**Анализ полных митохондриальных геномов водяных блох показал, что хищники среди них произошли от «мирных» рачков дважды, и независимо друг от друга**

Геном – это полный набор всех генов организма, то есть, полный набор информации, необходимой для его «построения с нуля». Хотя в данный момент ученые способны полностью прочитать геном (программу для построения организма), это совершенно не означает, что такой организм может быть «построен» или «выращен в пробирке». Для реализации такой программы необходима специальная «машина» - живой организм, на данном этапе гораздо менее доступный для понимания человеком по сравнению с программой, регулирующей его жизнь.

Но геномика - наука, изучающая геномы - в настоящее время бурно развивается, и все большее число биологов вовлекается в подобные исследования. Геномы позволяют получить самую разнообразную информацию об организмах, которым они принадлежат. А сравнение геномов разных организмов представляет собой очень сильный инструмент для выявления их родственных связей. Стоит отметить, что это весьма дорогие и трудоемкие исследования. Конечно же, в первую очередь, был «прочитан» геном человека, потом – крупных животных, а также различных организмов, имеющих практическое значение (объекты сельского хозяйства, микроорганизмы, вызывающие различные заболевания, паразиты, модельные экспериментальные животные и т.д.).

В последние годы в эти работы вовлечены водяные блохи – ветвистоусые ракообразные (Cladocera), являющиеся важнейшим компонентом пищевых цепей в озерах и малых водоемах. Ветвистоусые ракообразные — это основная пища многих видов рыб. Хотя их исследования были начаты еще в XVII веке, остаётся множество сторон их жизни, которые предстоит понять ученым. В настоящее время известно более 850 видов этих микроскопических ракообразных, относящихся к четырем отрядам. Известно, что они произошли уже в Палеозойской эре, не менее чем 300–400 млн. лет назад. Однако родственные отношения между различными группами ветвистоусых ракообразных до сих пор окончательно не выяснены.

Международная группа специалистов, включающая ученых Китая, Италии, Австрии, Бельгии и России (Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Сверцова РАН) выполнила исследование 80 митохондриальных геномов ветвистоусых ракообразных и их ближайших родственников. Результаты опубликованы в престижном издании Molecular Phylogenetics and Evolution (https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1055790321002086). По результатам анализа полученного массива данных было реконструировано дерево родственных отношений между различными группами рачков. Стоит отметить, что достоверность каждой веточки такого дерева можно проверить строгими математическими методами, и если вероятность ее существования («статистическая поддержка») превышает 95%, и уж тем более, если она составляет 100%, родство таких групп не вызывает сомнений.

По результатам исследования специалисты смогли сделать большое количество выводов. Самый главный состоит в том, что среди водяных блох есть несколько хищных представителей, которые объединяются в два отряда. Ранее считалось, что все они – ближайшие родственники. Данное исследование опровергает это мнение.

«В ходе исследования вполне убедительно доказано, что два отряда хищных ветвистоусых ракообразных произошли от «мирных» представителей, независимо друг от друга. Причем все отряды как хищных, так и «мирных» ветвистоусых рачков, и даже отдельные «современные» роды, например, дафнии, существовали уже во времена динозавров» - сообщает участник исследования, член-корр. РАН, Профессор РАН, г.н.с. ИПЭЭ РАН Алексей Котов.

С российской стороны исследования проводились за счет Государственного Задания ИПЭЭ РАН.

Рисунок

Представители четырех отрядов ветвистоусых ракообразных: левый верхний фрагмент - лептодора (отряд Haplopoda), правый верхний фрагмент – сида (отряд Ctenopoda), левый нижний фрагмент – битотрефес (отряд Onychopoda), правый нижний фрагмент – дафния (отряд Anomopoda). Все рисунки взяты из старой книги В. Лилльборга (Lilljeborg, 1901). Слева – хищные, справа – «мирные» рачки. Согласно результатам данного исследования, животные в верхнем и нижнем рядах являются более близкими родственниками друг друга, чем животные из другого ряда.