

DOKTORAND: Srinidhi Varadharajan
GRAD: Philosophiae doctor
FAKULTET: Det matematisk-naturvitenskapelige fakultet
INSTITUTT: Institutt for biovitenskap, Senter for økologisk og evolusjonær syntese
FAGOMRÅDE: Komparative genomikk
VEILEDERE: Asbjørn Vøllestad, Lex Nederbragt, Simen Rød Sandve, Torbjørn Rognes and Geir Olve Storvik
DISPUTASDATO: 24 Juni 2019

AVHANDLINGENS TITTEL: *Comparative genomics in teleost fish: Insights into forces driving genome evolution*

Hvordan oppsto det komplekse artsmangfoldet vi ser rundt oss? Svaret på et av evolusjonens største spørsmål endres ettersom vi dykker dypere inn i hemmelighetene til livets genetiske kode - et tilsynelatende enkelt språk bestående av fire bokstaver (A, T, G og C). Ved å forstå hvilke mekanismer som gjør at gener og hele arvemassen (genomer) utvikler seg strukturelt og funksjonelt, får vi et grunnlag for å forstå livets utrolige kompleksitet og variasjon. Den raske utviklingen av DNA-sekvenseringsteknologi gir uante muligheter til å forstå hvordan endringer i genomene har skapt variasjon innen og mellom arter. Fiskene gir oss et særlig interessant utgangspunkt for å studere utviklingen av virveldyrers genomer, fordi fisk har en lang evolusjonær historie og er spesielt mangfoldige når det gjelder livshistorie og tilpasninger. I denne avhandlingen kartlegger Srinidhi Varadharajan genomet til laksefisk harr og stiklingfisk nipiggetet stingsild og gir dermed ny innsikt i evolusjonen av genomenes arkitektur og funksjon.

En av de vanligste mekanismene for dannelsen av nytt arvestoff er duplisering av eksisterende enkeltgener. En sjelden gang skjer en mer ekstrem variant av denne typen mutasjon, der hele genomet dupliseres (whole genome duplication, WGD). Duplisering av gener spiller en sentral rolle i evolusjonen av genomer, fordi overflødige gener kan fungere som råmateriale for evolusjon av nye egenskaper. Laksefamiliens genetiske forfedre fordoblet sitt arvemateriale for 80-100 millioner år, noe som gjør at harrens genom er svært godt egnet til å studere konsekvensene av en så evolusjonært viktig hendelse. Varadharajan har kartlagt harrens genom og sammenlignet det med atlantehavslaksens genom. Resultatene antyder hvilken viktig rolle seleksjonen har for hvordan regulering av genuttrykk endret etter WGD, og viser hvordan forskjellige biologiske funksjoner har forskjellig mottakelighet for evolusjonært press. I tillegg viser avhandlingen at et gen som er viktig for saltbalansen reguleres forskjellig i harren, som er en ferskvannsfisk, og atlantehavslaksen, som vandrer mellom ferskvann og saltvann.

Stiklingfiskfamilien, som inkluderer nipigget stingsild, er blitt et viktig modellsystem innen økologi og evolusjonsbiologi. Avhandlingen sammenligner genomet til nipigget stingsild med den nært beslektede trepigget stingsild. Dette gir innsikt i forekomsten av repeterte sekvenser og beskriver en nylig duplikasjon i hemoglobingener i nipigget stingsild, i tillegg til potensiell variasjon i antall kopier av disse genene mellom nært beslektede populasjoner. Genomene som har blitt kartlagt i denne avhandlingen hos både harr og stingsild gir eksempler på rearrangeringer av kromosomer som kan føre til betydelige forskjeller i kromosomenes antall og utseende hos nært beslektede arter. Samlet sett viser denne avhandlingen nytten av komparativ genomikk for å forstå funksjonelle konsekvenser av genomevolusjon.