

ПРИОРИТЕТНОЕ НАПРАВЛЕНИЕ VI.45. ОБЩАЯ ГЕНЕТИКА

Программа VI.45.1. Генетические основы эволюции и селекции. Реконструкция и модификация геномов методами хромосомной и геномной инженерии (координатор акад. В. К. Шумный)

Учеными Института цитологии и генетики проведено молекулярно-генетическое картирование генов, контролирующих хозяйственно-ценные признаки у гибридных форм пшеницы, что позволило разработать новую схему маркер-опосредованной селекции. Использование этой схемы позволяет в короткие сроки создать новые доноры устойчивости мягкой пшеницы к бурой ржавчине. Тестирование полученных линий-доноров проводили методами

микросателлитного генотипирования и гибридизацией *in situ* (рис. 17). Показано, что линии пшеницы, содержащие локус *Q_{Lr.icg-5G}* от *Triticum timopheevii*, являются полностью устойчивыми к бурой ржавчине и не отличаются по показателям продуктивности от исходного сорта. Полученные линии могут быть рекомендованы для включения их в качестве доноров устойчивости к бурой ржавчине в селекционные программы по мягкой пшенице.

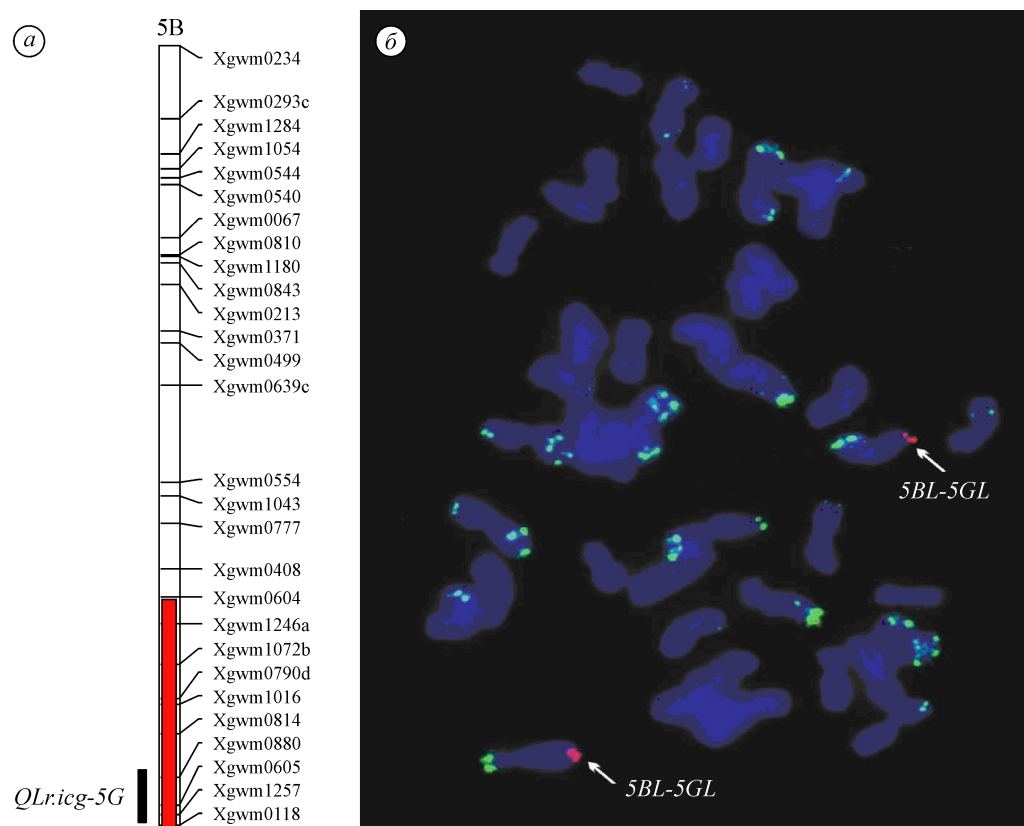


Рис. 17. Молекулярно-генетическая карта хромосомы 5B изогенных линий мягкой пшеницы. Транслокация от *T. timopheevii* выделена красным цветом. *Q_{Lr.icg-5G}* — локус, контролирующий устойчивость к бурой ржавчине. Справа указаны номера микросателлитных маркеров (Xgwm.) (a). Идентификация транслокации методом гибридизации *in situ*. Красный сигнал гибридизации маркера *Spelt1* указывает на присутствие транслокации от *T. timopheevii*. Идентификация хромосом выполнена по распределению маркера *pSc119.2* (зеленый сигнал) (б).

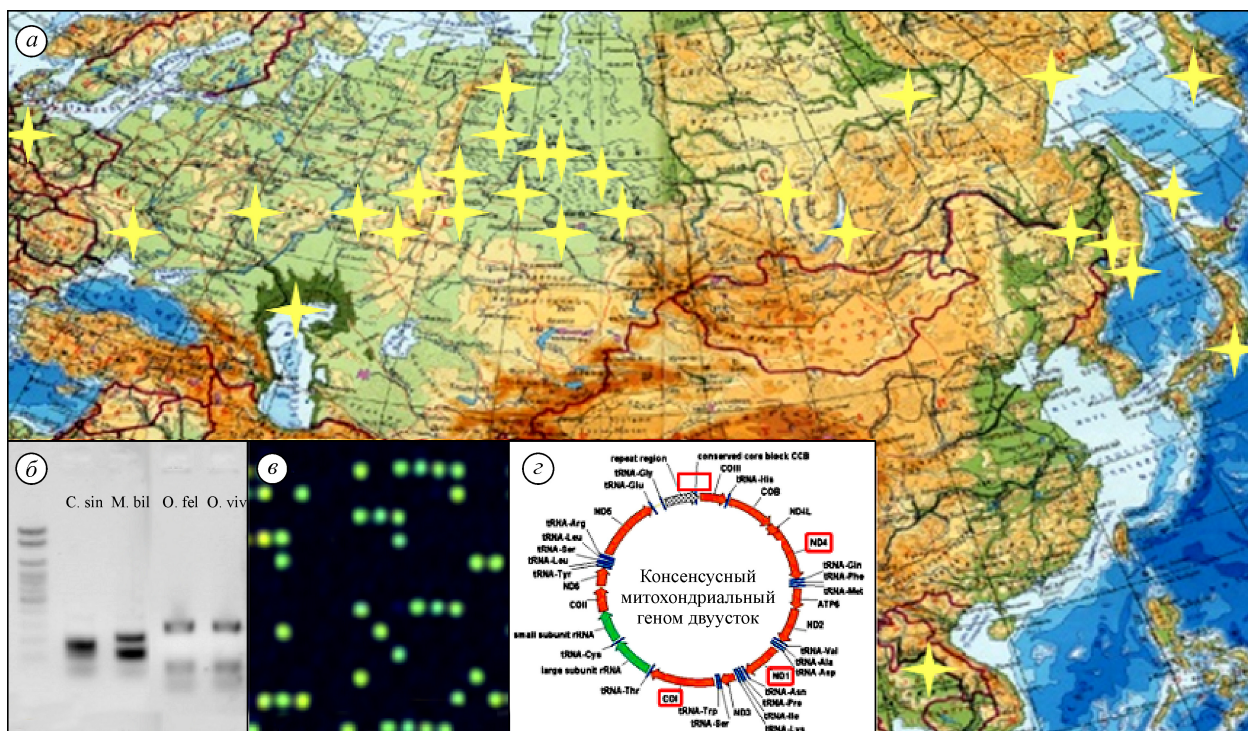


Рис. 18. Формирование коллекции образцов возбудителей биогельминтозов и разработка методов ДНК-диагностики этих заболеваний.

a — желтыми звездами на карте обозначены точки сбора образцов гельминтов, представленных в коллекции; *б* — ПЦР-технология с последующим гель-электрофорезом: *Clonorchis sinensis* (*C. sin*), *Metorchis bilis* (*M. bil*), *Opisthorchis felineus* (*O. fel*), *Opisthorchis viverrini* (*O. viv*); *в* — биочипы для идентификации видового состава биогельминтозов; *г* — консенсусный митохондриальный геном двуусток, использованный в качестве основы для разработки маркеров при генотипировании возбудителей биогельминтозов.

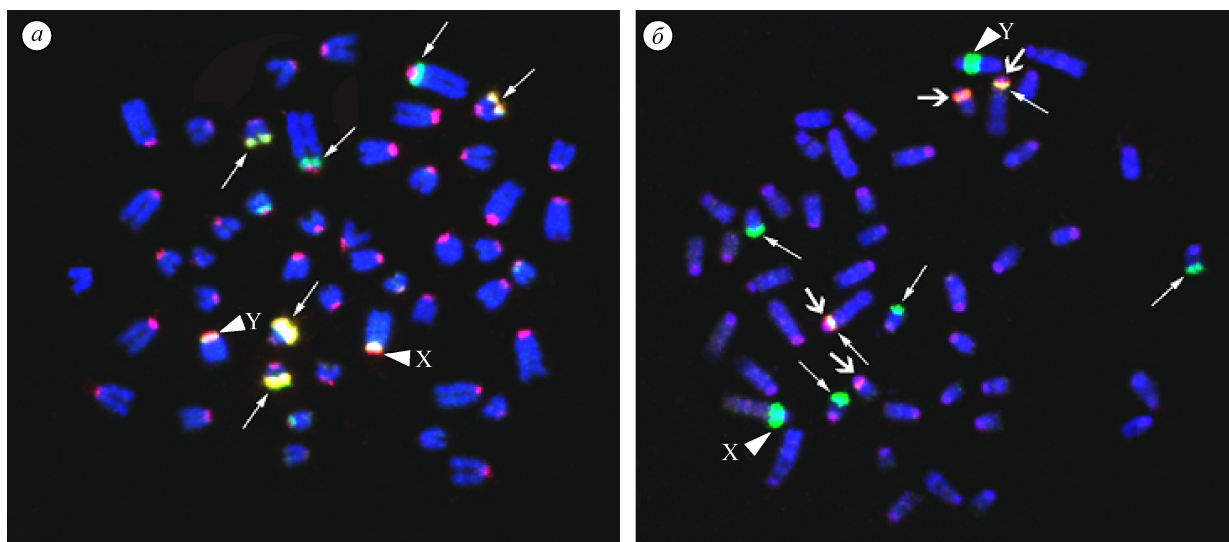


Рис. 19. Сравнение состава ДНК прицентромерных районов хромосом близких видов лесных мышей. *a* — кластеры повторов, гомологичных ДНК прицентромерных районов хромосом 1 *S. flavicollis* (красный сигнал) и *S. sylvaticus* (зеленый сигнал) в хромосомах *S. ponticus*; *б* — кластеры повторов, гомологичных ДНК прицентромерных районов хромосом 1 *S. ponticus* (красный сигнал) и *S. sylvaticus* (зеленый сигнал) в хромосомах *S. flavicollis*. Общая окраска хромосом — краситель DAPI (синий сигнал). Треугольниками обозначены половые хромосомы X и Y. Стрелки указывают на районы локализации кластеров соответствующих повторов.

В этом же Институте сформирована уникальная коллекция, содержащая более 700 образцов различных видов гельминтов, вызывающих тяжелые заболевания человека и животных. Образцы собраны как на территории РФ, так и за рубежом (рис. 18, *a*). С использованием современных методов секвенирования проведено генотипирование значительной части образцов, представленных в коллекции (рис. 18, *b*, *в*). Результаты генотипирования имеют большое значение для развития исследований в области зоогеографии, молекулярной филогении, популяционной и эволюционной биологии возбудителей биогельминтозов, а также для разработки новых методов ДНК-диагностики эпидемиологически значимых паразитозов человека и животных. Широкая распространенность этих заболеваний обусловлена неэффективностью существующих методов выявления паразитов. Одним из решений про-

блемы является развитие ДНК-диагностики, основанной на результатах генотипирования образцов гельминтов из различных регионов мира.

Сотрудниками этого же Института впервые проведен сравнительный анализ состава ДНК обогащенных повторами прицентромерных районов хромосом у близкородственных видов млекопитающих. В качестве модельной системы использованы лесные мыши рода *Sylviaetus*. Показано, что индивидуальные районы прицентромерного гетерохроматина содержат отличные друг от друга наборы повторенных последовательностей. Полученные данные согласуются с гипотезой о формировании репродуктивной изоляции путем накопления изменений в ДНК прицентромерных районов хромосом. Предложенный механизм позволяет решить проблему возникновения критических различий в геномах изолированных популяций в процессе видообразования (рис. 19).