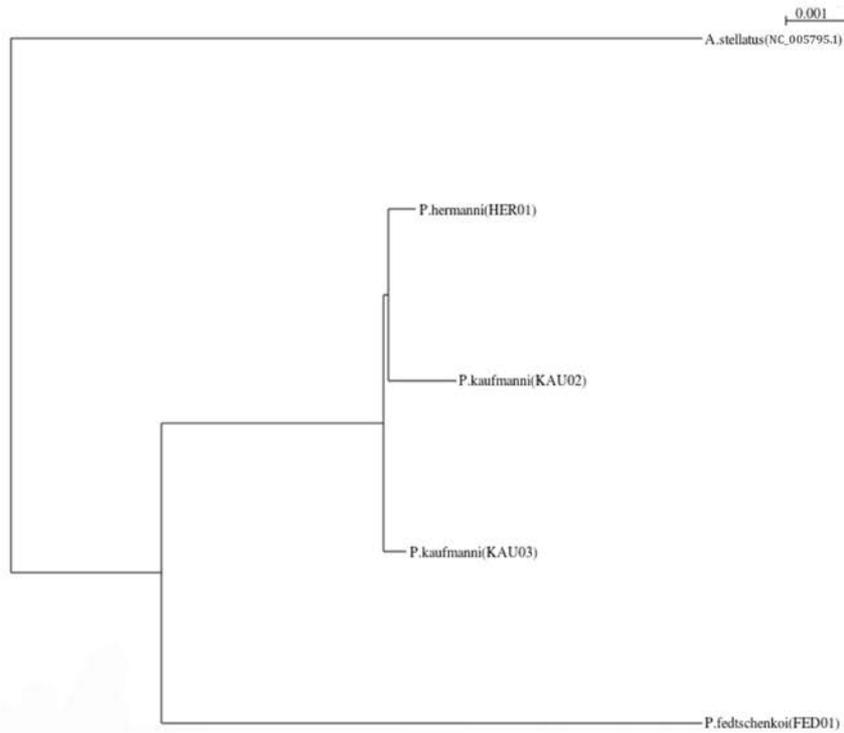


- Сырдарьинский лжелопатонос⁺ — в прошлом встречался по равнинному течению Сырдарьи и Карадарьи;
- Амударьинский большой лжелопатонос - исторически обитал от устья Амударьи до Пянджа;
- Амударьинский малый лжелопатонос — крайне редкий вид осетровых. Встречался в бассейне Амударьи.





Геномика вымерших и вымирающих осетровых бассейна Аральского моря



Геномика мегафауны Плейстоцена



Детёныш шерстистого
мамонта (Хрома),
Обнаружен в октябре
2008,
Возраст >50,000 лет



Геномика мегафауны Плейстоцена: Статистика секвенирования

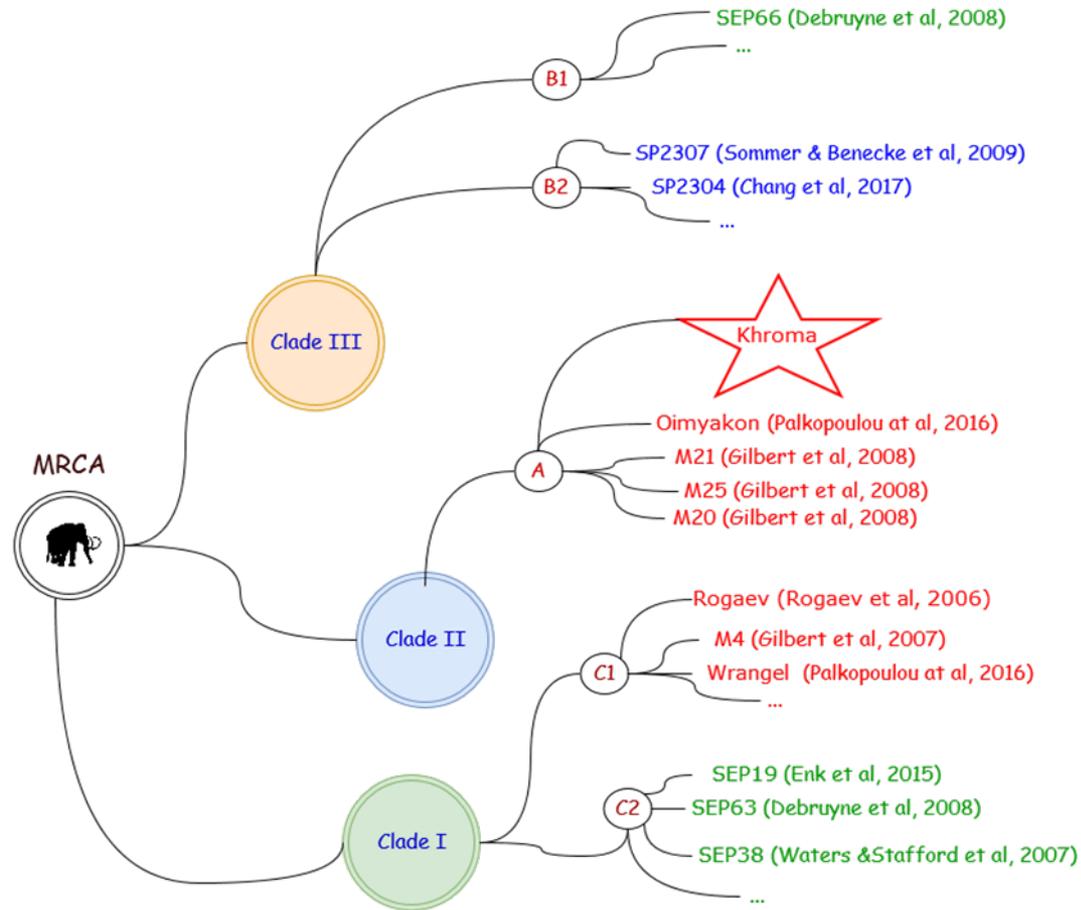


Было сгенерировано 3 620 720 849 чтений которые были откартированы на геном африканского слона. Покрытие генома составило 16X, покрытие митогенома составило 27948X

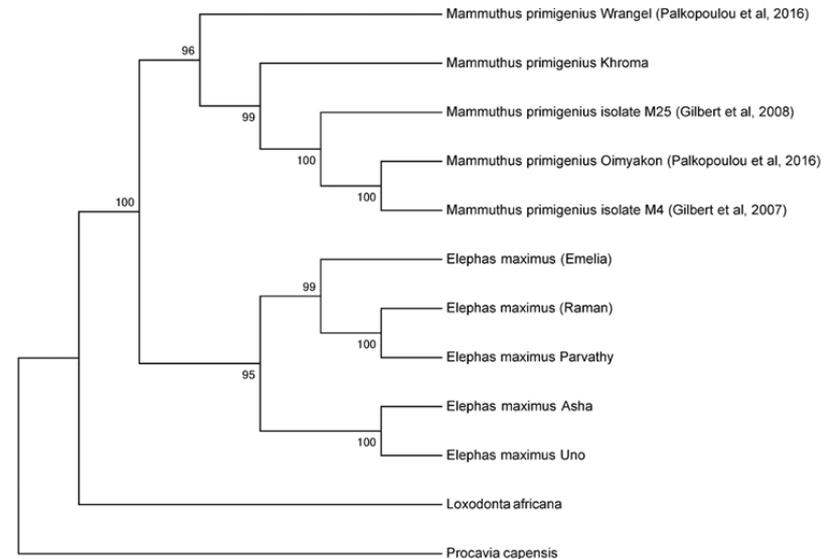
	Количество прочтений	Картировалось	Покрытие, X
Ядерный геном	3 620 720 849	955 561 367	16,6344
Митогеном	3 620 720 849	9 292 361	27948,24



Геномика мегафауны Плейстоцена: Филогенетический анализ



Митохондриальный геном

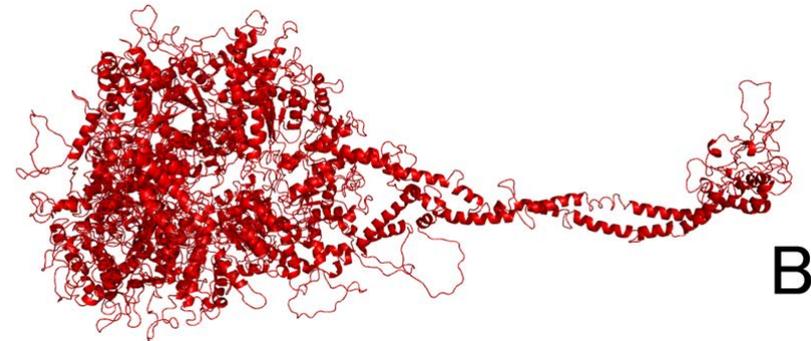
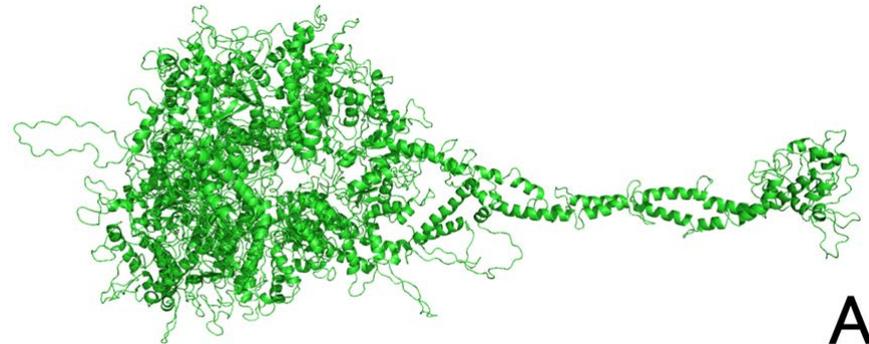


Ядерный геном

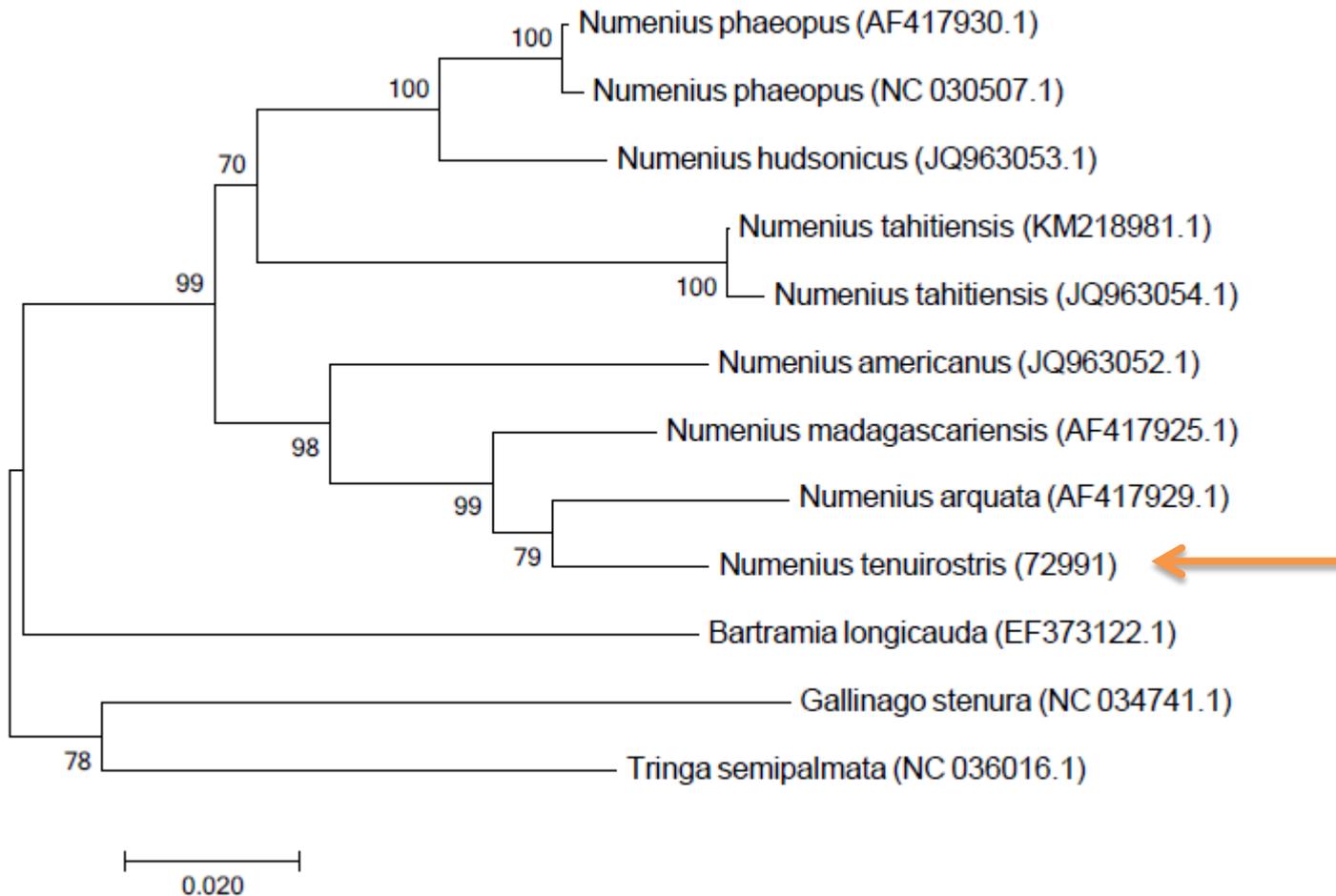


Геномика мегафауны Плейстоцена

Мы обнаружили идентичные мутации в нескольких генах, кодирующих моторные белки из семейства динеинов (DNAH10, DNAH1, DNAH6, DNAH8 и DYNC1H1), которые могли иметь важное значение в энергетическом обмене у мамонтов. Сравнительное моделирование этих сложных белков и симуляция их молекулярной динамики позволяют предположить, что обнаруженные аминокислотные замены в субъединицах могли стать причиной потери эффективности динеина



Геномика тонноклювого кроншнепа



Комплекс чистых помещений для работы с исторической ДНК



Оборудование для секвенирования ДНК и анализа данных



Благодарности



НИЦ «Курчатовский институт»



ЗООЛОГИЧЕСКИЙ МУЗЕЙ
Российской Академии Наук



Center for GeoGenetics



Институт биологии внутренних вод
РАН



научно-исследовательский
ЗООЛОГИЧЕСКИЙ МУЗЕЙ
МГУ имени М. В. Ломоносова



Всероссийский научно-
исследовательский институт
рыбного хозяйства и
океанографии