

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ НЕКОТОРЫХ МИТОХОНДРИАЛЬНЫХ ГЕНОВ У ПОЛЁВОК В СВЯЗИ С АДАПТАЦИЕЙ.

Потапов С.Г., Громов А.Р., Илларионова Н.А., Лавренченко Л.А.

Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, г. Москва, Россия
psg2110@rambler.ru

Адаптации организмов к меняющимся условиям окружающей среды, связанным в первую очередь с климатическими факторами, требует значительной модификации энергетического обмена, выражющегося в изменении скорости основного метаболизма и процессов окислительного фосфорилирования в митохондриях. Продукты необходимых для осуществления процессов энергетического обмена генов локализованы в митохондриальном геноме. Полный митохондриальный геном млекопитающих представляет собой кольцевую молекулу ДНК размером более 16 тысяч пар нуклеотидов, и включает в себя 37 генов, в том числе – 13 белок-кодирующих генов, таких как гены 7 субъединиц NADH дегидрогеназы, 3 субъединицы цитохрома с оксидазы, 2 субъединицы АТФ синтазы и цитохрома *b*, которые необходимы для осуществления процессов окислительного фосфорилирования и транспорта электронов в митохондриях. Были просеквенированы митохондриальные гены представителей родов *Clethrionomys* (*Cl. glareolus*, *Cl. rutilus* и рыжих полёвок с интрогрессированной митохондриальной ДНК красной полёвки), *Microtus* (*M. arvalis*, *M. obscurus*, *M. rossiaemeridionalis*, *M. agrestis*, *M. oeconomus*). По данным нуклеотидных последовательностей этих генов построены NJ-дендограммы для сравнения филогенетических отношений данных видов. Сравнение нуклеотидных последовательностей генов митохондриальных геномов полевок позволило выявить в их составе ряд нуклеотидных замен, фенотипически выраженных в изменениях аминокислотного состава белков митохондрий, которые могли бы влиять на уровень окислительного фосфорилирования в связи с адаптацией к различным условиям среды обитания. Наибольшее число радикальных аминокислотных замен, изменяющих структуру этих генов, отмечено в составе четырёх субъединиц NADH дегидрогеназы (1, 2, 4 и 5). Анализ масштабов, географического распространения и частоты встречаемости обнаруженной нами ранее интрогрессии митохондриального генома красной полёвки *Clethrionomys rutilus* в популяции рыжей полёвки *Cl. glareolus* на севере Европейской части России позволил выдвинуть гипотезу об адаптивном характере данного явления, связанного с расселением данного вида на север в экстремальные условия гипотермии (Потапов и др., 2007). Сравнение нуклеотидных последовательностей генов цитохрома *b* рыжей и красной полёвок выявило аминокислотную замену в непосредственной близости от каталитического центра белка цитохрома *b* в положении 17 (аланин у красной полёвки на серин – у рыжей), что приводит к функциональным изменениям в ферментативной активности белка и модулирует эффективность энергетического обмена.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (проекты № 14-04-00751 и 15-04-03801).