

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ  
УЧРЕЖДЕНИЕ НАУКИ  
САНКТ-ПЕТЕРБУРГСКИЙ НАУЧНЫЙ ЦЕНТР РАН

УТВЕРЖДАЮ

Председатель СПбНЦ РАН  
Академик Ж.И. Алферов



О Т Ч Е Т

по Государственному заданию СПбНЦ РАН в 2014–2016 гг.

по теме № 79:

«Дивергенция генетического материала в  
эволюции филогенетических ветвей эукариот»

Научный руководитель проекта

академик РАН Инге-Вечтомов С.Г.

Санкт-Петербург

2014

## **Список исполнителей**

Г.А. Журавлева— профессор, д.б.н., СПБГУ, зав. лаб.

Л.А. Джапаридзе – с.н.с., кбн, СПБНЦ РАН

Н.И. Абрамсон, зав.лаборатории молекулярной систематики, к.б.н, ЗИН РАН

В.Г. Кузнецова, гл.н.с., зав. отд. кариосистематики, дбн, проф., ЗИН РАН

С.Е. Москаленко— с.н.с., к.б.н, СПБГУ.

О.М. Землянко— м.н.с., СПБГУ

Н.А. Петрова, вед. научн. сотр., дбн, старший научн. сотр., ЗИН РАН

В.А. Лухтанов, вед. научн. сотр., дбн, доцент, ЗИН РАН

## **СОДЕРЖАНИЕ**

СПИСОК ИСПЛННИТЕЛЕЙ , <u>СОДЕРЖАНИЕ</u> .....	1
РЕФЕРАТ .....	3
ВВЕДЕНИЕ .....	5
ОСНОВНАЯ ЧАСТЬ I.....	6
<u>ОСНОВНАЯ ЧАСТЬ II</u> .....	10
ОСНОВНАЯ ЧАСТЬ III.....	12
ЗАКЛЮЧЕНИЕ.....	14
СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ.....	15
ПРИЛОЖЕНИЕ .....	19

# **Реферат**

Объем отчета: 29 стр., иллюстраций - 10, таблиц - 1, приложений - 1, количество частей отчета -8, количество использованных источников – 56.

**Ключевые слова:** Кариотип, цитогенетика, кариосистематика, FISH, теломерные последовательности, рибосомные гены, агрегация белков, амилоиды, прионы, терминация трансляции, молекулярная филогения, систематика, митохондриальная ДНК, ядерная ДНК, молекулярные маркеры, филогеография

**Модельные объекты исследования** - паразитические простейшие, грызуны из подсемейства полевочных, были представители 9 отрядов насекомых: Mantophasmatodea (мантофазматиды) Psocoptera (сеноеды), Mallophaga (пухоеды), Anoplura (пухоеды), Homoptera (цикадовые, кокциды и псилиды), Heteroptera (клопы и пелоридииды), Lepidoptera (бабочки), Neuroptera (муравьиные львы и аскалафы), Hymenoptera (перепончатокрылые) и Diptera (хирономиды), а также дрожжи-сахаромицеты.

**Основная цель проекта** - характеристика различных типов изменений генетического материала на нескольких уровнях: генном, хромосомном и геномном с использованием различных таксономических групп организмов, претерпевших эволюционную дивергенцию в разные периоды эволюции.

**Основные задачи** исследования заключались в том, чтобы охарактеризовать: (1) макро- и микроэволюционные преобразования генетического материала на разных иерархических уровнях; (2) дивергенцию генома за счет хромосомных перестроек различного типа и полипloidизации генетического материала; (3) эволюцию пространственной организации белковых молекул.

## **Методология проведения работы:**

Использовали методы классической цитогенетики (разные типы хромосомного бэндинга), методы молекулярной цитогенетики (FISH и GISH), молекулярно-генетические методы (анализ последовательностей митохондриальных и ядерных генов), методы молекулярной филогенетики и филогеографии.

## **Результаты работы:**

В результате выполнения проекта было показано, что: (1) в юго-восточном Забайкалье обитает два криптических вида узкочерепных полевок; (2) норвежский лемминг пережил максимум последнего оледенения в локальном рефугиуме в Скандинавии; (3) у пресноводных рыб распространены смешанные инвазии разными видами трипаносом; (4)

паразитические перепончатокрылые утратили теломерную последовательность (TTAGG)<sub>n</sub>, сохранившуюся в большинстве отрядов насекомых, в том числе у жалящих Hymenoptera; (5) энigmatический подотряд Coleorrhyncha (Hemiptera) характеризуется голокинетическими хромосомами и по комплексу цитогенетических особенностей близок к полужесткокрылым насекомым (Heteroptera); (6) вид бабочек *Agrodiaetus peilei* является гибридным и возник в результате гибридизации между близкими видами *A. karindus* и *A. morgani*; (7) двойные замены соседних полярных незаряженных аминокислотных остатков на заряженные в одном из пяти олигопептидных повторов N-домена Sup35p оказывают влияние на структуру прионных агрегатов Sup35p.

Результаты проведенных исследований могут быть использованы при разработке курсов лекции по эволюционной биологии, молекулярной генетике, зоологии позвоночных и беспозвоночных, зоогеографии в ВУЗах и при разработке природоохранных мероприятий. Полученные данные вносят вклад в изучение и сохранение биоразнообразия. Молекулярные и цитогенетические методы дают возможность анализировать дополнительные фенотипические признаки и являются мощным инструментом таксономии и филогенетики. Цитогенетические методы, с помощью которых выявляются хромосомные и геномные перестройки, используются также для мониторинга состояния природных популяций насекомых в условиях антропогенного воздействия.