

**ПРИОРИТЕТНОЕ НАПРАВЛЕНИЕ 6.1.
БИОЛОГИЯ РАЗВИТИЯ И ЭВОЛЮЦИЯ ЖИВЫХ СИСТЕМ**

Программа 6.1.1. Организация генетического материала и ее роль в индивидуальном и эволюционном развитии у растений и животных

Учеными Института цитологии и генетики с помощью методов сравнительной геномики и хромосомной живописи проведено детальное сравнение геномов видов всех основных таксонов млекопитающих. Получены интегративные карты хромосом человека и всех видов

домашних и лабораторных животных. Установлены основные закономерности эволюции хромосомных наборов внутри большей части таксонов (рис. 1).

Сотрудниками Лимнологического института с помощью молекулярно-филогеографи-

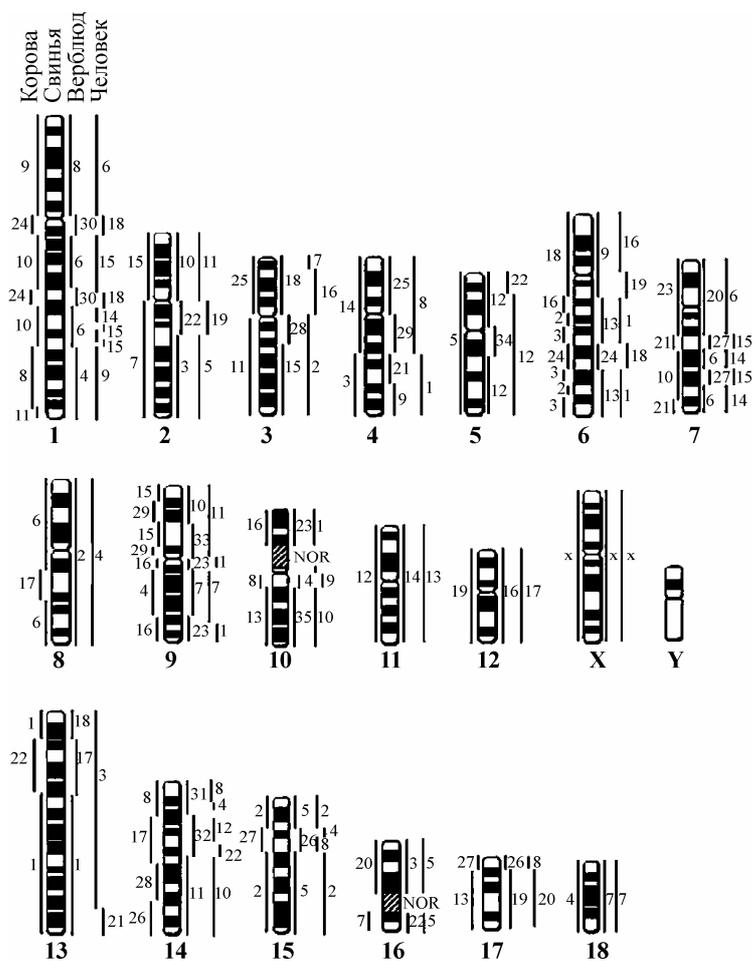


Рис. 1. Сравнительная карта хромосом свиньи (SSC), человека (HSA), коровы (BTA) и верблюда (CDR), основанная на данных хромосомного пэйнтинга.

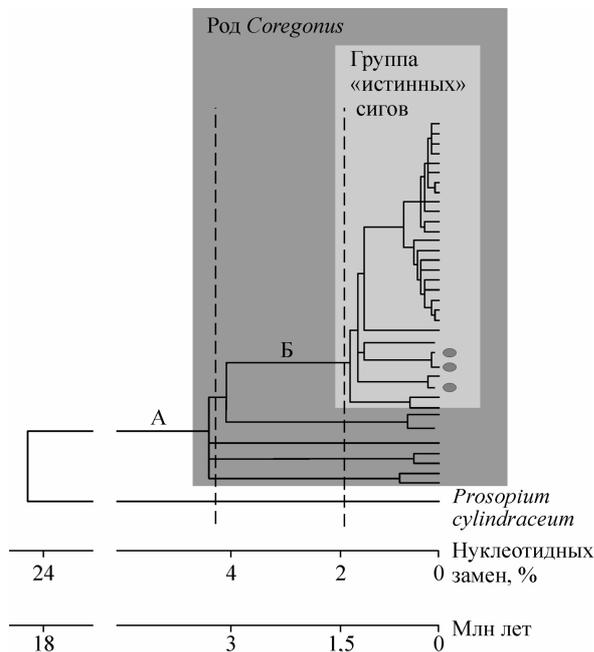


Рис. 2. Линеаризованное дерево филогенетических взаимоотношений сиговых рыб рода *Coregonus*, построенное на основе нуклеотидных последовательностей гена цитохрома Б. Овалами отмечено положение в древе байкальских сиговых.

ческого анализа исследована генеалогическая история появления сиговых рыб семейства Coregonidae в Байкале. Подтверждено, что Восточная Сибирь является центром видообразования рода *Coregonus*. По крайней мере два

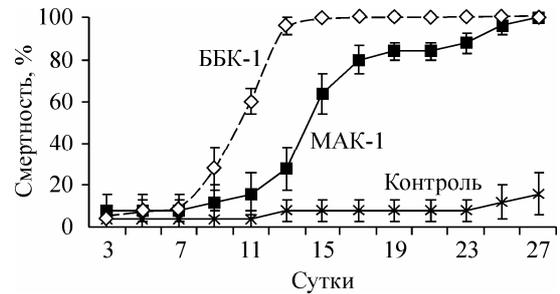


Рис. 3. Смертность нимф возраста перелетной саранчи, зараженных в полевых условиях *Beauveria bassiana* (ББК-1) и *Metarhizium anisopliae* (МАК-1).

ды (рис. 2) тектонические процессы и глобальные похолодания приводили к обособлению представителей рода в рефугиумах, расположенных, вероятнее всего, на Алтае и в Байкальской рифтовой зоне. Около 3 млн лет назад такие события привели к появлению основных, наиболее древних линий рода *Coregonus*. Около 1,5 млн лет назад одна из этих линий дала начало предкам современных монофилетичных групп истинных сигов, в том числе и предкам байкальских сиговых рыб. Полученные результаты согласуются с молекулярно-филогенетическими датировками образования букета байкальских рогатковидных рыб (1,2—3,1 млн лет).

Институтом систематики и экологии животных в результате пятилетних исследований паразитов саранчовых на территории России и



Рис. 4. Основные пути миграций бурозубок и связанных с ними паразитов-цестод на территорию Северо-Восточной Азии: с востока — с территории Аляски, с запада — в обход Верхоянского хребта, с юга — вдоль побережья Охотского моря.

Средней Азии получены высоковирулентные и высокопродуктивные культуры энтомопатогенных грибов *Beauveria bassiana* и *Metarhizium anisopliate*. Установлено, что штаммы, выделенные в сухих степях (степи), проявляют более высокую инсектицидную активность по сравнению с культурами, изолированными из увлажненных районов. В результате лабораторных и полевых испытаний отобраны два высокоактивных штамма грибов, выделенных из погибших особей итальянского пруса *Caliptamus italicus* на юге Новосибирской области. Данные штаммы вызывают 80—100%-ю гибель азиатской саранчи и других массовых видов (рис. 3).

В том же Институте исследованы цестоды (ленточные черви) землероек тихоокеанского побережья Северной Азии и Курильских ост-

ров. В результате расширен фаунистический список цестод бурозубок России, описаны новые для науки виды. Находки амфиберингийских видов цестод у бурозубок о. Парамушир и Камчатки подтверждают гипотезу о раннеплейстоценовом проникновении бурозубок подрода *Otysorex* на Камчатку. Освоение ими новой территории с иными условиями обитания стимулировало видообразовательный процесс и привело к возникновению новых видов цестод *Lineolepis yudini* sp. n. и *Neoskrjabinolepis polyhexacantha* sp. n. Заселение постледниковых территорий Северо-Восточной Азии бурозубками сопровождалось обогащением фауны цестод за счет фаунистических обменов с Северной Америкой и автохтонного видообразования (рис. 4).