

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 (координатор акад. И. Ф. Жимулев)

В Институте цитологии и генетики и Институте химической биологии и фундаментальной медицины с помощью методов традиционной и молекулярной цитогенетики установлены макрогеномные события, имевшие место в ходе

разделения и эволюции хищных, грызунов, непарнокопытных, китопарнокопытных, определена вероятная структура кариотипов предков большинства таксонов (рис. 1). Полученные данные, а также собранные коллекции тканей,

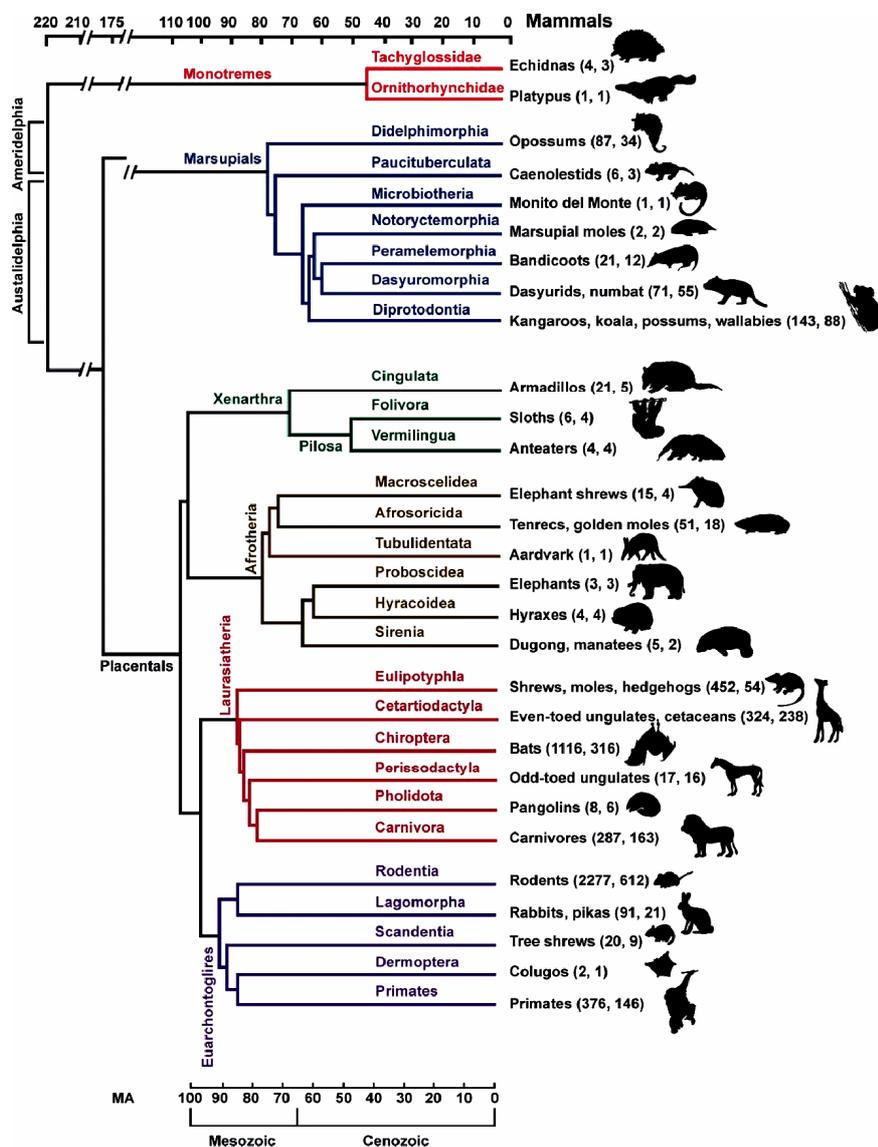


Рис. 1. Таксоны млекопитающих, исследованные с помощью метода «хромосомной живописи».

клеточных культур и ДНК позволят ученым ИХБФМ участвовать в престижном международном проекте по секвенированию геномов десяти тысяч видов позвоночных.

Учеными этих же Институтов с помощью микрочиповой технологии и методов биоинформатики открыт новый принцип организации геномов эукариот. Геном состоит из многочисленных доменов (до 50 % всего генома), состоящих из участков с низкой плотностью генов, ограниченных с обоих краев районами с высокой плотностью. Низкая плотность достигается за счет того, что в таких доменах располагаются более длинные гены, содержащие более длинные некодирующие элементы — ин-

троны, а также более длинные межгенные промежутки, чем в среднем по геному. Домены низкой плотности генов завершают репликацию ДНК в самом конце цикла репликации, в то время как их края — в самом начале. Районы поздней репликации неактивны в транскрипции и обогащены тканеспецифичными генами, функционирующими координированно. Они обладают высоким инактивирующим потенциалом, поэтому трансгены, встроенные в районы поздней репликации, инактивируются (рис. 2). Таким образом, поздняя репликация ДНК и кластерность в функционировании генов являются функцией особой разметки генов в геноме.

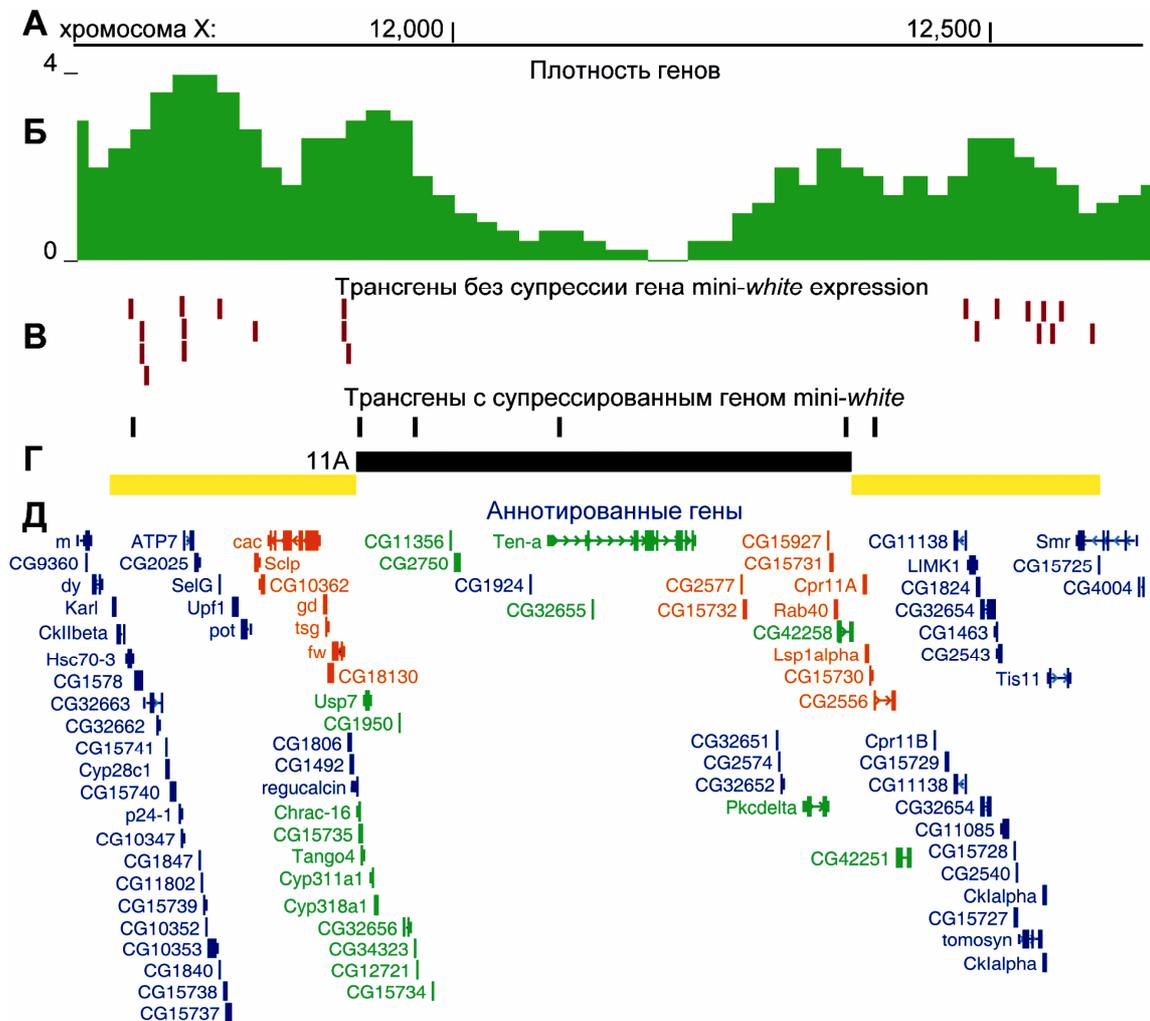


Рис. 2. Локализация генов, зон недорепликации в политенных хромосомах и встроок транспозонов на физической карте района недорепликации 11A:

А — участок молекулярной (физической) карты ДНК (в Мегабазах); Б — локализация трансгенов, сохраняющих (красные) и теряющих (черные) активность при встраивании в участки ранней и поздней репликации соответственно; В — положение доменов ранней (желтый цвет) и поздней (черный цвет) репликации на физической карте ДНК; Г — локализация генов в этом же участке карты.



Рис. 3. Увеличение активности реакций клеточного и гуморального иммунитета, компонентов антиоксидантной и детоксицирующей систем у четвертого поколения личинок *G. mellonella* при селекции на устойчивость к энтомопатогенным грибам и бактериям.

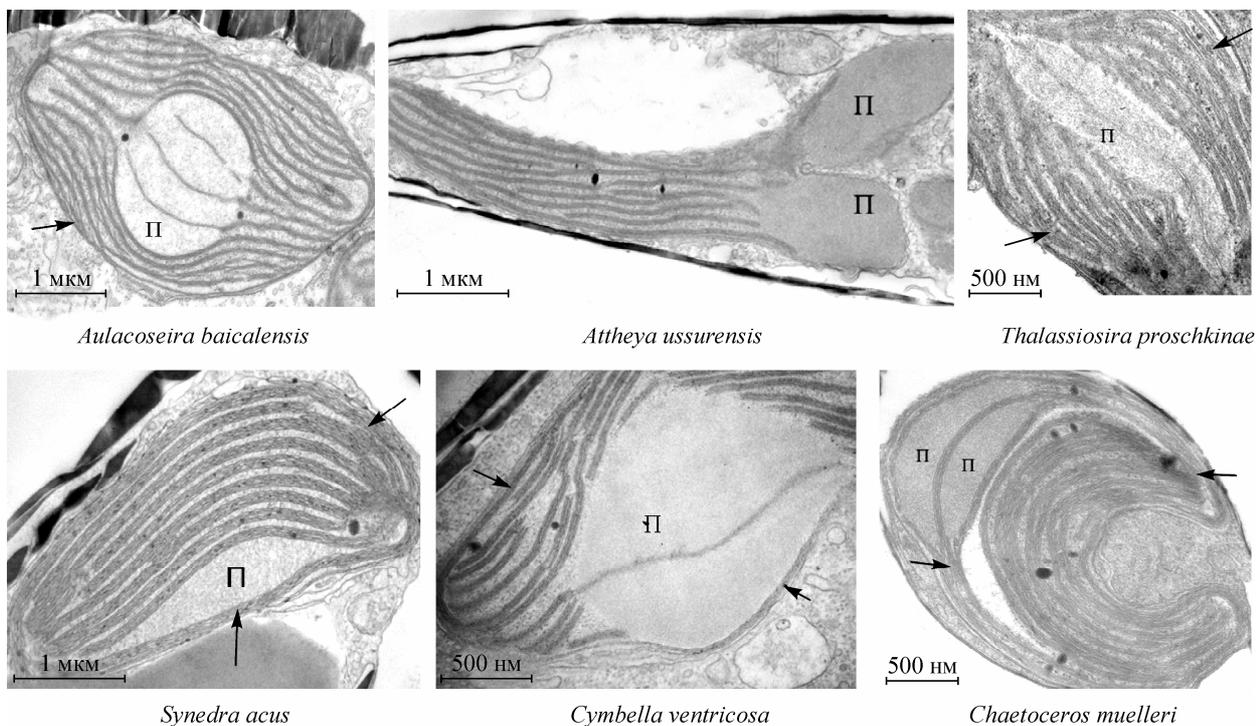


Рис. 4. Особенности строения пиреноидов (П) у диатомовых водорослей, принадлежащих к различным филогенетическим кладам.

В Институте систематики и экологии животных для исследования механизмов формирования устойчивости к патогенам экспериментально созданы линии большой пчелиной огневки *Galleria mellonella* с повышенной устойчивостью к энтомопатогенному грибу *Beauveria bassiana* и бактерии *Bacillus thuringiensis*. Устойчивость к бактериальной инфекции сопровождается изменением окислительно-восстановительного баланса в кишечнике. Устойчивость к микозам проявляется в увеличении активности инкапсуляции, а также фенолоксидазной активности в лимфе и гемоцитах насекомого, что свидетельствует о важной роли фенолоксидазной системы в защите насекомого от проникновения энтомопатогенного гриба (рис. 3). Полученные результаты позволяют

скорректировать состав и регламент применения биопестицидов для более эффективного их использования.

В Лимнологическом институте в результате анализа ультратонких срезов представителей разных филогенетических групп диатомовых водорослей выявлены особенности ультраструктуры клеток, существенно дополняющие современные представления о строении хлоропластов Bacillariophyta (рис. 4). Впервые для диатомей определено, что ген *rpb1* РНК-полимеразы разрешает взаимоотношения на уровне родов в согласии с филогенией по рибосомным генам, и показано нарушение хода нейтральной эволюции в последовательностях, кодирующих транспортер кремния SIT.