

ПРИОРИТЕТНОЕ НАПРАВЛЕНИЕ VI.42. БИОЛОГИЯ РАЗВИТИЯ И ЭВОЛЮЦИЯ ЖИВЫХ СИСТЕМ

Программа VI.42.1. Геномика и эпигенетика, организация генетического материала и ее роль в индивидуальном и эволюционном развитии прокариот и эукариот (координатор акад. И. Ф. Жимулёв)

В Институте молекулярной и клеточной биологии в рамках международного проекта по картированию генома собаки (Dog Map project) проведено сравнительное изучение геномов собаки и ближайших родственников — видов собачьих евроазиатской, африканской и американской фаун (красной лисицы, американской, большеухой, бразильской и серой лисиц, фенека, майконга и кустарниковой собаки). Меченные различными флуорохромами 275 ВАС-клонов, покрывающих геном собаки, с интервалом в 10 мегабаз были локализованы на хромосомах всех перечисленных видов (рис. 1). Выявлены большое число дополнительных перестроек внутри геномов собак, а также горячие точки перестроек, полученные данные нанесены на известное филогенетическое древо семейства. Обнаружено, что В-хромосомы лисицы и китайской енотовидной собаки несут уникальные участки из различных аутосом *Canidae*, тогда как добавочные хромосомы японской енотовидной собаки несут только ген *c-kit*. В издательстве Karger (Базель) вышла монография «Evolutionary Dynamics of Mammalian Karyotypes», в которой суммируются данные об организации и эволюции геномов и хромосом всех основных таксонов млекопитающих, 6 из 15 глав книги написаны сотрудниками Института.

Учеными этого же Института изучается генетическая история антропологических изолятов Сибири и Севера, в том числе и алеутов Командорских островов (всего 22 популяции) (рис. 2). 1650 образцов крови юкагири, чукчей, науканых, сирениковских, чаплинских эскимосов и командорских алеутов были подвергнуты детальному мтДНК/SNP-анализу. 270 митохондриальных ДНК из них секвенировали на полногеномном уровне и интегрировали в

глобальную базу данных (GenBank). Подтверждена гипотеза, согласно которой азиатские предки первых американцев пережили время последнего ледникового максимума (20—18 тыс. лет назад) в двух рефугиумах южного пояса Сибири — Алтае-Саянском нагорье и на Нижнем Амуре. Получены предварительные данные в пользу единства происхождения сирениковских эскимосов, палеоэскимосов Гренландии (Saqqaq) и командорских алеутов.

Учеными Лимнологического института на основе разработанного алгоритма, позволяющего проводить *de novo* идентификацию LTR- и non-LTR-повторов (ретротранспозонов) в геноме диатомовых водорослей, проведен их филогенетический анализ (рис. 3), который показал наличие общего предка LTR-ретротранспозонов диатомей.

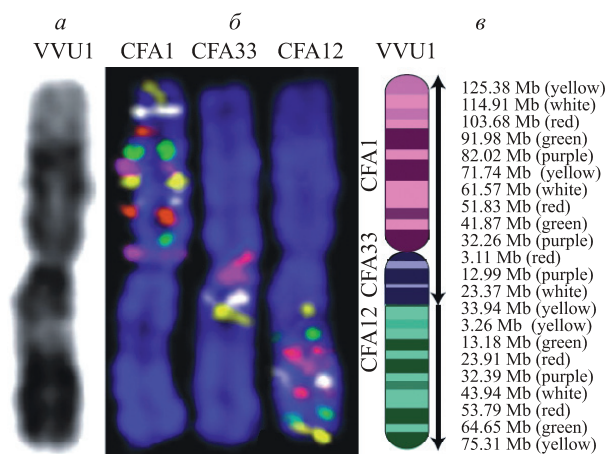


Рис. 1. Локализация ВАС-клонов хромосом 1, 33 и 12 собаки на хромосоме 1 лисицы.

a — G-окраска хромосомы 1 лисицы; *б* — локализация ВАС-клонов, меченных различными флуорохромами; *в* — схема хромосомы 1 лисицы и гомологичные ей районы трех хромосом (CFA) собаки.

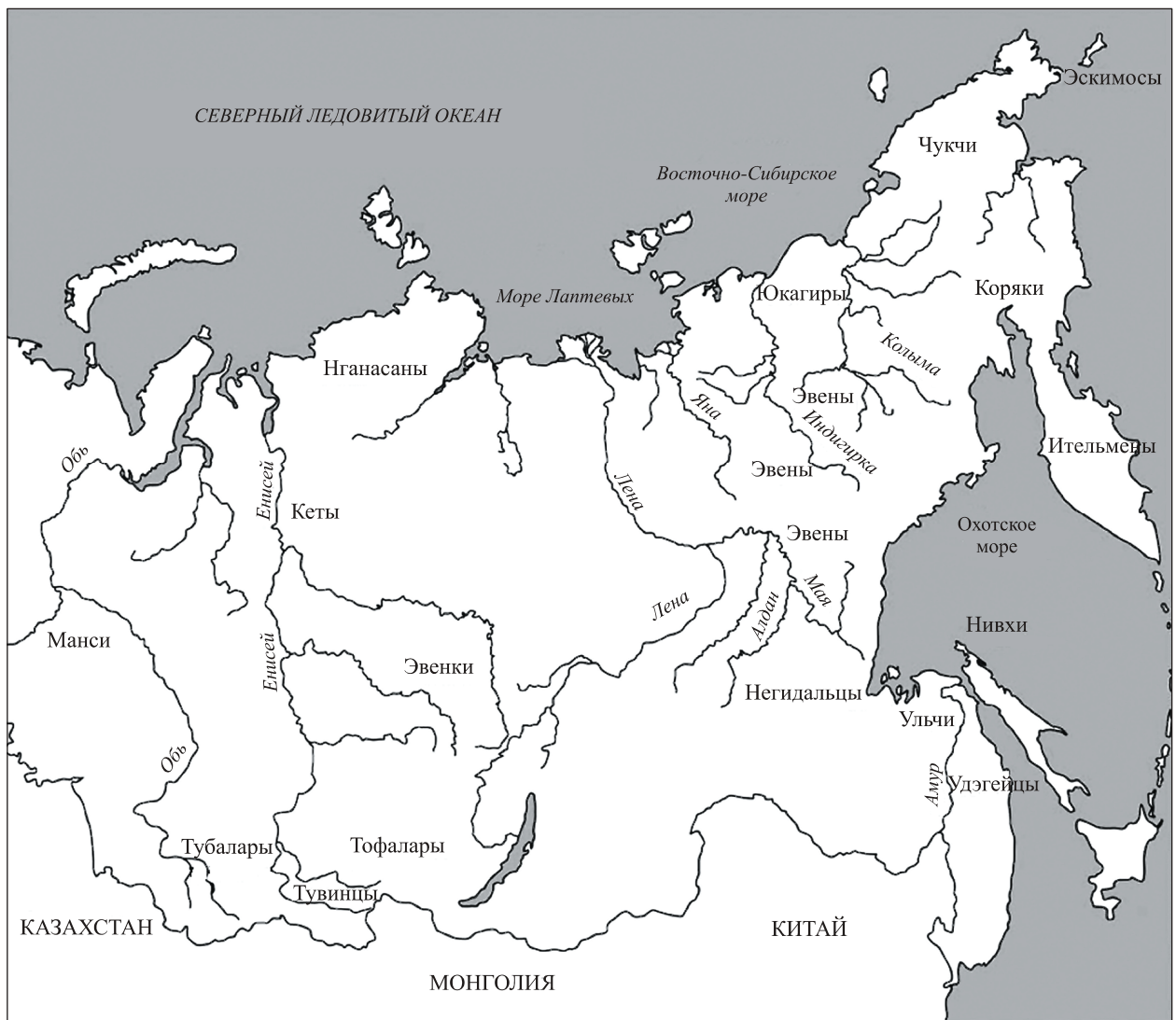


Рис. 2. Примерное расположение основных антропологических изолятов.

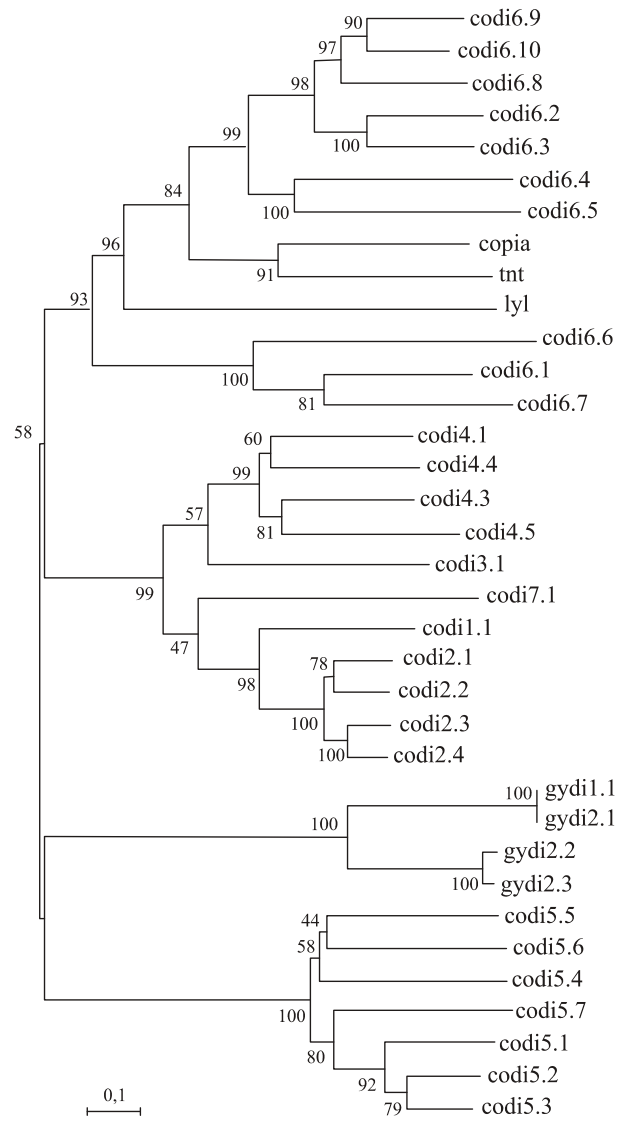


Рис. 3. Филогенетический анализ ретротранспозонов диатомей по методу «ближайших соседей».