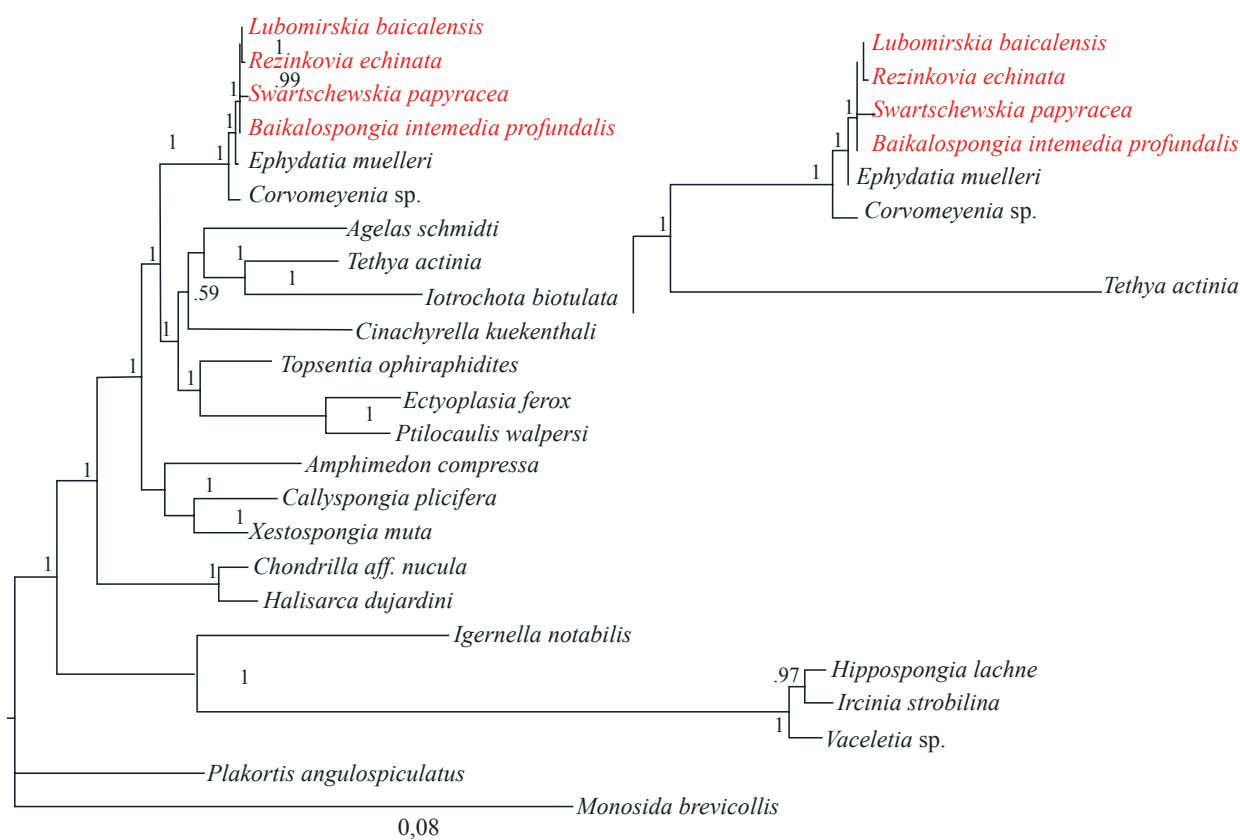


## ПРИОРИТЕТНОЕ НАПРАВЛЕНИЕ VI.42. БИОЛОГИЯ РАЗВИТИЯ И ЭВОЛЮЦИЯ ЖИВЫХ СИСТЕМ

### 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)

Учеными Лимнологического института определены полные митохондриальные геномы четырех видов байкальских губок; показано, что основное отличие эндемичных от космополитных губок обусловлено внедрением в межгенные области инвертированных последовательностей, вероятно, представляющих собой мобильные элементы, а анализ полных геномов позволяет однозначно различать близкородственные виды. Выявлено, что скорость эволюции последовательностей мтДНК бай-

кальских губок составила  $0,15 \cdot 10^{-9}$  замен на сайт в год для видов *R. echinata*, *B. intermedia profundalis* и *L. baicalensis*, в то время как у *S. papyracea*  $0,28 \cdot 10^{-9}$  замен на сайт в год. Наиболее быстро эволюционирующими генами являются *cox2*, *atp8* и *cob*. Глубоководный вид *B. intermedia profundalis*, по-видимому, дивергировал от космополитного вида *E. muelleri* раньше остальных исследованных видов, затем около 26 млн лет назад дивергировал вид *S. papyracea*. Виды *L. baicalensis* и *R. echinata* фор-



**Рис. 1.** Байесовское древо, построено на основе анализа аминокислотных последовательностей 14 белок-кодирующих генов митохондрий (3993 aa). Красным выделены эндемичные байкальские губки. Справа вверху выделен участок древа с кластером пресноводных губок. Видно, что группа пресноводных губок является монофилетической, а ближайшим родственником байкальских губок является космополитная губка *Ephydatia muelleri*.

мируют молодую кладу, отделившуюся в плиоцене около 1,6 млн лет назад, после периода похолодания 1,75—1,45 млн лет назад (рис. 1).

В Институте молекулярной и клеточной биологии создана материально-техническая база для выделения, амплификации и хранения образцов древней ДНК. В качестве первого модельного объекта выбрана косуля. Проанализировали фрагмент контрольного района D-петли митохондриальной ДНК четырех плейстоценовых и десяти голоценовых косуль (наиболее древняя датируется 50 тыс. лет) и срав-

нили полученные последовательности с гаплотипами 37 современных особей, отловленных на Тянь-Шане, в Новосибирской области, на Алтае, Дальнем Востоке и в Якутии. Генеалогические реконструкции показали (рис. 2), что голоценовые косули являются предковыми для современных косуль Западной Сибири и Тянь-Шаня, один плейстоценовый гаплотип оказался предковым для якутских косуль, а два других плейстоценовых гаплотипа очень близки некоторым косулям Якутии и Тянь-Шаня.

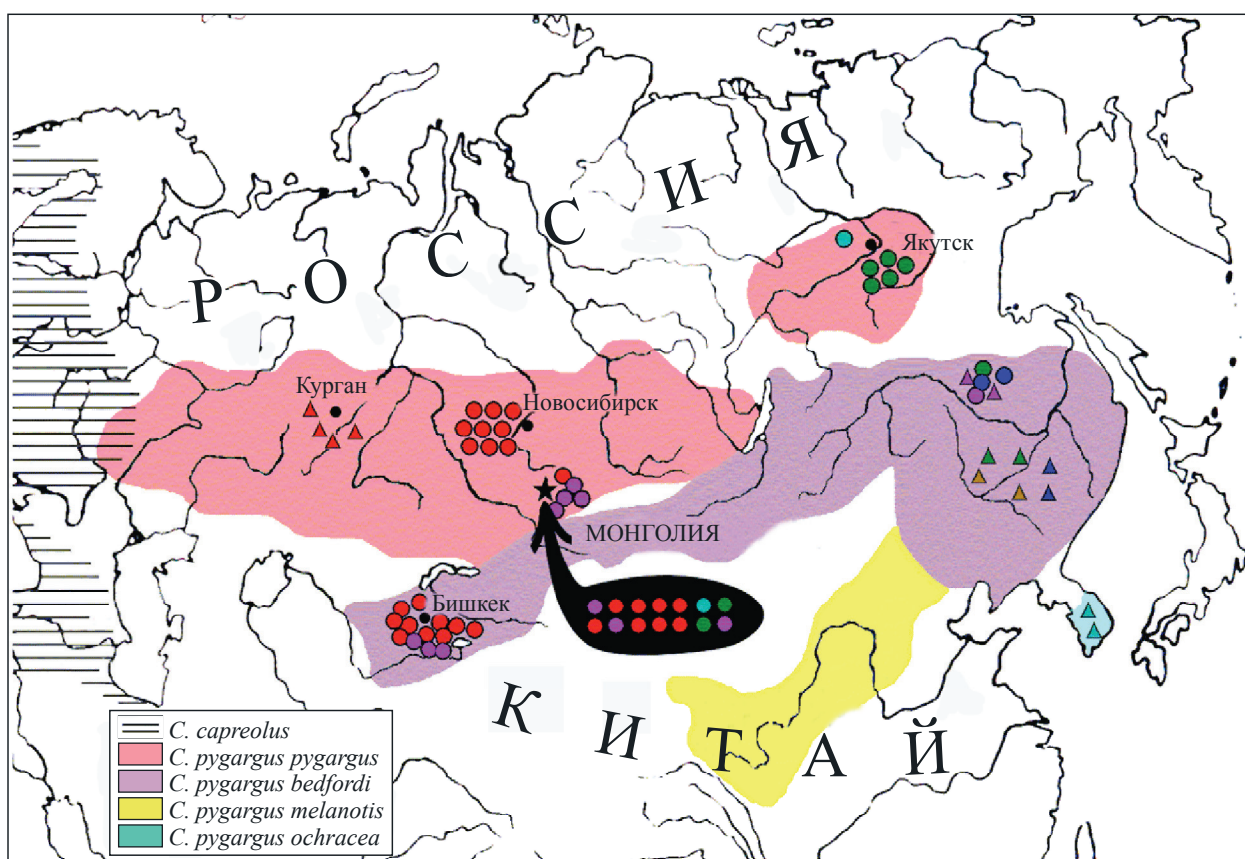


Рис. 2. Карта распределения гаплотипов современных (разные цвета) и древних (Денисова пещера, звездочка, черный овал) косуль.