

## 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)

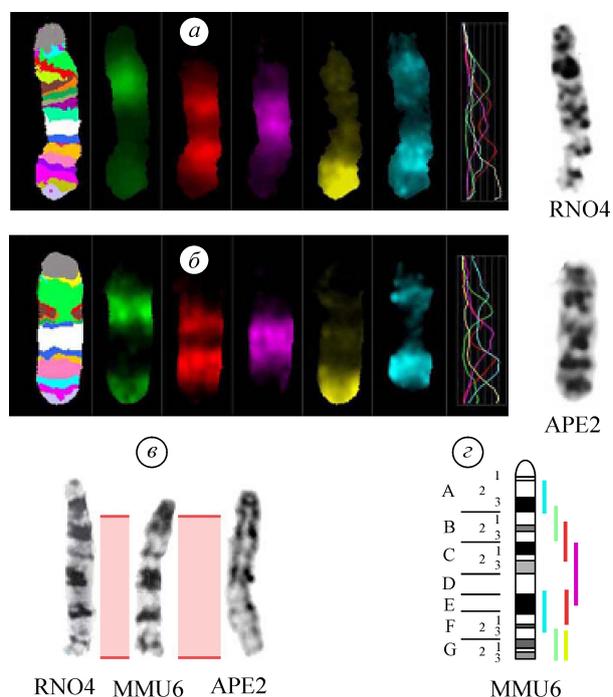
В Институте химической биологии и фундаментальной медицины ведутся работы по сравнительному изучению геномов позвоночных. Определены хромосомные перестройки, разделившие оленей и полорогих. Установлены высочайшие темпы хромосомной эволюции в роде полевок *Microtus*. С помощью метода многоцветного бэндинга идентифицированы точки разрывов хромосом и места возникновения нецентромер в эволюции геномов мышевидных грызунов (рис. 1). Впервые получены данные по хромосомному пэинтингу для круциальной группы пищух из отряда зайцеобразных. Проведено первое сравнительное исследование хромосом рептилий с помощью хромосомного пэинтинга.

Сотрудниками Института химической биологии и фундаментальной медицины построена детальная физическая карта района субтеломерного гетерохроматина короткого плеча первой хромосомы ржи IRS (рис. 2). В составе района протяженностью 130 т. п. н. идентифицировано несколько семейств различных классов ретротранспозонов. Обнаружено три семейства тандемно организованных повторов (*pSc119.2*, *XbaI* и *pSc200*), непосредственно соседствующих друг с другом. Это указывает на высокую интенсивность рекомбинационных процессов на концах хромосом, происходивших в процессе эволюции. Получена наиболее полная в настоящий момент характеристика состава ДНК субтеломерного гетерохроматина у растительных видов.

Учеными Лимнологического института определены последовательности полных митохондриальных геномов байкальских губок, принадлежащих к разным родам байкальского эндемичного семейства *Lubomirskiidae*: *Swartschewskia papyracea*, *Rezinkovia echinata* и *Baikalspongia intermedia* морфа *profundalis* (рис. 3). Впервые обнаружен фактор, однозначно отличающий эндемичные и космополитные губки, представляющий собой множественные видо-

специфичные делеции и вставки в межгенные последовательности, а также консервативные прямые и инвертированные повторы, способные к формированию устойчивых вторичных структур. Высказано предположение, что эти структурные элементы могут влиять на регуляцию экспрессии митохондриальных генов и, как результат, на энергетику губок.

В Лимнологическом институте разработан прототип программного пакета для оптимального распределения вычислительных задач, связанных со структурно-функциональной аннотацией геномных и метагеномных после-



**Рис. 1.** Многоцветный бэндинг микродиссекционных проб хромосомы MMU6 мыши, меченых флуорохромами: Spectrum Green, Spectrum Orange, Texas Red, Cyanine 5 и диэтиламинокумарин, на хромосомы крысы (RNO) (а) и лесной мыши рода *Apodemus* (APE) (б); сравнение дифференциальных окрасок этих хромосом (в); диссектированные районы хромосомы MMU6 (г).

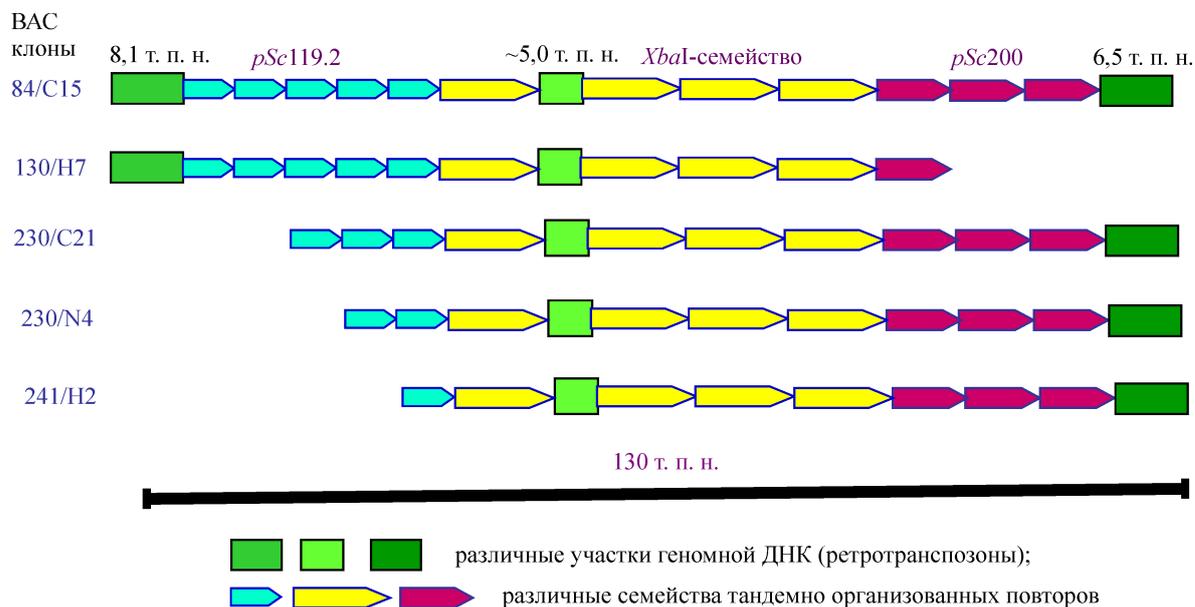


Рис. 2. Детальная физическая карта субтеломерного участка 1RS хромосомы ржи.

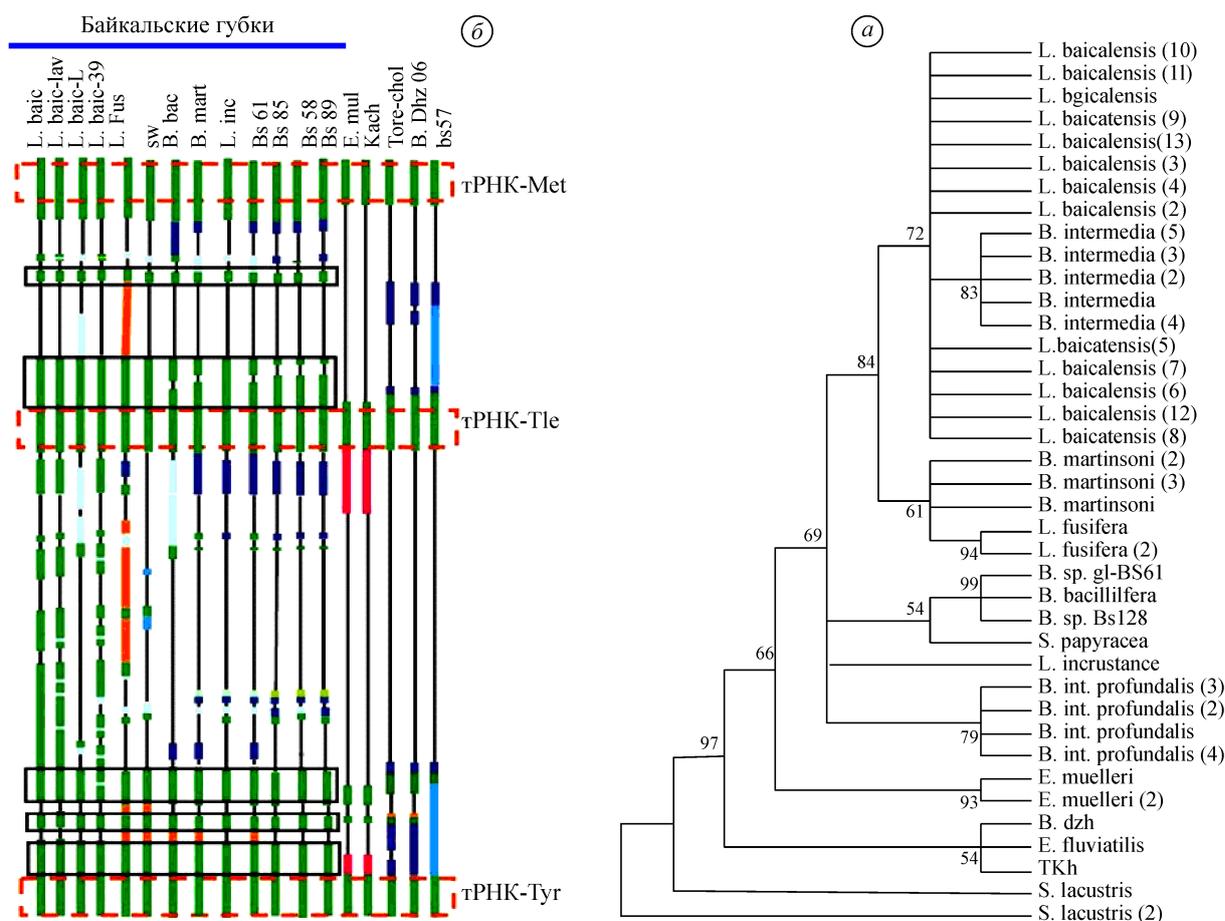
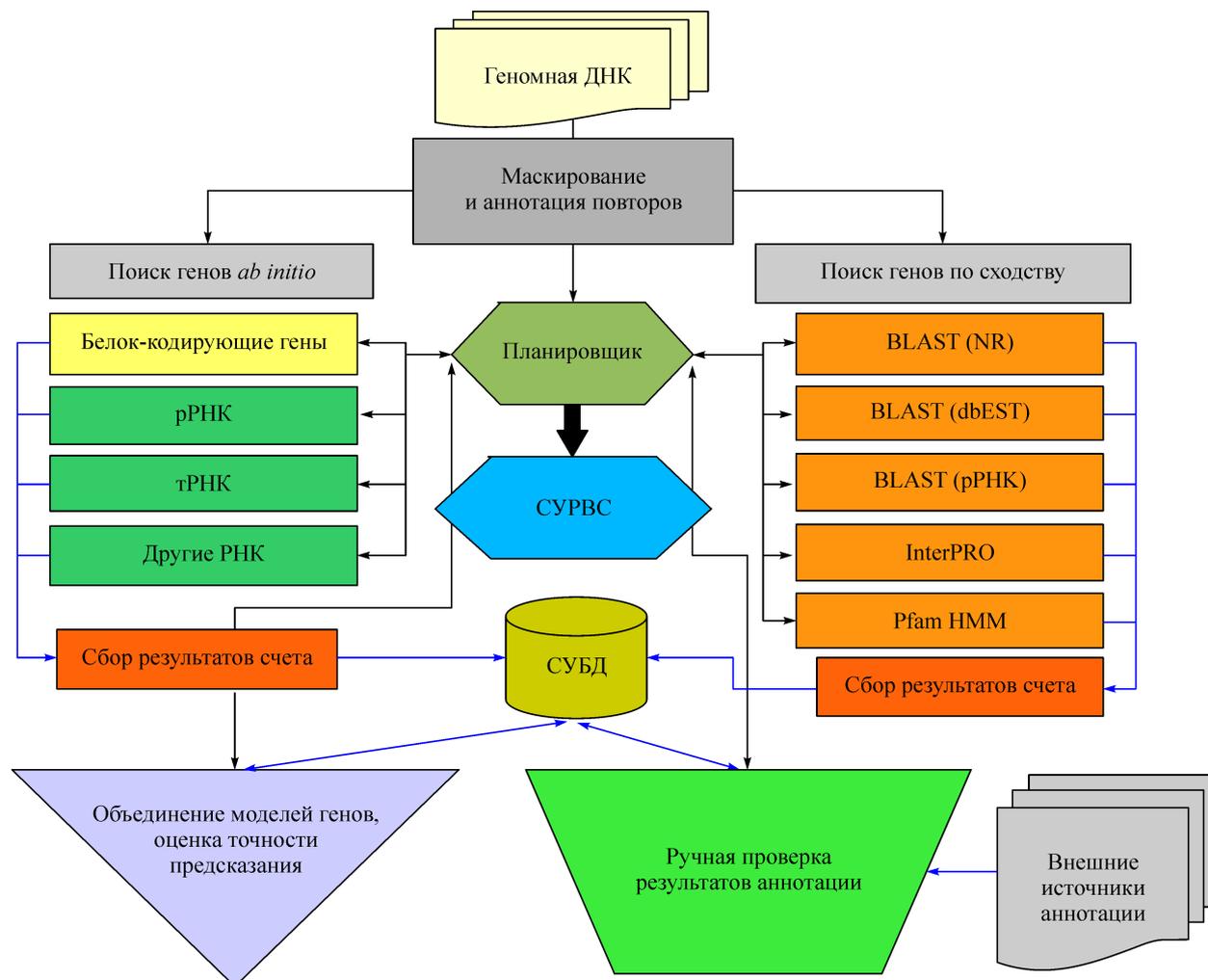


Рис. 3. Схема межгенного района: одинаковым цветом выделены идентичные последовательности, тонкая линия соответствует делециям (а), и филогенетическое древо, построенное на основе данных о делециях/вставках в межгенных районах митохондриальной ДНК методом максимальной экономии (Maximum Parsimony) с помощью программы MEGA 4 (б).



**Рис. 4.** Взаимодействие аннотационных инструментов, СУРВС и СУБД в рамках системы для аннотации геномных последовательностей. Синими стрелками показано логическое направление потока информации, передаваемой между модулями конвейера, черными — взаимодействие отдельных модулей с СУРВС.

СУРВС — система управления распределенной вычислительной средой; СУБД — система управления базой данных; BLAST — пакет прикладных программ (ППП) Basic Local Alignment Tool, NCBI; NR — база данных NR, NCBI; dbEST — база данных Expressed Sequence Tags; InterPRO — база данных для поиска белок-кодирующих генов; HMM — ППП для поиска сходства при сравнении с профилями выравниваний аминокислотных последовательностей; Pfam (Protein families) — база данных выравниваний семейств и доменов белков.

довательностей (рис. 4). Работы по развертыванию системы ведутся на базе компьютерного кластера Blackford (Институт динамики систем и теории управления, Суперкомпьютерный

центр коллективного пользования ИНЦ). Отдельные блоки системы протестированы при анализе метагенома бактериального сообщества, ассоциированного с диатомеей *Synedra acus*.