

Исследование молекулярной филогении микроспоридий и митоспоридиума**Научный руководитель – Спирин Сергей Александрович*****Преображенская Юлия Андреевна****Студент (специалист)*Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия*E-mail: latina1997@yandex.ru*

Микроспоридии (Microsporidia) - группа эукариотических организмов, включающая одноклеточные паразиты с наименьшим геномом среди всех эукариот. До проведения полноценных молекулярных исследований микроспоридий в 1989 их по данным морфологии, биохимии и анатомии, а также по признаку «отсутствия» митохондрий (которые в то время не были у них обнаружены) относили к базальным эукариотам (царство Archezoa). Таким образом, микроспоридии считались прямыми потомками древних эукариот, ещё не имевших митохондрий [1]. Позже [2] были построены филогенетические деревья по РНК малой субъединицы рибосомы и нескольким высококонсервативным белкам, на основании которых была выдвинута гипотеза о том, что микроспоридии относятся к царству грибов (Fungi). Целью данной работы было собрать аргументы за и против этой гипотезы.

Для проверки гипотезы мы использовали полные протеомы 12 видов микроспоридий, их (предположительно) близкого родственника митоспоридиума (*Mitosporidium daphniae*), а также представителей многоклеточных животных, зелёных растений, грибов, базальных эукариот и архей, по 2-3 вида из каждой группы. Проводился анализ выравниваний четырёх аминокислот-тРНК-синтетаз. Диагностические позиции, объединяющие Microsporidia и Fungi, анализировались в программе UGENE [3]. Реконструкции филогенетических деревьев проводились методами maximum likelihood и neighbor-joining в программе MEGA6 [5], программой MrBayes (встроенной в UGENE), использовалась также программа RAxML [4] с моделью PROTGAMMAAUTO. Деревья реконструировались как по отдельным белкам, так и по объединённому выравниванию.

Выяснилось, что программы реконструкции филогении чаще всего относят микроспоридии к базальным эукариотам. Скорее всего так происходит по причине ускоренной эволюции выбранных белков у микроспоридий по сравнению с большинством эукариот. В то же время из анализа позиций, объединяющих грибы и микроспоридии, можно заключить, что микроспоридии - всё же родственники грибов. По данным реконструкций филогении *Mitosporidium daphniae* является ближайшим родственником грибка *Rozella allomyces*, однако не найдено диагностических позиций, подтверждающих этот факт. При этом анализ выравниваний не показывает близкого родства митоспоридиума с микроспоридиями.

Источники и литература

- 1) Cavalier-Smith T. Molecular phylogeny. Archaeobacteria and Archezoa. // Nature. 1989. 339(6220):100–101.
- 2) Hirt R.P. et al. Microsporidia are related to Fungi: Evidence from the largest subunit of RNA polymerase II and other proteins. // PNAS. 1998. 96(2):580-585.
- 3) Okonechnikov K, Golosova O, Fursov M, the UGENE team. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. // Bioinformatics. 2012. 28(8):1166-1167.

- 4) Stamatakis A. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. // *Bioinformatics*. 2014. 30(9):1312-1313.
- 5) Tamura K. et al. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. // *Molecular Biology and Evolution*. 2013. 30(12):2725-2729.