

Российская Академия наук
Институт цитологии и генетики СО РАН
Новосибирский государственный университет
Институт систематики и экологии животных СО РАН
Институт зоологии РАН
Вавиловское общество генетиков и селекционеров

Международная конференция

Кариосистематика беспозвоночных животных V

16–20 августа 2010 г.
Академгородок
г. Новосибирск
Россия

ПРОГРАММА И МАТЕРИАЛЫ

International conference

Karyosystematics of the Invertebrates V

August 16–20, 2010
Novosibirsk
Russia

Новосибирск
2010

Дорогие коллеги!

Мы рады приветствовать в Новосибирском Научном Центре участников V Международной конференции по кариосистематике беспозвоночных животных (KARYO V). Сфера Ваших интересов крайне широка и значимость проводимых Вами исследований чрезвычайно высока. Это обусловлено не только огромным видовым разнообразием, но и тем значением, которым обладают беспозвоночные как часть биосферы нашей планеты.

Стремительно развивающиеся методы молекулярной биологии и цитогенетики нашли эффективное применение в изучении хромосом и анализе кариотипов беспозвоночных. Установлено, что размеры и структурная организация геномов у представителей разных таксонов обладают принципиальными различиями, а различные этапы онтогенеза у отдельных видов проходят по уникальным сценариям. Эти факты указывают на существование разнообразных механизмов реализации генетической информации и открывают новые перспективы в молекулярно-биологических и цитогенетических исследованиях на моделях беспозвоночных.

Кариология беспозвоночных в своем развитии пережила несколько этапов, связанных как с новыми методами исследований, так и вовлечением в исследования новых видов животных.

На I-ой Всесоюзной Конференции по кариосистематике беспозвоночных животных (18-20 ноября 1976 г., Зоологический институт РАН, г. Ленинград) были представлены фундаментальные работы по частным аспектам кариологии многих групп насекомых, паразитических и свободноживущих червей. По материалам конференции опубликованы два сборника: «Кариосистематика беспозвоночных животных» (1979) и «Новые данные по кариосистематике двукрылых насекомых» (1980).

II-ая Международная Конференция по кариосистематике беспозвоночных животных (24-27 сентября 1991 г., Чувашский педагогический институт, г. Чебоксары) была посвящена кариосистематике разных групп насекомых, трематод, олигохет и паразитических жгутиконосцев. Материалы конференции опубликованы в сборнике «Кариосистематика беспозвоночных животных II» (1993).

III-я Международная конференция по кариосистематике беспозвоночных животных состоялась 21-23 января 1997 г. в Московском государственном университете. На этой конференции были представлены доклады по общей и частной кариологии насекомых, моллюсков и турбеллярий. По материалам конференции опубликован сборник «Кариосистематика беспозвоночных животных III» (1996).

На IV международной конференции по кариосистематике беспозвоночных животных, которая состоялась 28 по 30 августа 2006 г. в Зоологическом институте Российской академии наук (Санкт-Петербург), стало очевидно, что современную кариологию беспозвоночных невозможно представить без широкого внедрения и использования современных методов молекулярной генетики.

В материалах, представленных на KARYO V, хорошо виден методический прогресс, достигнутый исследователями за время, разделяющее наши конференции. В кариологии беспозвоночных животных стало рутиной получение ДНК-проб и их гибридизация *in situ* с митотическими и мейотическими хромосомами, многоцветная флуоресцентная гибридизация *in situ*. Работы по полногеномному секвенированию вышли за пределы узкого круга лабораторных видов. Наряду с обсуждением таких актуальных тем современной биологии, как решение вопросов общей и частной цитогенетики и кариосистематики различных групп беспозвоночных животных, в докладах на KARYO V будут рассмотрены проблемы молекулярной организации хромосом и их отдельных районов, пространственной организации интерфазного ядра клеток беспозвоночных животных.

Мы желаем участникам конференции плодотворных дискуссий и установления новых полезных контактов, которые помогут Вам в Ваших будущих исследованиях.

Академик Н.А. Колчанов,
д.б.н. В.А. Мордвинов,
д.б.н. Н.Б. Рубцов

Организаторы конференции

Институт цитологии и генетики СО РАН (Institute of Cytology and Genetics SB RAS)
Новосибирский государственный университет (Novosibirsk State University)
Институт систематики и экологии животных СО РАН
(Institute of Systematics and Ecology of animals SB RAS)
Институт зоологии РАН (Zoological Institute RAS)
Вавиловское общество генетиков и селекционеров
(Vavilov Society for Geneticists and Breeding Scientists)

Организационный комитет (The Organizing Committee):

Кикнадзе И. И., Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия
Kiknadze I.I., Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Novosibirsk, Russia

Высоцкая Л. В., Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия
Visotskaya L.V., Novosibirsk State University, Novosibirsk, Russia

Кузнецова В. Г., Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург, Россия
Kuznetsova V.G., Zoological Institute, RAS, Sankt-Peterburg, Russia

Рубцов Н. Б., Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия
Rubtsov N.B., Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Novosibirsk, Russia

Сергеев М. Г., Институт систематики и экологии животных СО РАН, Россия
Sergeev M.G., Institute of Systematics and Ecology of animals, SB, RAS, Novosibirsk, Russia

Рабочий комитет (Working Committee):

Брошков А. Д., НГУ, ИЦиГ СО РАН (Broshkov A.D., NSU, ICG SB RAS)
Гольгина В. В., ИЦиГ СО РАН (Golygina V.V., ICG SB RAS)
Гундерина Л. И., ИЦиГ СО РАН (Gunderina L.I., ICG SB RAS)
Гусаченко А. М., НГУ (Gusachenko A.M., NSU)
Дзюбенко В. В., НГУ, ИСЭЖ СО РАН (Dzyubenko V.V., NSU, ISEA SB RAS)
Ермолаева О. В., НГУ, ИЦиГ СО РАН (Ermolaeva O.V., NSU, ICG SB RAS)
Железова А. И., ИЦиГ СО РАН (Zhelezova A.M., ICG SB RAS)
Знак О. В., ИЦиГ СО РАН (Znak O.V., ICG SB RAS)
Зубова С. В., ИЦиГ СО РАН (Zubova S.V., ICG SB RAS)
Истомина А. Г., ИЦиГ СО РАН (Istomina A.G., ICG SB RAS)
Киселёва Г. Н., ИЦиГ СО РАН (Kiseleva G.N., ICG SB RAS)
Корниенко О. С., НГУ (Kornienko O.S., NSU)

Программный комитет (Program Committee):

Кикнадзе И. И. — д.б.н., проф.
Высоцкая Л. В. — д.б.н., проф.
Гольгина В. В. — к.б.н.
Гундерина Л. И. — д.б.н.,
Гусаченко А. М. — к.б.н.
Брошков А. Д. — ассистент

Регламент конференции.

Понедельник — 16 августа 2010 г. (Малый зал Дома ученых СО РАН)

- 8:30 — 9:30 Регистрация участников конференции.
- 9:30 — 10:00 Открытие конференции.
- 10:00 — 13:30 «Структура и эволюция кариотипа» 1
- 13:30 — 15:00 Обед.
- 15:00 — 18:00 «Структура и эволюция кариотипа» 2
- 19:00 — 21:00 Фуршет (Дом учёных).

Вторник — 17 августа 2010 г. (Малый зал Дома ученых СО РАН)

- 9:00 — 9:30 Размещение постеров.
- 9:30 — 13:30 «Структура хромосомы» 1
- 13:30 — 15:00 Обед.
- 15:00 — 18:00 «Структура хромосомы» 2

Среда — 18 августа 2010 г. (Малый зал Дома ученых СО РАН)

- 9:30 — 13:30 «Кариосистематика и геносистематика»
- 13:30 — 15:00 Обед.
- 15:00 — 18:00 Экскурсии.

Четверг — 19 августа 2010 г. (Малый зал Дома ученых СО РАН)

- 9:30 — 13:30 «Общие проблемы кариологии»
- 13:30 — 15:00 Обед.
- 15:00 — 18:00 «Методические проблемы современного цитогенетического анализа» 1

Пятница — 20 августа 2010 г. (ИЦиГ СО РАН)

- 9:30 — 13:30 «Методические проблемы современного цитогенетического анализа» 2
- 13:30 — 15:00 Обед.
- 15:00 — 18:00 Практические занятия по микроскопии, посещение лабораторий ИЦиГ СО РАН.

Программа конференции.

16 августа. Понедельник.

8:30—9:30 Регистрация.

Утреннее заседание 9:30—13:30

Открытие конференции.

9:30—10:00 Вступительное слово заведующего кафедрой цитологии и генетики НГУ академика РАН **В. К. Шумного**.

Вступительное слово директора ИЦиГ СО РАН, заведующего кафедрой биоинформатики НГУ академика РАН **Н. А. Колчанова**.

«Структура и эволюция кариотипа» 1 председатель д.б.н. *Высоцкая Л. В.*

10:00—10:30 *Рубцов Н. Б.*

Хромосомы в интерфазном ядре.

10:30—11:00 *Кузнецова В. Г., Лухтанов В. А.*

Голокинетические хромосомы: распространение, характерные особенности, преобразования в эволюции.

11:00—11:25 *Гохман В. Е.*

Хромосомные наборы паразитических перепончатокрылых (Hymenoptera): морфологические типы, пути и механизмы преобразования.

11:25—11:45 **Перерыв.**

11:45—12:10 *Бугров А. Г., Вархаловска-Слива Е., Карамышева Т. В., Рубцов Н. Б.*

Эволюция кариотипа саранчовых подсемейства *Podisminae* (Orthoptera, Acrididae).

12:10—12:35 *Брошков А. Д., Кикнадзе И. И., Мирошниченко Л. А., Гусев В. Д.*

Специфика локализации и частот инверсионных разрывов в геномах видов *Chironomus* в цитокомплексах *thummi* и *pseudothummi*.

12:35—13:00 *Исаев В. А.*

Кариотипы и эволюция кровососущих насекомых.

13:00—13:30 Обсуждение докладов.

13:30—15:00 Обед.

Вечернее заседание 15:00—18:00

«Структура и эволюция кариотипа» 2 председатель д.б.н. *Кузнецова В. Г.*

15:00—15:25 *Wülker W. F., Kiknadze I. I., Istomina A. G.*

Karyotypes of *Chironomus* species from Africa.

15:25—15:50 *Задесенец К. С., Карамышева Т. В., Рубцов Н. Б., Катохин А. В., Мордвинов В. А.*

Хромосомы описторхид (Trematoda, Opisthorchiidae).

15:50—16:15 *Лухтанов В. А., Кузнецова В. Г.*

Эволюция митохондриальной хромосомы и систематика беспозвоночных животных.

16:15—16:35 **Перерыв.**

16:35—17:00 *Анохин Б. А., Кузнецова В. Г.*

Новые данные по молекулярной цитогенетике модельного вида *Hydra magnipapillata* (Cnidaria, Hydrozoa).

17:00—17:25 *Grozeva S., Kuznetsova V. G., Anokhin B. A.*

The unique cytogenetic characters of the bugs' infraorder Cimicomorpha (Insecta, Heteroptera).

17:50—18:00 **Обсуждение докладов.**

с 19:00 **Фуршет.**

17 августа. Вторник.

9:00—9:30 **Размещение стендовых сообщений.**

Утреннее заседание 9:30—13:30

«Структура хромосомы» 1

председатель д.б.н. Бородин П. М.

9:30—10:00 *Трифонов В. А.*

Современные представления об организации теломерных районов хромосом эукариот.

10:00—10:25 *Иванкина Е. А., Трифонов В. А., Шевелёва Н. Г., Жимулёв И. Ф.*

Цитогенетические особенности процесса диминуции хроматина у циклопов.

10:25—10:50 *Натяганова А. В.*

Диминуция хроматина у байкальской эндемичной амфиподы *Polyacanthisca calceolata* Bazikalova, 1937 (Crustacea, Amphipoda), обитающей вблизи участков дна с интенсивным выходом углеводородных газов.

10:50—11:10 **Перерыв.**

11:10—11:35 *Гусаченко А. М., Корниенко О. С., Бады-Хоо М. С., Высоцкая Л. В.*

Поиск АТ- и ГЦ-богатых районов ДНК в хромосомах у прямокрылообразных насекомых.

11:35—12:00 *Джетыбаев И. Е., Карамышева Т. В., Дзюбенко В. В., Бугров А. Г., Рубцов Н. Б.*

Возможности и ограничения молекулярно-цитогенетических методов в исследовании хромосом саранчовых.

12:00—12:25 *Дзюбенко В. В., Бугров А. Г., Джетыбаев И. Е., Карамышева Т. В., Рубцов Н. Б.*

Флуоресцентная гибридизация *in situ* оригинальных микродиссекционных ДНК-проб с А- и В-хромосомами плавучей кобылки *Euprepocnemis plorans* Charp. (Orthoptera, Acrididae).

12:25—13:30 **Обсуждение докладов и постерная сессия.**

13:30—15:00 Обед.

Вечернее заседание 15:00—18:00

«Структура хромосомы» 2
председатель д.б.н. Лухтанов В. А.

15:00—15:30 Вершинин А. В.

ЦУП (центр управления поведением) хромосом: структурная организация и эволюция.

15:30—15:55 Голыгина В. В., Брошков А. Д., Кикнадзе И. И.

Молекулярная и цитологическая структура центромерных районов у хирономид.

15:55—16:20 Артёмов Г. Н., Немирович-Данченко Н. М., Стегний В. Н.

Пространственное положение района прикрепления хромосомы XL в системе ядер трофоцитов фолликула малярийного комара *Anopheles messeae* Fall. (Diptera).

16:20—16:40 Перерыв.

16:40—17:10 Дементьева Е. В.

Дозовая компенсация генов половых хромосом у эукариот.

17:10—17:35 Раутиан М. С., Потехин А. А., Некрасова И. В.

Возможности использования электрокариотипов в систематике и идентификации видов и внутривидовых групп у парамеций (*Paramecium*: Ciliophora, Protozoa).

17:35—18:00 Обсуждение докладов.

18 августа. Среда.

Утреннее заседание 9:30—13:30

«Кариосистематика и геносистематика»
председатель д.б.н. Богданов Ю. Ф.

9:30—10:00 Алешин В. В., Михайлов К. В., Никитин М. А., Константинова А. В.

Филогеномика как новая филогенетика. Новые перспективы и старые проблемы.

10:00—10:25 Щербаков Д. Ю.

Молекулярная филогения как инструмент исследования микроэволюционных процессов: примеры байкальских беспозвоночных.

10:25—10:50 Сергеев М. Г.

Филогеография: вперёд в прошлое?

10:50—11:15 Шаповал Н. А., Лухтанов В. А.

Филогеография бабочек-голубянок группы *Agrodiaetus cyaneus* (Lepidoptera, Lysaenidae) по данным молекулярно-генетического и цитогенетического анализа.

11:15—11:35 Перерыв.

11:35—12:00 Вишневская М. С., Сайфитдинова А. Ф., Лухтанов В. А.

Кариосистематика и молекулярная филогенетика бабочек-голубянок рода *Agrodiaetus* (Lepidoptera, Lycaenidae) Балканского полуострова.

12:00—12:25 Petrova N. A., Michailova P., Bovero S., Sella G.

Karyological and morphological studies of some chironomid species from Northern Italy (Diptera, Chironomidae).

12:25—12:50 Истомина А. Г., Кикнадзе И. И., Валлендуук Х.

Кариотипы и хромосомный полиморфизм видов рода *Chironomus* из Нидерландов.

12:50—13:15 Поляков А. В.

Перспективы кариотипической диагностики для изучения структуры видов дождевых червей (Oligochaeta, Lumbricidae) в Западной Сибири.

13:15—13:30 Обсуждение докладов.

13:30—15:00 Обед.

15:00—18:00 Экскурсии.

19 августа. Четверг.

Утреннее заседание 9:30—13:30

«Общие проблемы кариологии»

председатель д.б.н. Сергеев М. Г.

9:30—10:00 Богданов Ю. Ф.

Параллельные пути консервации и эволюции молекулярных механизмов мейоза.

10:00—10:25 Бородин П. М., Торгашева А. А., Башева Е. А., Дашкевич О. А., Сакаева Г. Р.

Жизнь по правилам в ненормальных обстоятельствах: синапсис и рекомбинация хромосом у гетерозигот по хромосомным перестройкам.

10:25—10:50 Высоцкая Л. В., Гуляева О. Н., Корниенко О. С., Сергеев М. Г.

Прогностическая ценность морфологических признаков в свете данных молекулярного и комплексного цитогенетического анализа саранчовых.

10:50—11:15 Вершинина А. О., Лухтанов В. А.

Географическое распространение видов-двойников *Agrodiaetus alcestis* и *A. demavendi* (Lepidoptera, Lycaenidae) по данным цитогенетического анализа.

11:15—11:35 Перерыв.

11:35—12:00 Ермолаева О. В.

Сравнительный кариологический анализ видов близких родов *Pseudodiatessa* и *Pagastia* (Diptera, Chironomidae, Diamesinae).

12:00—12:25 Гундерина Л. И., Гольгина В. В.

Использование маркерных ДНК в сравнительной цитогенетике хирономид.

12:25—13:00 Захаренко Л. П., Перепелкина М. П.

Вклад мобильных генетических элементов в эволюцию дрозофилы по данным *in silico*.

13:00—13:30 Обсуждение докладов.

13:30—15:00 Обед.

Вечернее заседание 15:00—18:00

«Методические проблемы современного цитогенетического анализа» 1
председатель д.б.н. Бугров А. Г.

15:00—15:40 Рубцов Н. Б.

Сравнительная цитогенетика беспозвоночных: методические аспекты.

15:40—16:20 Мордвинов В. А.

От кариотипа к полному геномному секвенированию: методические аспекты.

16:20—16:40 Перерыв.

16:40—17:05 Представители фирмы «Карл Цейсс».

Комплектация приборного парка и оборудования для цитогенетических исследований.

17:05—17:30 Бородин П. М.

Методы иммуноцитогенетики.

17:30—17:55 Натяганова А. В., Букин Ю. С.

«Karyostatanalysis» — удобная программа для обработки морфометрических данных хромосомных наборов.

20 августа. Пятница.

Утреннее заседание (ИЦиГ СО РАН) 9:30—13:30

«Методические проблемы современного цитогенетического анализа» 2
председатель д.б.н. Рубцов Н. Б.

Круглый стол.

9:30—10:00 Рубцов Н. Б.

Современные методы микроскопии: возможности, ограничения, выбор микроскопа для исследования.

10:00—11:00 Темы для обсуждения: проблемы подготовки препаратов для кариологического и молекулярно-цитогенетического анализа, ДНК-пробы в исследованиях хромосом беспозвоночных.

11:00—11:20 Перерыв.

11:20—12:45 Занятия по практической микроскопии (*Байбородин С. И.*).

12:45—13:15 Экскурсия в сектор геномных исследований ИЦиГ СО РАН (*Мордвинов В. А.*).

Стендовые доклады.

Ананьина Т. В., Коханенко А. А., Стегний В. Н.

Морфология и степень политенизации хроматина трофоцитов в фолликулах яичников *Calliphora erythrocephala* Mg. (Diptera, Calliphoridae).

Ананьина Т. В., Стегний В. Н.

Неометрия цист в овариолах политрофных яичников на ранних стадиях оогенеза у *Calliphora erythrocephala* Mg. и *Drosophila melanogaster* Mg. (Diptera).

Бахтадзе Н. Г., Кинцурашвили Н. Т., Барджадзе Ш. З., Бахтадзе Г. И., Жуковская Н. А., Чакветадзе Н. Л.

Кариотипы тлей Грузии рода *Aphis* (Hemiptera, Aphididae).

Брошков А. Д., Кикнадзе И. И.

Хромосомный полиморфизм у видов *Chironomus* цитокомплекса *pseudothummi* в сибирских популяциях.

Ведерников А. Е., Стегний В. Н.

Видовые особенности реорганизации хромосом трофоцитов в ходе политенизации у представителей надсемейства Oestroidae (Diptera).

Винокурова Н. В.

Использование генетических параметров популяций различных видов хирономид для мониторинга водоемов.

Гаврилов И. А.

Таксономическое значение кариологических признаков кокцид (Homoptera: Coccinea).

Джетыбаев И. Е., Карамышева Т. В., Бугров А. Г., Рубцов Н. Б.

Молекулярные маркеры в сравнительной цитогенетике саранчовых подсемейства Gomphocerinae (Acrididae, Orthoptera).

Джетыбаев И. Е., Лосева Е. М., Морозкин Е. С., Лактионов П. П., Бугров А. Г. Рубцов Н. Б.

Гибридизация *in situ* и LA-PCR — новый метод получения микродиссекционных ДНК-проб хромосом саранчовых.

Загоскин М. В., Маршак Т. Л., Муха Д. В., Гришанин А. К.

Элиминация генов рРНК в результате диминуции хроматина у *Cyclops kolensis* Lill.

Корниенко О. С., Трифонов В. А., Кулемзина А. В., Высоцкая Л. В.

Локализация теломерной ДНК на хромосомах саранчовых семейства Acrididae с разным типом мейотического синапсиса.

Пищелко А. О.

Молекулярная структура прицентромерного гетерохроматина хромосом *Anopheles*.

Прохорова Е. Е.

О хромосомном наборе моллюсков *Planorbarius corneus* (Pulmonata) из водоёмов Ленинградской области.

Русакова А. М., Артемов Г. Н., Стегний В. Н.

Цитогенетический анализ полиморфизма прицентромерного гетерохроматина природной популяции малярийных комаров *Anopheles messeae* Fall. (Diptera, Culicidae).

ТЕЗИСЫ
(ABSTRACTS)

ФИЛОГЕНОМИКА КАК НОВАЯ ФИЛОГЕНЕТИКА: НОВЫЕ ПЕРСПЕКТИВЫ И СТАРЫЕ ПРОБЛЕМЫ

Алёшин В.В.¹, Михайлов К.В., Никитин М.А.¹, Константинова А.В.²

¹Научно-исследовательский институт физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского Московского государственного университета им. М.В. Ломоносова, г. Москва, 119991, e-mail: Aleshin@genebee.msu.su; ²Институт общей физики им. А.М. Прохорова РАН, г. Москва, ул. Вавилова, 38

PHYLOGENOMICS AS A MODERN PHYLOGENETICS: NEW HORIZONS AND OLD PITFALLS

Aleoshin, V.V., Mikhailov, K.V., Nikitin, M.A., Konstantinova, A.V.

Филогенетика – вполне respectable наука, потому что объектом ее изучения является объективная реальность – генетические связи современных видов. Обычные упреки в умозрительности филогенетики, неприменимости к ней обычных требований по проверке научных гипотез, экспериментальных методов и т. п. лишены оснований. Тем не менее, у филогенетики есть, в самом деле, особенность, отличающая ее от любой другой, неисчерпаемой, науки. Филогенетика конечна и будет завершена, как только выполнит свою задачу – реконструирует истинное филогенетическое дерево. Новые технологии, такие как анализ большого количества нуклеотидных последовательностей, извлекаемых из транскриптомов, геномное секвенирование и ожидаемые более совершенные филогеномные подходы, улучшают доказательную основу филогенетики, способствуют росту ее популярности и одновременно приближают ее конец. Однако в ближайшие несколько лет вряд ли следует ожидать триумфальной победы и завершения филогенетики. Сам по себе рост геномных данных еще не гарантирует правильных филогенетических интерпретаций, подобно тому как они были невозможны на основании исчерпывающего морфологического описания (что ясно видно на примере *Caenorhabditis elegans* (Mauras, 1900), знания всех клеток которого, также как и их истории в эмбриогенезе, недостаточно для установления ближайших родственников нематод, не говоря о способе их происхождения). Так, определение полного генома *Trichoplax adhaerens* Schulze, 1883 не привело к немедленному решению вопроса о месте Placozoa на филогенетическом дереве. За публикацией генома *T. adhaerens* последовал ряд несовместимых интерпретаций взаимоотношений низших многоклеточных, предложенных различными авторами. Это не единственный пример беспомощности нынешнего аппарата филогеномики, показывающий его недоразвитость и важность совершенствования. Наличие в распоряжении исследователя нескольких полных геномов не избавляет от вычислительных артефактов, известных из филогенетического анализа отдельных генов, а эффект «притяжение длинных ветвей», похоже, даже усиливается. Поэтому в современных условиях не потеряли значения филогенетические гипотезы, основанные на структуре отдельных генов или их фрагментов, подходы выборочного учета фракций генома (в зависимости от эволюционной консервативности или других, более тонких формальных показателей), а также поиск единичных консервативных признаков (молекулярных синапоморфий) в участках, отличающихся низкой степенью гомоплазий. В то время как «простые» случаи бесспорно разрешаются современными программными средствами, для успешного разрешения «трудных» случаев необходима дальнейшая разумная формализация филогенетического анализа полногеномных данных, которая потребует некоторого времени.

МОРФОЛОГИЯ И СТЕПЕНЬ ПОЛИТЕНИЗАЦИИ
ХРОМАТИНА ТРОФОЦИТОВ В ФОЛЛИКУЛАХ ЯИЧНИКОВ
CALLIPHORA ERYTHROCEPHALA MG. (DIPTERA: CALLIPHORIDAE)

Ананьина Т. В., Коханенко А. А., Стегний В. Н.

Научно-исследовательский институт биологии и биофизики Томского государственного университета, г. Томск, 634050, пр. Ленина, 36, e-mail: center_cu@res.tsu.ru

MORPHOLOGY AND POLYTENISATION DEGREE
OF NURSE CELLS' CHROMATIN IN THE OVARIAN FOLLICLES
OF *CALLIPHORA ERYTHROCEPHALA* MG. (DIPTERA : CALLIPHORIDAE)

Anan'ina, T.V., Kokhanenko, A.A., Stegnyy, V.N.

В последние годы стал возможен функциональный подход к решению ряда проблем биологии развития, одной из которых является становление организации зрелого яйца. Её решение невозможно без познания механизмов гигантского роста ооцитов. У двукрылых насекомых в верхнем отделе овариолы – гермарию, – при делении стволовой клетки, запрограммированной на неполную цитотомию, формируются группы клеток (цисты). Клетки в цисте связаны между собой цитоплазматическими мостиками. Вокруг цитоплазматических мостиков формируются кольцевые каналы – структуры, богатые актином. Ооцитом становится та клетка, которая имеет четыре кольцевых канала и контактирует с фолликулярными клетками в зоне перемычки между фолликулами. Остальные дифференцируются во вспомогательные клетки (питающие или трофоциты). После того, как сформировалась система «ооцит-трофоциты», начинается политенизация хроматина трофоцитов, объясняющаяся функциональной нагрузкой, которую эти клетки несут в процессе оогенеза – снабжение ооцита всеми необходимыми питательными веществами. У *C. erythrocephala* репликация ДНК трофоцитов сопровождается прохождением стадий морфологического преобразования хроматина.

Методом окрашивания актина фаллоидином, конъюгированным с флуорохромом (FITC), и окрашивания хроматина DAPI была исследована морфология хроматина трофоцитов в отдельных фолликулах *C. erythrocephala*. Ранее было показано, что у *C. erythrocephala* на определенной стадии оогенеза в фолликулах хроматин трофоцитов может иметь различную морфологию – от формирующихся политенных хромосом до крупных ретикулярных ядер.

После графической реконструкции фолликулов анализировали морфологию хроматина и позицию, занимаемую трофоцитом относительно ооцита. В фолликуле, чем ближе трофоцит расположен к ооциту, тем на более поздней стадии морфологического преобразования находится хроматин, соответственно ядра имеют более высокий уровень ploidy. Так, если в наиболее удаленных от ооцита трофоцитах хроматин организован в политенные хромосомы, то в трофоцитах, непосредственно контактирующих с ооцитом, ядра уже имеют вторичную ретикулярную структуру.

Поскольку процесс политенизации в трофоцитах начинается после того, как закончились деления и сформировалась циста, можно утверждать, что различия в морфологии хроматина ядер трофоцитов могут быть обусловлены либо разной скоростью политенизации при одновременном начале этого процесса, либо тем, что соседние с ооцитом трофоциты начинают политенизироваться раньше других.

Исследование проводилось при финансовой поддержке ФЦП № П-801 и проекта № 2.1.1/774.

ГЕОМЕТРИЯ ЦИСТ В ОВАРИОЛАХ ПОЛИТРОФНЫХ ЯИЧНИКОВ НА РАННИХ
СТАДИЯХ ООГЕНЕЗА У *CALLIPHORA ERYTHROCEPHALA* MG.
И *DROSOPHILA MELANOGASTER* MG. (DIPTERA)

Ананьина Т.В., Стегний В.Н.

Научно-исследовательский институт биологии и биофизики Томского
государственного университета, г. Томск, 634050, пр. Ленина, 36, e-mail:
center_cu@res.tsu.ru

GEOMETRY OF GERMLINE CYSTS IN POLYTROPHIC OVARIES ON THE EARLY
STAGES OF THE OOGENESIS IN *CALLIPHORA ERYTHROCEPHALA* MG.
AND *DROSOPHILA MELANOGASTER* MG. (DIPTERA)

Anan'ina, T.V., Stegnyy, V.N.

Генеративные клетки большинства позвоночных и беспозвоночных животных в начале гаметогенеза образуют группы связанных клеток, известных как цисты генеративной линии. У двукрылых насекомых в верхнем отделе овариолы (гермарию) после серии митотических делений цистобласта – клетки, производной от стволовой – в результате неполного цитокинеза возникает группа связанных между собой цитоплазматическими мостиками клеток, одна из которых является ооцитом, а другие выполняют вспомогательную функцию (питающие клетки или трофоциты). Вокруг цитоплазматических мостиков формируются кольцевые каналы – структуры, богатые актином. По количеству кольцевых каналов у каждой клетки можно судить о том, сколько раз клетка вступала в митоз.

Был проведен анализ графической реконструкции кластеров «1 ооцит — 15 трофоцитов» в овариолах *C. erythrocephala* и *D. melanogaster*. Для визуализации кольцевых каналов овариолы окрашивали фаллоидином, конъюгированным с флуорохромом (FITC), хроматин окрашивали DAPI. Анализировали серии оптических срезов и трехмерную реконструкцию цист, сделанную в программном модуле InSide 4D (AxioVision Rel.4.7). Цисты были ориентированы таким образом, чтобы две клетки (ооцит и трофоцит), возникшие в результате первого митоза, располагались по оси OY. Эти клетки имеют по 4 кольцевых канала, один из которых соединяет их между собой, а три других – результат неполного цитокинеза после следующих друг за другом трех митозов. В гермарию и следующим за ним фолликуле кольцевые каналы, возникшие после разных митозов, отличаются по размеру. Этот факт значительно облегчает анализ взаиморасположения клеток в отдельных цистах. Была проведена реконструкция взаимосвязей между клетками цист на разных стадиях оогенеза. При отображении схем взаимосвязей на плоскости оказалось, что в разных цистах они различны. При фиксированном по оси OY положении трофоцита и ооцита, имеющих по четыре кольцевых канала, трофоциты, имеющие по три, два и одному кольцевому каналу равновероятно располагались справа, слева или внизу от них.

Результаты исследования взаимосвязей между клетками говорят о том, что геометрия 16-ти клеточных цист в овариолах *C. erythrocephala* и *D. melanogaster* закладывается в гермарию в процессе четырех митотических делений и не влияет на дальнейшее функционирование цисты. В пределах одной овариолы у цист, следующих одна за другой, геометрия пространственного расположения клеток в цисте может различаться.

Исследование проводилось при финансовой поддержке ФЦП № П-801 и проекта №2.1.1/774.

НОВЫЕ ДАННЫЕ ПО МОЛЕКУЛЯРНОЙ ЦИТОГЕНЕТИКЕ МОДЕЛЬНОГО ВИДА
HYDRA MAGNIPAPILLATA (CNIDARIA, HYDROZOA)

Анохин Б.А., Кузнецова В.Г.

Зоологический институт РАН, 199034, г. Санкт-Петербург, Университетская наб. 1,
e-mail: cnidaria@nm.ru, karyo@zin.ru

NEW DATA ON MOLECULAR CYTOGENETICS OF THE MODEL SPECIES *HYDRA*
MAGNIPAPILLATA (CNIDARIA, HYDROZOA)

Anokhin, B.A., Kuznetsova, V.G.

Гидра – представитель кишечно-полостных животных (Cnidaria, Hydrozoa), стоящий у самого основания эволюционного древа многоклеточных животных. Уже более 250 лет пресноводные гидры, благодаря их многочисленным уникальным особенностям (для ссылок см. Степаньянц и др., 2003; <http://www.uni-kiel.de/zoologie/bosch/publications.html>), используются в качестве модельного объекта исследований по многим направлениям биологии. В настоящее время происходит интенсивное накопление данных о структуре генома гидр. Например, Hydra-EST проект (<http://compagen.zoologie.uni-kiel.de/news.html>) насчитывает уже более 150 000 EST (expressed sequence tag). Начата сборка генома *Hydra magnipapillata* Ito, 1947 (whole genome shotgun – более 10 млн. сиквенсов); отсеквенированы транскриптомы нескольких видов гидр; разработаны методики создания трансгенных гидр (Wittlieb et al., 2006; Bosch T.C.G., 2009). Полученные результаты способствуют не только максимальному раскрытию возможностей гидр как модельного объекта биологических исследований, но и успеху таксономических исследований самих гидр – выявлению таксономически значимых молекулярных маркеров; генов, «ответственных» за конкретные морфологические признаки; молекулярных механизмов, лежащих в основе эволюционных преобразований гидрид.

Стандартный хромосомный анализ, в том числе C- и AgNOR-бэндинг, показал высокий консерватизм цитогенетических маркеров (одинаковые числа и сходная морфология хромосом), и, в результате, оказался мало информативным для целей систематики гидр (Anokhin & Kuznetsova, 1999; Anokhin, 2002; Anokhin & Nokkala, 2004; Zacharias et al. 2004). Мы использовали методику FISH (впервые) для идентификации отдельных хромосом и выявления молекулярных маркеров в кариотипе *H. magnipapillata*. На хромосомах этого вида локализованы гены *18S* и *28S rDNA*, *KSI*, *doublesex* и выявлены теломерные последовательности (мотив TTAGGG). Полученные данные рассматриваются как первый шаг к картированию хромосом *H. magnipapillata* и как важный этап для понимания организации генома гидр.

Работа поддержана РФФИ (гранты 08-04-00787 и 08-04-01670) и программами Президиума РАН “Динамика генофондов и генетическое разнообразие” и “Происхождение и эволюция биосферы”.

ПРОСТРАНСТВЕННОЕ ПОЛОЖЕНИЕ РАЙОНА ПРИКРЕПЛЕНИЯ
ХРОМОСОМЫ XL В СИСТЕМЕ ЯДЕР ТРОФОЦИТОВ Фолликулов
МАЛЯРИЙНОГО КОМАРА *ANOPHELES MESSEAE* FALL.

Артемов Г.Н., Немирович-Данченко Н.М., Стегний В.Н.

Томский государственный университет, г. Томск, 634050, пр. Ленина, 36, e-mail:
center_cu@res.tsu.ru

SPATIAL POSITION OF XL CHROMOSOME ATTACHMENT REGION
IN THE SYSTEM OF NURSE CELL NUCLEI IN THE FOLLICLES
OF MALARIA MOSQUITOES (*ANOPHELES MESSEAE* FALL.)

Artemov, G.N., Nemirovich-Danchenko, N.M., Stegnyy, V.N.

Изучение пространственной организации хромосом в ядре имеет большое значение для выявления механизмов функционирования генома и видообразования. Удобным объектом для определения принципов работы генетического материала в указанном аспекте являются малярийные комары комплекса *An. maculipennis*. Виды малярийных комаров этого комплекса отличаются пространственной организацией хромосом в трофоцитах яичников: наличием/отсутствием контактов хромосом с ядерной оболочкой, положением района прикрепления на хромосоме и его морфологией (Стегний, 1979). У малярийных комаров фолликул образован ооцитом и семью трофоцитами, которые окружены фолликулярным эпителием. В трофоцитах *An. messeae* XL хромосома и хромосома 3 имеет жесткий контакт с ядерной оболочкой, а хромосома 2 к ядерной оболочке не крепится.

Изучали расположение района прикрепления XL хромосомы в ядрах трофоцитов *An. messeae* относительно ооцита. Район прикрепления XL хромосомы был выделен с помощью микродиссекции. Далее была проведена 3D-FISH ДНК-проб с ядрами трофоцитов в фолликуле и анализировалась их локализация в пространстве.

Для анализа фолликулов с помощью математической программы их 3D-реконструкции помещали в систему координат, в которой плоскость XOY проходила через центры ядер трех трофоцитов, непосредственно связанных с ооцитом, а ось OZ соответствовала продольной оси фолликула (что помещали? пропущено слово). Была проведена оценка углов, которые образованы вектором, проведенным от центра ядра трофоцита к району прикрепления XL хромосомы (ВРП), и осями координат. Так было проанализировано 70 ядер трофоцитов 10 фолликулов, полученных от разных самок. При сравнении совокупности углов ВРП-OX с углами ВРП-OY и ВРП-OZ по критерию Стьюдента было показано, что они не отличались.

Были отмечены также случайные координаты районов прикрепления и углы случайных ВРП с осями OX, OY и OZ в качестве контроля. С использованием критерия Стьюдента оценивались различия между совокупностями углов ВРП-OX, ВРП-OY и ВРП-OZ, полученных в эксперименте, с соответствующими случайными углами ВРП-OX, ВРП-OY и ВРП-OZ. Сравнение не показало статистически значимых отличий локализации районов прикрепления хромосомы XL от случайных. Таким образом, можно сделать вывод, что пространственная организация хромосомы XL в системе семи трофоцитов является случайной по отношению к ооциту.

Исследования проводились при финансовой поддержке проекта ФЦП (№ГКП801).

KARYOTYPES OF GEORGIAN APHIDS OF THE GENUS *APHIS*
(HEMIPTERA, APHIDIDAE)

**Bakhtadze, N.G., Kintsurashvili, N.T., Barjadze, G.I., Bakhtadze, G.I.,
Zhukovskaya, N.A., Chakvetadze, N.L.**

Институт зоологии государственного университета Ильи, г. Тбилиси, 0179,
пр. Чавчавадзе, 31, e-mails: nanabakhtadze@yahoo.com, kintsurashvilinunu@yahoo.com,
shalva1980@yahoo.com, gbakh@caucasus.net, natakvr@rambler.ru, chakonino@yahoo.com

КАРИОТИПЫ ТЛЕЙ РОДА *APHIS* (HEMIPTERA, APHIDIDAE) ГРУЗИИ
**Бахтадзе Н.Г., Кинцурашвили Н.Т., Барджадзе Ш.З., Бахтадзе Г.И.,
Жуковская Н.А., Чакветадзе Н.Л.**

Молодой и широкораспространенный род *Aphis* Linnaeus, 1758 семейства Aphididae насчитывает свыше 500 видов. К настоящему времени кариологически исследованы более 70 видов рода *Aphis* (Blackman, Eastop, 2006a,b). В фауне Грузии, как и в мировой фауне в целом, род сравнительно полно изучен в таксономическом и фаунистическом плане и отличается видовым разнообразием. 49 видов и подвидов рода *Aphis* – представители афидофауны Грузии (Джибладзе, 1975). Кариологически группа в Грузии не изучена.

Материал (личинки 3-4 возрастов) для наших исследований был собран в 2007-2009 гг. в разных регионах Грузии (Имерети, Мцхета-Мтианети, Рача-Лечхуми и Самцхе-Джавахети), с 13 видов кормовых растений. Применялась методика давленных хромосомных препаратов по Блэкману (Blackman, 1980). Изучены кариотипы 9 видов рода *Aphis*: *Aphis affinis* del Guercio, 1911, *A. cephalariae* sp.n., *A. craccivora* Koch, 1854, *A. fabae fabae* Scopoli, 1763, *A. farinosa* Gmelin, 1790, *A. gossypii* Glover, 1877, *A. pomi* de Geer, 1773, *A. ruborum* (Börner, 1932) и *A. urticata* J.F. Gmelin, 1790. Для двух видов: *A. cephalariae* и *A. urticata* данные получены впервые.

Хромосомы изученных видов рода *Aphis* фауны Грузии, как и других тлей, голокинетические. Кариотипы всех видов, за исключением одного вида *A. farinosa*, включают по 8 хромосом. В *A. farinosa* $2n=6$. Структура кариотипов *A. affinis*, *A. cephalariae*, *A. fabae fabae*, *A. gossypii*, *A. ruborum* и *A. urticata* типична для большинства видов рода *Aphis*. В них отмечается одна пара сравнительно длинных хромосом, 2 пары средних хромосом, близких по длине, и одна пара более коротких хромосом (Khuda-Bukhsh, Pal, 1985; Blackman, 1986; Кузнецова, Гандрабур, 1991). Кариотипы *A. craccivora* и *A. pomi* состоят из трех пар хромосом приблизительно одинаковой длины, и одной пары сравнительно коротких хромосом. Структура кариотипа *A. farinosa* совпадает с ранними описаниями кариотипа данного вида. Он включает три пары хромосом, постепенно уменьшающихся по длине (Кузнецова, Гандрабур, 1991).

По результатам наших исследований рода *Aphis* фауны Грузии, большинство из изученных видов имеют кариотипы, типичные для видов этого рода. А также отмечается постоянство хромосомных чисел, характерное для данного таксона в целом. Сопоставление литературных и собственных данных позволяет предположить, что $2n=8$ является модальным числом хромосом для рода *Aphis* в Грузии. Полученные данные по кариологии видов рода *Aphis* фауны Грузии свидетельствует о естественности данной группы в целом.

Работа выполнена при финансовой поддержке Национального Научного Фонда Грузии (Грант №GNSF/ST 06/6-086)

КАРИОТИПЫ ХИРОНОМИД (DIPTERA, CHIRONOMIDAE)
РЕЧНОГО ПРИБРЕЖЬЯ

Белянина С.И.

Саратовский государственный медицинский университет, г. Саратов, 410012,
ул. Большая Казачья, 112, e-mail: olga_sinichkina@mail.ru

THE KARYOTYPES OF CHIRONOMIDS (DIPTERA, CHIRONOMIDAE)
OF RIVERSIDES

Belyanina, S.I.

Приводятся описания кариотипов 9 видов хирономид, обитающих в прибрежье Волги у Саратова и Десны у Брянска (лето 2009 г.).

Paratendipes albimanus (Meigen, 1818), Десна. $2n=8$. I, II > III, IV. Прицентромерные (ПЦМ) районы выражены нечётко. Ядрышковый организатор (ЯО) локализован в хромосоме III, кольцо Бальбиани (КБ) и пуф – в хромосоме IV. Более 10% изученных особей содержали В-хромосому. Хромосомных перестроек не отмечено.

Cladopelma viridula (L., 1761), Волга. $2n=8$. I, II, III > IV. ПЦМ район хорошо выражен только в хромосоме I. Один ЯО расположен почти в середине хромосомы I, другой ЯО - в середине хромосомы IV, в ней же имеется КБ у одного из концов. У всех личинок в хромосоме I обнаружено по одной гетерозиготной инверсии в каждом из плеч, в хромосоме II почти в середине присутствует небольшая гетерозиготная инверсия.

Microtendipes pedellus (de Geer), Волга. $2n=8$. I, II > III > IV. ПЦМ районы не выражены. В хромосомах II и IV присутствует по одному ЯО. У всех особей в хромосомах I и III найдено по одной гетерозиготной инверсии.

Parachironomus varus Goetgh., Десна. $2n=8$. I, II, III > IV. ПЦМ районы в виде чётких утолщенных дисков. ЯО и КБ находятся в хромосоме IV. Длинные хромосомы часто вступают в теломерно-центромерные слияния с хромосомой IV. Хромосома I в одном из плеч всегда с гетерозиготной инверсией.

Parachironomus arcuatus (Goetghebuer, 1921). $2n=8$ было приведено П.В. Михайловой (1989) для Болгарии. Нами обнаружено, что у этого вида из Волги $2n=6$. I, II > III. ПЦМ районы не выражены. Хромосома I на конце одного из плеч постоянно с неконъюгирующими гомологами из-за гетерозиготной инверсии. Хромосома II всегда со сложной инверсией в одном из плеч. ЯО находится почти в середине хромосомы II, в этом районе хромосома иногда «переламывается» при изготовлении давленных препаратов, и участок со сложной инверсией может отрываться, имитируя самостоятельную короткую хромосому.

Polypedilum (Tripodura) bicrenatum Kieffer, 1921, Волга. $2n=8$. I, II, III > IV. ПЦМ районы хорошо выражены. Длинные хромосомы всегда с инверсиями. Хромосома IV из двух гомологов, содержит ЯО и КБ.

Polypedilum (Polypedilum) tubeculosum (Meigen, 1804), Десна, Волга. $2n=8$. Характерен высокий хромосомный полиморфизм в виде целого спектра гетерозиготных инверсий, число которых на особь составляло 3 и более.

Dicrotendipes nervosus (Staeger, 1839), Десна, Волга. $2n=8$. В отличие от описания кариотипа этого вида из водоемов Болгарии (Michailova, 1989) как мономорфного, изученные нами популяции обнаруживали высокий хромосомный полиморфизм – число гетерозиготных инверсий на особь более трех.

Chironomus obtusidens Goetgh., Десна. $2n=8$. Мономорфен – никаких хромосомных перестроек у личинок этого типичного мелководного вида еще не отмечено.

ПРОБЛЕМЫ КАРИОСИСТЕМАТИЧЕСКОГО ИССЛЕДОВАНИЯ РОДА
POLYPEDILUM KIEFFER, 1913 (CHIRONOMIDAE, DIPTERA)

Белянина С. И., Дурнова Н. А.

Саратовский государственный медицинский университет, г. Саратов, 410012,
ул. Большая Казачья, 112, e-mail: ndurnova@mail.ru

PROBLEMS OF KARYOSYSTEMATIC STUDIES OF THE GENUS
POLYPEDILUM KIEFFER, 1913 (CHIRONOMIDAE, DIPTERA)

Belyanina, S.I., Durnova, N.A.

Род *Polypedilum* Kieffer, 1913 — один из наиболее широко распространенных и богатых видами в трибе Chironomini; личинки этого рода связаны с водными растениями и часто минируют их (Pinder, Reiss, 1983; Макаrenchенко, Макаrenchенко, 1999). В России по личинкам отмечено 11 видов *Polypedilum* (Макаrenchенко, Макаrenchенко, 1999), в то время как по имаго только на Дальнем Востоке страны известно 36 видов из 5-ти родов (Макаrenchенко, 2006). В целом видовая диагностика *Polypedilum* как на стадии имаго, так и личинки (особенно) разработана недостаточно (Hirvenoja, 1962); до сих пор в ряде случаев определение личинок может идти только до групп видов. Род подразделяется на несколько подродов, но встречаются виды, которые по имаго относятся к одному подроду, а по личинке — к другому (Зорина, 2002).

В упорядочение систематики, диагностики и выяснение путей эволюции видов *Polypedilum* может внести вклад кариотипический метод, который позволит не только различать виды этого рода, но оценить диагностическую значимость ряда морфологических признаков личинок. Для подрода *Polypedilum* s. str. имеются сведения о кариотипах восьми видов, характеризующихся $2n=8$. Изучены кариофонды четырех видов этого подрода — *P. (Polypedilum) nubeculosum* Mg., *P. (P.) pedestre* Mg., *P. (P.) nubifer* Scuze, *P. (P.) abberans* Tshernovskij (Porter, Martin, 1977; Петрова и др., 1981; Фегер, 1985; Гаврикова, Белянина, 1993; Керкис и др., 1996; Istomina et al., 2000). Для подрода *Pentapedilum* описаны кариотипы только двух видов — *P. (Pentapedilum) exsectum* Mg. ($2n=8$) из Волги и водоемов Болгарии (Белянина, 1976, 1983; Michailova, 1989) и *P. (P.) sordens* Van der Wulp ($2n=6$) — из Болгарии и Саратовской области (Белянина, 1983; Michailova, 1989; Белянина, Дурнова, 2005).

При анализе кариотипа *P. pedestre* ($2n=8$) из саратовской популяции и сравнении его с кариотипом *P. pedestre* ($2n=8$) из алтайской популяции (Istomina et al., 2000) нами обнаружено, что под одним и тем же видовым названием кроются два разных вида. Кариотип личинок из саратовской популяции, определяемых как *P. pedestre*, по рисунку дисков резко отличается от кариотипа личинок из алтайской популяции. Обнаружено только частичное совпадение рисунка в ряде участков хромосом I, II и IV, а в хромосоме III никакого сходства не выявлено. По одному ядрышковому организатору локализовано в хромосомах II и IV, несколько колец Бальбиани — в хромосоме IV. Инверсии обнаружены во всех хромосомах, число гетерозиготных инверсий на особь составило 2,4. Личинки, определяемые по Черновскому (1949) и Панкратовой (1983) как *P. exsectum*, при анализе материала выведения (куколки, имаго) диагностированы нами как *Phaenopsectra flavipes* Mg. ($2n=8$).

При дальнейшем кариотипическом изучении рода *Polypedilum* нужно считать обязательным подробное описание морфологии личинок, кариотип которых описывается, с введением ряда качественных и количественных морфологических признаков и выделением среди них четких диагностических маркеров.

ПАРАЛЛЕЛЬНЫЕ ПУТИ ЭВОЛЮЦИИ И КОНСЕРВАЦИИ МЕЙОЗА

Богданов Ю. Ф.

*Институт общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН, г. Москва, ул. Губкина, 3,
e-mail: yubogdanov@vigg.ru*

PARALLEL PATHWAYS OF EVOLUTION AND CONSERVATION OF MEIOSIS

Bogdanov, Yu.F.

Молекулярные механизмы (ММ) мейоза исследуются на ограниченном числе модельных объектов, среди которых сумчатые и базидиальные грибы, нематода, планария, дрозофила, мышь, человек и три вида растений.

ММ мейоза отличаются от ММ митоза тремя признаками. 1) Обязательным признаком мейоза является массовое, генетически программируемое разрезание консервативным белком Spo11 сестринских и несестринских хроматид гомологичных хромосом. Вследствие этого происходит гомологичная рекомбинация, соответственно, конверсия генов или кроссинговер. В результате кроссинговера формируются хиазмы гомологичных хромосом. Формирование хиазм – условие сегрегации (редукции числа) гомологичных хромосом при «классическом» типе мейоза. 2) В мейозе часть когезинов хромосом заменяется на мейоз-специфичные. Это создаёт условия для формирования специфичных для мейоза белковых осей хромосом на стадии лептотены мейоза и синаптонемных комплексов (СК) на стадии пахитены. В разных таксонах они различаются по составу (первичной структуре) формирующих их белков. СК играют важную вспомогательную роль в рекомбинации и сегрегации гомологичных хромосом. 3) Существуют специфические белки мейоза (в частности ключевую роль играет консервативный белок Sgo1), которые регулируют метаболизм когезинов и обеспечивают нерасщепление сестринских центромер в мейозе I, монополярную ориентацию и сегрегацию гомологичных хромосом вместо расхождения сестринских хроматид. Расхождение сестринских хроматид откладывается до мейоза II.

Белки-ферменты гомологичной рекомбинации хромосом, когезины и медиаторы их метаболизма, т.е. все белки, связанные с метаболизмом ДНК хромосом, сохраняют преемственность (гомологию) во всех царствах эукариот. В отличие от этого структурные белки осевых элементов лептотенных хромосом, латеральных элементов и поперечных филаментов СК в пахитенных хромосомах не имеют гомологии в разных царствах эукариот и эволюционируют независимо. Факторами их выбора из потенциального протеома организмов в ходе онтогенеза служат их физико-химические параметры, включающие вторичную и третичную структуру этих белков. Консервация белков СК происходит только на уровне вторичной и третичной структуры, в то время как белки-ферменты рекомбинации ДНК сохраняют определенную гомологию первичной структуры. Таким образом, наблюдаются параллельные явления «гладкой» эволюции механизма рекомбинации ДНК и скачкообразной эволюции белков синаптонемных комплексов.

ММ мейоза ахиазматического типа не изучены. Существуют примеры рудиментарных и/или вторично упрощенных форм мейоза, молекулярные механизмы которых также неизвестны.

ЖИЗНЬ ПО ПРАВИЛАМ В НЕНОРМАЛЬНЫХ ОБСТОЯТЕЛЬСТВАХ:
СИНАПСИС И РЕКОМБИНАЦИЯ ХРОМОСОМ У ГЕТЕРОЗИГОТ
ПО ХРОМОСОМНЫМ ПЕРЕСТРОЙКАМ

Бородин П.М.^{1,2}, Торгашева А.А.¹, Башева Е.А.¹, Дашкевич О. А.², Сакаева Г.Р.²
*¹Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика
Лаврентьева, 10, e-mail: borodin@bionet.nsc.ru; ² Новосибирский государственный
университет, Новосибирск*

RIGHTFUL LIFE IN ABNORMAL CIRCUMSTANCES:
CHROMOSOME PAIRING AND RECOMBINATION IN HETEROZYGOTES
FOR CHROMOSOME REARRANGEMENTS

Borodin, P.M., Torgasheva, A.A., Basheva, E.A., Dashkevich, O.A., Sakaeva, G.R.

Анализ был одним из основных методов изучения механизмов мейоза на заре цитогенетики. Использование мейотических мутантов и нокаутов позволило выявить ряд белков, играющих ключевую роль в синапсисе, рекомбинации и сегрегации хромосом. Это в свою очередь привело к разработке прямых методов исследования с использованием антител к этим белкам.

В докладе будут приведены результаты анализа спаривания и рекомбинации хромосом у гетерозигот по хромосомным перестройкам (инверсиям, транслокациям, В-хромосомам), межвидовых гибридов и триплоидов с использованием иммуноокрашивания белков, играющих ключевую роль в профазе мейоза, SCP3, SCP1, RAD51, SMC1, MLH1.

СПЕЦИФИКА ЛОКАЛИЗАЦИИ И ЧАСТОТ ИНВЕРСИОННЫХ РАЗРЫВОВ В
ГЕНОМАХ ВИДОВ *CHIRONOMUS* В ЦИТОКОМПЛЕКСАХ *THUMMI* И
PSEUDOTHUMMI.

Брошков А. Д.^{1,2}, Кикнадзе И. И.², Мирошниченко Л. А.³, Гусев В. Д.³

¹Новосибирский государственный университет, г. Новосибирск, 630090, ул. Пирогова, 2, e-mail: broshkov@mail.ru; ²Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева, 10; ³Институт математики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика Коптюга, 4

SPECIFICITY OF LOCALIZATION AND FREQUENCY OF INVERSION BREAK
POINTS IN GENOMES OF *CHIRONOMUS* IN *THUMMI* AND *PSEUDOTHUMMI*
CYTOCOMPLEXES.

Broshkov, A.D., Kiknadze, I.I., Miroshnichenko, L.A., Gusev, V.D.

Развитие сравнительной геномики в большой степени зависит от полноты исследования молекулярных и цитологических характеристик генома вида по всему ареалу. Политенные хромосомы хирономид служат идеальной моделью для анализа проблем сравнительной геномики, так как дивергенция последовательностей дисков политенных хромосом у разных видов, возникающая в результате хромосомных перестроек, отражает изменение линейной структуры генома при видообразовании. К настоящему времени мы проанализировали кариотипы и хромосомный полиморфизм у большинства видов рода *Chironomus* из цитоккомплексов *thummi* и *pseudothummi* с разных континентов. Так как эволюция кариотипов в роде *Chironomus* связана с реципрокными транслокациями целых хромосомных плеч (данные цитоккомплексы отличаются комбинацией плеч в двух хромосомах), важно оценить, влияют ли такие изменения в комбинации групп сцеплений на хромосомный полиморфизм, и, в частности, на локализацию инверсионных разрывов и их частоту.

В ходе настоящей работы проведен анализ 60 видов рода *Chironomus* из цитоккомплекса *thummi* и 56 видов из цитоккомплекса *pseudothummi*. Инверсионные разрывы обнаружены во всех хромосомных плечах, они располагаются по всей длине хромосом и их число колеблется от 34 до 83 в разных плечах. Консервативные районы малы (2—12 дисков).

Наиболее важным результатом анализа частот инверсионных разрывов следует считать выявление в каждом плече у всех исследованных видов 2—7 сайтов с максимальной частотой (80—100%). Эти сайты оказались точками разрывов «базовых» последовательностей.

Несмотря на общее сходство паттернов локализации и частот инверсионных разрывов у всех видов обоих цитоккомплексов, обнаружены четкие различия между цитоккомплексами: 1) Достоверно меняются максимумы отдельных точек базовых разрывов; 2) Обнаружены уникальные точки разрывов, встречающиеся в одном цитоккомплексе и отсутствующие в другом; 3) Достоверно меняются частоты некоторых разрывов, встречающихся с умеренной частотой. Эти различия свидетельствуют о влиянии разных комбинаций плеч на паттерн разрывов.

Обсуждаются факторы, влияющие на локализацию и частоты точек инверсионных разрывов при дивергенции цитоккомплексов.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 09-04-01440а и программ Президиума РАН «Происхождение и эволюция биосферы» и «Генофонды и генетическое разнообразие».

ЭВОЛЮЦИЯ КАРИОТИПА САРАНЧОВЫХ ПОДСЕМЕЙСТВА PODISMINAE
(ORTHOPTERA, ACRIDIDAE)

Бугров А.Г.^{1,2}, Вархаловска-Слива Е.³, Карамышева Т.В.⁴, Рубцов Н.Б.^{2,4}

¹Институт систематики и экологии животных СО РАН, Новосибирск 630091, ул. Фрунзе, 11, e-mail: bugrov04@yahoo.co.uk; ²Новосибирский государственный университет, ул. Пирогова, 2, Новосибирск 630090, e-mail: bugrov@fen.nsu.ru; ³Department of Experimental Zoology, Institute of Systematics and Evolution of Animals, Polish Academy of Sciences, Ślawkowska 17, 31-016 Kraków, Poland, e-mail: warchalowska@isez.pan.krakow.pl; ⁴Институт цитологии и генетики СО РАН, пр. Академика Лаврентьева, 10, г. Новосибирск, 630090, e-mail: rubt@bionet.ncs.ru

KARYOTYPE EVOLUTION IN PODISMINAE GRASSHOPPERS
(ORTHOPTERA, ACRIDIDAE)

Bugrov, A.G., Warchalowska-Sliwa, E., Karamysheva, T.V., Rubtsov, N.B.

Становление 21-хромосомного кариотипа ($2n\♂=21$, NF=21) некоторых Podisminae из модального для Acrididae 23-хромосомного ($2n\♂=23$, NF=23) - классическая проблема цитогенетики прямокрылых насекомых. Причина особого внимания к ней связана с тем, что в данном случае изменение кариотипа в кариотипически высоко консервативной группе связано не с наиболее обычными для саранчовых робертсоновскими транслокациями, а с какими-то иными хромосомными перестройками. Предлагалось несколько вариантов решения этой проблемы (Powers, 1942; Helwig, 1958; White, 1973).

Наши подходы к решению этой проблемы были основаны на применении метода флуоресцентной гибридизация *in situ* (FISH) теломерной ДНК-пробы (TTAGG)_n с хромосомами высокого уровня разрешения из нейробластов нескольких видов подсемейства Podisminae. Использования именно этого молекулярного маркера было направлено на проверку гипотезы о возможной тандемной транслокации в эволюции этой группы насекомых (Bugrov et al., 1994, 2000).

FISH анализ теломерной ДНК-пробы не выявил иных мест локализации этих повторов кроме теломерного района крупного и очень короткого плеча в каждой аутосоме и X-хромосоме у 23-хромосомных видов (*Podisma pedestris* (L.), *P. sapporensis* Shir., *Primnoa littoralis* Tarb и др.). Вместе с тем у 21-хромосомных видов *Zubovskya koepperi* Ikonn. и *Anapodisma miramae* Dov.-Zar. выявлено присутствие (TTAGG)_n повторов не только в теломерных районах хромосомных плеч, но и в интеркалярном районе крупной пары акроцентрических хромосом. Высказано предположение, что этот маркер соответствует кластеру теломерного повтора хромосомы, вошедшей в транслокацию по типу центромера-теломера.

Исследование поддержано грантом РФФИ № 09-0400401-а и Программой «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» (контракт 02.740.11.0277).

ИЗМЕНЕНИЕ СТРУКТУРНОЙ ОРГАНИЗАЦИИ ХРОМОСОМ В ЯДРАХ
ТРОФОЦИТОВ У ВИДОВ ГРУППЫ *D. VIRILIS* ПРИ ВИДООБРАЗОВАНИИ

Вассерлауф И.Э., Ананьина Т.В., Стегний В.Н.

Научно-исследовательский институт биологии и биофизики Томского государственного университета, г. Томск, 634050, пр. Ленина, 36, e-mail: gene@res.tsu.ru

CHANGE OF CHROMOSOME STRUCTURAL ORGANIZATION IN NURSE CELL
NUCLEI IN THE *D. VIRILIS* SPECIES GROUP UNDER SPECIATION

Wasserlauf, I.E., Anan'ina, T.V., Stegny, V.N.

Изучение пространственной организации политенных хромосом в ядрах трофоцитов у видов малярийных комаров выявило тканевую и видовую специфику. Архитектоника хромосом ядер трофоцитов может являться таксономическим признаком. Такая реорганизация архитектуры хромосом ядер трофоцитов яичников, сопряженная с видообразованием, была названа системной мутацией (Стегний, 1979, 1993). Исследования архитектуры ядер и изучение феномена реорганизации ядра в генеративной системе клеток (системной мутации) при видообразовании у ряда представителей двукрылых насекомых являются актуальными для понимания механизмов реорганизации ядра в процессе сальтационного видообразования.

Нами был проведен анализ ориентации первичных политенных хромосом в ядрах трофоцитов видов группы *virilis* рода *Drosophila*. У видов филлады «*virilis*» была обнаружена хромоцентральная организация хромосомного аппарата, а у *D. americana* – диффузный хромоцентр. Видовые отличия заключались только в особенности структуры хромоцентра – в наличии или отсутствии гетерохроматинового блока в центре хромоцентра. В филладе «*montana*» диффузный хромоцентр характерен для *D. kanekoi* и *D. flavomontana*. Для остальных видов филлады характерно визуальное отсутствие хромоцентра, рассредоточенность хромосом по периферии ядра и контактирование некоторых хромосом прицентромерными районами с оболочкой ядра.

На основании комплексных данных по филогении группы *virilis* (Throckmorton, 1982; Spicer, Bell, 2002), с учетом наших данных по архитектонике хромосом было установлено, что при видообразовательном процессе у видов группы *virilis* происходила сходная ситуация, что и в подгруппе видов *melanogaster* (Стегний, Вассерлауф, 1994). Здесь, также как и у видов подгруппы *melanogaster*, выявляются четыре типа организации хромосом в ядрах трофоцитов – с хромоцентральной организацией хромосом; с хромосомами, объединенными диффузным хромоцентром; с хромосомами, рассредоточенными в пространстве ядра; и с хромосомами, прикрепленными прицентромерными районами к оболочке ядра. Эволюционные преобразования архитектоники хромосом в ядре у исходных видов также шли от локального к диффузному хромоцентру, к его частичному, а затем и к полному визуальному исчезновению, при этом хромосомы рассредоточены в ядре и некоторые из них контактируют с оболочкой ядра у производных видов. Отсюда следует, что в филогенезе у дрозофил подгруппы *melanogaster* и группы *virilis* проявилась общая тенденция эволюционной реорганизации хромосом в пространстве ядер трофоцитов.

Полученные нами данные позволяют предположить, что выявленное сходство в параметрах видоспецифичности и в реорганизации хромосом в пространстве ядер генеративной системы клеток при видообразовании у малярийных комаров и дрозофил, возможно, широко распространено среди двукрылых насекомых и может иметь общебиологическую значимость.

Работа выполнена при финансовой поддержке: Грант РФФИ №10-04-01059; Проект №2.1.1/774.

ВИДОВЫЕ ОСОБЕННОСТИ РЕОРГАНИЗАЦИИ ХРОМОСОМ ТРОФОЦИТОВ
В ХОДЕ ПОЛИТЕНИЗАЦИИ У ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ
НАДСЕМЕЙСТВА OESTROIDAE (DIPTERA)

Ведерников А.Е., Стегний В.Н.

Научно-исследовательский институт биологии и биофизики Томского государственного университета», г. Томск, 634050, пр. Ленина, 36, e-mail: center_cu@res.tsu.ru

SPECIFIC DIFFERENCES OF REORGANIZATION OF NURSE CELLS CHROMOSOMES
DURING POLYTENIZATION IN THE SUPERFAMILY OESTROIDAE (DIPTERA)

Vedernikov, A.E., Stegny, V.N.

У *Calliphora erythrocephala* Mg. в ходе раннего оогенеза в ядрах трофоцитов было обнаружено протекание уникальных морфологических преобразований хроматина со сменой стадий в установленном порядке (Bier, 1958). Данные преобразования обусловлены процессами дифференцировки трофоцитов, в ходе которых происходит многократное умножение генома без клеточного деления – эндоредупликация. В рамках данной работы было запланировано провести сравнительный анализ структуры хромосом трофоцитов на различных стадиях политенизации у представителей надсемейства Oestroidae: *Calliphora erythrocephala*, *Protophormia terranova* R.-D., *Parasarcophaga sp.* и *Lucilia sp.*

В результате проведённых исследований было установлено, что у всех проанализированных видов политенизация в трофоцитах протекает через ряд стадий, характеризующихся определённой морфологией хроматина. На одной из промежуточных стадий формируются классические политенные хромосомы с нечётко выраженным дисковым рисунком. Для всех видов характерна соматическая конъюгация гомологичных хромосом трофоцитов, в результате выявляются 5 крупных мета- и субметацентрических хромосом и компактная половая. У всех проанализированных видов наблюдаются сходства в морфологии политенных хромосом. Так, одна из хромосом содержит пуф. Ещё одна из хромосом этих видов имеет район с асинаписом гомологов. При более детальном анализе были выявлены видовые отличия в характере и морфологии одного из этих маркерных участков. Так, у *Parasarcophaga sp.* пуф занимает целое плечо хромосомы; у *P. terranova* пуф располагается в прицентромерной области одного из плеч; у *Lucilia sp.* и *C. erythrocephala* пуф расположен по обе стороны от центромеры. Район хромосомы, характеризующийся асинаписом гомологов, у этих видов сходен по своему местоположению на хромосоме.

Исследования проводились при финансовой поддержке ФЦП № П-801.

ЦУП (ЦЕНТР УПРАВЛЕНИЯ ПОВЕДЕНИЕМ) ХРОМОСОМ:
СТРУКТУРНАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ И ЭВОЛЮЦИЯ

Вершинин А.В.

*Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, г.
Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева, 6, e-mail: avershin@mcb.nsc.ru*

CONTROL CENTRE OF THE CHROMOSOMES BEHAVIOUR:
STRUCTURAL ORGANIZATION AND EVOLUTION

Vershinin, A.V.

Центромеры во всех клетках эукариот выполняют важнейшую функцию, определяя правильное расхождение хромосом кариотипа в дочерние клетки в ходе клеточного деления. Направляющая роль центромеры обеспечивается макромолекулярным комплексом, в котором последовательности ДНК взаимодействуют с белковыми компонентами кинетохора. Несмотря на значительные различия в размерах и отсутствие консервативности в первичной структуре ДНК, центромеры различных многоклеточных организмов обладают рядом идентичных структурных характеристик. К их числу относится наличие как подобных ДНК компонентов, а именно: тандемно организованных последовательностей и ретротранспозонов, так и набора подобных белков. В докладе анализируется современное состояние представлений о структуре ДНК-вых и белковых компонентов центромер у широкого спектра видов: млекопитающих, растений, насекомых. Исследование белковых комплексов, различных типов белковых модификаций и структуры хроматина центромер и прилежащих к ним гетерохроматиновых участков существенно усложнило ранние представления о ДНК как о молекулах, определяющих позицию центромер на хромосомах. Структурная и эволюционная динамика организации центромер указывает на согласованную эволюцию ДНК-белковых комплексов и будет рассмотрена в свете потенциальных молекулярных механизмов, ответственных за быстрые изменения компонентов центромер.

ГЕОГРАФИЧЕСКОЕ РАСПРОСТРАНЕНИЕ ВИДОВ-ДВОЙНИКОВ *AGRODIAETUS*
ALCESTIS И *A. DEMAVENDI* (LEPIDOPTERA, LYCAENIDAE)
ПО ДАННЫМ ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА

Вершинина А. О., Лукханов, В. А.

Зоологический институт РАН, г. С.-Петербург, 199034, Университетская наб., 1 и
Биолого-почвенный факультет, С.-Петербургский государственный университет,
199034, С.-Петербург, Университетская наб., 7/9e-mail: vershinina.alice@gmail.com,
lukhtanov@mail.ru

GEOGRAPHICAL DISTRIBUTION OF THE SIBLING SPECIES *AGRODIAETUS*
ALCESTIS AND *A. DEMAVENDI* (LEPIDOPTERA, LYCAENIDAE)
REVEALED BY CYTOGENETIC ANALYSIS

Vershinina, A. O., Lukhtanov, V. A.

Agrodiaetus alcestis (Zerny, 1932) и *A. demavendi* (Pfeiffer, 1938) – представители сложной в таксономическом отношении группы так называемых мономорфных бабочек-голубянок (Lepidoptera, Lycaenidae), распространенных в Передней Азии. Виды этой группы чрезвычайно сходны по рисунку и окраске крыльев, а также по структуре гениталий, но каждый вид характеризуется специфическим кариотипом. Так, у исследованного нами *A. alcestis karacetinae* гаплоидное число хромосом, $n=19$, а в комплексе популяций, близких к *A. demavendi*, $n=64-74$. Правильное определение или описание видов из этой группы без цитогенетического анализа фактически невозможно. В ходе наших цитогенетических исследований были выявлены многочисленные ошибки в определении видов этой группы, даже когда видовую идентификацию проводили специалисты-морфологи.

Для выявления географического распространения *A. alcestis karacetinae* и *A. demavendi* в нашей работе были изучены кариотипы бабочек из различных локалитетов северо-западного, западного и центрального Ирана. Выяснилось, что в провинциях Исфahan, Лорестан, Хамадан, Курдестан, Керманшах и Маркази имаго *A. alcestis karacetinae* и *A. demavendi* встречаются совместно: синтопно и синхронно. При этом во всех популяциях *A. alcestis karacetinae* число хромосом было стабильным: $n=19$. Что касается популяций *A. demavendi*, то в них кариотипы не были стабильными, и наблюдалась тенденция к увеличению числа хромосом от $n=64-67$ на юге выявленного ареала (провинции Исфahan и Лорестан) до $n=73-74$ на севере (Курдестан). В провинции Курдестан были также обнаружены особи с числом хромосом $n=78-80$, вероятно, относящиеся к еще одному виду мономорфоного комплекса: *A. admetus*. В провинции Восточный Азербайджан был собран экземпляр с кариотипом $n=ca89$. Последний экземпляр, вероятно, является представителем вида *A. ripartii*, достоверные находки которого с территории Ирана до сих не были известны.

Полученные данные впервые позволяют очертить южную и восточную границу ареалов *A. alcestis karacetinae* и *A. demavendi* и указывают на необходимость более детального изучения кариотипов иранских представителей рода.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (гранты 09-04-01234, 08-04-00787 и 08-04-00295), программ президиума РАН «Генофонды и генетическое разнообразие» и «Происхождение биосферы и эволюция гео-биологических систем» и гранта президента РФ для поддержки ведущих научных школ (НШ-3332.2010.4).

КАРИОТИПИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ РЯДА ПОПУЛЯЦИЙ ХИРОНОМИД
(DIPTERA: CHIRONOMIDAE) ВОДОЕМОВ КАЛИНИНГРАДА

Винокурова Н.В., Шартон А.Ю., Шевчук Т.А.

Российский государственный университет им. И. Канта, г. Калининград, 236000,
ул. Университетская, 2, e-mail: aidaspost@mail.ru

KARYOTYPICAL CHARACTERISTICS OF SOME POPULATIONS OF CHIRONOMIDS
(DIPTERA: CHIRONOMIDAE) FROM RESERVOIRS OF KALININGRAD

Vinokurova, N.V., Sharton, A.Yu., Shevchuk, T.A.

Фауна хирономид (Diptera: Chironomidae), широко распространённой группы среди макрозообентоса, в Калининградской области изучена недостаточно. Видовая диагностика хирономид региона базируется в основном на данных морфологии, что недостаточно корректно в случае морфологически неразличимых видов-двойников. На фоне ряда исследуемых кариотипов хирономид в водоемах г. Калининград *Glyptotendipes glaucus* Mg. интересен с точки зрения наибольшей распространённости и высокого уровня хромосомного полиморфизма (Кикнадзе и др., 1996; Michailova et al., 2001), а также выявления новых, ранее не встречавшихся инверсионных последовательностей.

Морфологически и кариологически были изучены личинки хирономид из четырех водоемов г. Калининград (оз. Исаковское, оз. Пеньковое, система прудов Карасевка, пруд Школьный), собранные в апреле-июле 2009 г., а также кариотипы 123 личинок *G. glaucus*, собранных в июле 2007 г. Фиксация личинок, приготовление препаратов и морфо-кариологическая идентификация осуществлялись по стандартным методикам, определителям и хромосомным картам (Белянина, Дурнова, 1997; Кикнадзе и др., 1991; Панкратова, 1983). В исследованных водоёмах кариологически идентифицировано 20 видов из подсемейства Chironominae. Из них наиболее массовые – *G. glaucus*, *G. paripes* Edw. и *G. mancurianus* Edw.; обычные - *Chironomus plumosus* L., *Endochironomus albipennis* Mg. и *Camptochironomus tentans* F.; наиболее редкие – *G. barbipes* Staeg., *Ch. cingulatus* Mg. и *Ch. obtusidens* Goetgh. Многие виды оказались в значительной степени кариологически полиморфны. Исследование кариотипов *G. glaucus* показало небольшое число или отсутствие в популяциях особей со стандартным кариотипом. Широко распространённой являлась последовательность gla B2. В исследованных популяциях *G. glaucus* наиболее полиморфными оказались хромосомы АВ и ЕF, при этом было обнаружено большое количество новых инверсий во всех хромосомах. Также было замечено, что при различных условиях полиморфными становятся разные плечи хромосом, что, по-видимому, зависит от экологических условий, которые определяют структурно-функциональную организацию хромосом. В популяциях *G. glaucus* г. Калининграда уровень инверсионного полиморфизма был достаточно высок. В оз. Исаковском наблюдалось наименьшее количество инверсионных последовательностей (13) и геномных комбинаций (10), в оз. Пеньковом и системе прудов Карасевка эти показатели оказались выше (15, 19 и 15, 11 соответственно). В целом, уровень хромосомного полиморфизма выше в оз. Карасевка. В оз. Пеньковом отношение числа инверсионных последовательностей к числу геномных сочетаний составило 0,78, что оказалось ниже, чем в других водоемах (1,36 в системе прудов Карасевка и 1,30 в оз. Исаковском). По-видимому, это обусловлено тем, что во всех трех популяциях вид пытается приспособиться к неблагоприятным экологическим условиям, но в оз. Пеньковом это происходит значительно быстрее. Появление новых инверсий и низкое значение показателя отношения числа инверсионных последовательностей к числу геномных комбинаций говорит о начальных изменениях генофонда *G. glaucus* в исследованных водоемах.

КАРИОСИСТЕМАТИКА И МОЛЕКУЛЯРНАЯ ФИЛОГЕНЕТИКА БАБОЧЕК-ГОЛУБЯНОК РОДА *AGRODIAETUS* (LEPIDOPTERA, LYCAENIDAE) БАЛКАНСКОГО ПОЛУОСТРОВА

Вишневская М.С.¹, Лухтанов В.А.^{1,2}, Сайфитдинова А.Ф.^{1,3}

¹Кафедра энтомологии, Санкт-Петербургский государственный университет, г. Санкт-Петербург, 199034, Университетская наб. 7/9, e-mail: wishm@yandex.ru;

²Отделение кариосистематики, Зоологический институт РАН, г. Санкт-Петербург, 199034, Университетская наб. 1, e-mail: lukhtanov@mail.ru; ³Санкт-петербургский филиал Института общей генетики им. Н.И.Вавилова РАН, г. Санкт-Петербург, 199034, Университетская наб. 7/9, e-mail: saitdinova@mail.ru

KARYOSYSTEMATICS AND MOLECULAR PHYLOGENETICS OF BLUE BUTTERFLIES (LEPIDOPTERA, LYCAENIDAE, *AGRODIAETUS*) OF BALKAN PENINSULA

Vishnevskaya, M.S., Lukhtanov, V.A., Saifitdinova, A.F.

В семействе бабочек-голубянок род *Agrodiaetus* (Hübner, 1822) является одним из наиболее сложных в отношении систематики, так как включает большое число криптических видов. Для Балканского полуострова в литературе приводилось шесть таксонов: *A. admetus* (Esper, 1783), *A. ripartii pelopi* (Brown, 1976), *A. aroaniensis* (Brown, 1976), *A. nephohiptamenos* (Brown, Coutsis, 1978), *A. orphicus* (Kolev, 2005) и *A. eleniae* (Coutsis, de Prins, 2005). Однако их реальный статус (вид, подвид или синоним) и родственные связи были неясными. В нашем исследовании были изучены кариотипы всех этих таксонов. Кроме того, с использованием метода секвенирования ДНК получены данные по нуклеотидным последовательностям гена *COI* (786 пар нуклеотидов) и спейсерного участка *ITS2* (430 пар нуклеотидов) для 41 особи, которые представляют различные популяции всех шести таксонов. Был проведен филогенетический и таксономический анализ полученных данных.

В результате проделанной работы удалось установить следующее:

- 1) подвид *A. ripartii pelopi* является четко обособленным таксоном, обитающим в Греции и Болгарии;
- 2) *A. nephohiptamenos* – по-видимому, реально существующий таксон с точечным ареалом в Северной Греции. Он сохраняет свою генетическую дискретность, несмотря на контакты с близким видом *A. ripartii*;
- 3) европейские и малоазиатские популяции *A. admetus* генетически весьма удалены друг от друга и, вероятно, представляют разные таксоны (виды или хорошо дифференцированные подвиды);
- 4) таксоны *orphicus* и *eleniae* генетически и кариологически близки к виду *A. humedasae*, описанному из северной Италии, но для уточнения их статуса нужны дальнейшие исследования;
- 5) таксон *aroaniensis* является самостоятельным видом, эндемиком Греции.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (гранты 09-04-01234, 08-04-00787 и 08-04-00295), программ президиума РАН «Генофонды и генетическое разнообразие» и «Происхождение биосферы и эволюция гео-биологических систем» и гранта президента РФ для поддержки ведущих научных школ (НШ-3332.2010.4).

KARYOTYPES OF *CHIRONOMUS* SPECIES FROM AFRICA

Wülker, W. F.¹, Kiknadze, I.I.², Istomina, A.G.²

¹Битценматте 9, B79249 Мерцхаузен, Германия, e-mail:

Wolfgang.wuelker@biologie.uni-freiburg.de; ²Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева, 10, e-mail: kiknadze@bionet.nsc.ru

КАРИОТИПЫ ВИДОВ *CHIRONOMUS* ИЗ АФРИКИ

Вюлкер В. Ф., Кикнадзе И.И., Истомина А.Г.

The karyotypes of six African *Chironomus* species were investigated; four of them were described for the first time (*C. sp.3*, *C. formosipennis* Kieffer 1908, *C. sp.cf. pulcher*, *C. sp. 6*). Detailed photomaps of all chromosome arms, with exception of arms B and G, were prepared for the karyotypes of *C. alluaudi* Kieffer 1913, *C. transvaalensis* Kieffer 1923, *C. sp.3*, *C.sp.cf. pulcher*; the karyotypes of *C. formosipennis*, *C. sp.6* could be mapped fragmentary.

Of the six *Chironomus* karyotypes, three had *pseudothummi* cytocomplex arm combination AE CD BF G (*C. alluaudi*, *C. transvaalensis*, *C. sp.3*), two had *thummi* cytocomplex arm combination AB CD EF G (*C. formosipennis*, *C. sp.cf. pulcher*), and one had *parathummi* arm combination AC BF DE G (*C. sp.6*). Thus, three of ten cytocomplexes known were detected in Africa.

Endemic African banding sequences were characteristic for the most chromosomal arms in all species studied. However, the basic banding sequences, which can be present in different *Chironomus* species from different cytocomplexes and different continents (Wulker, 1980; Kiknadze et al., 2008) were also determined in several African species (*C. alluaudi*, *C. sp.3 Africa*, *C. formosipennis*). The presence of basic sequences shows on clear relationships of African *Chironomus* species to *Chironomus* species from other continents before their separation. The many of banding sequences in African species studied are close to *piger* standard sequences (basic primitive banding sequences). The most primitive karyotype was detected in *C. alluaudi*, which has three basic sequences.

The presence of two African species with *thummi* cytocomplexes arm combinations (*C. formosipennis*, *C. sp. cf. pulcher*) was astonishing. Commonly, this cytocomplex is very rare in southern continents. Only single species with *thummi* arm combination were recorded in Australia and South America, no species of *thummi* cytocomplex were found in India.

The banding sequences of African species studied allow to discuss the derivation of modern banding patterns from “theoretical” *Chironomus* species, living before separation of cytocomplexes and continents.

Financial support: RFFI 09.04.01 440, Program of Russian Academy of Sciences “Biosphere origin and Evolution”

ТАКСОНОМИЧЕСКОЕ ЗНАЧЕНИЕ КАРИОЛОГИЧЕСКИХ ПРИЗНАКОВ КОКЦИД
(HOMOPTERA: COCCINEA)

Гаврилов И.А.

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург, 199034, Университетская наб., 1,
e-mail: coccids@gmail.com

TAXONOMIC SIGNIFICANCE OF KARYOLOGICAL TRAITS OF SCALE INSECTS
(HOMOPTERA: COCCINEA)

Gavrilov, I.A.

Несмотря на довольно большое количество работ, посвященных кариологии кокцид, использование этих данных в практической систематике пока не стало общепринятым и ограничивается, главным образом, сферой макросистематики.

Так, практически во всех современных моделях реконструкции филогении кокцид дивергенцию отдельных семейств рассматривают с учетом эволюции генетических систем: главная эволюционная линия XX-X0→Lecanoid→Comstockioid→Diaspidoid и независимо возникшие, абберантные для кокцид системы XX-XY, 2n-2n, 2n-n. Особый интерес представляет многократно дискутировавшийся (Hughes-Schrader, 1948; Brown, Cleveland, 1968; Nur, 1980; Данциг, 1980; Cook, Gullan, Trueman, 2002; и другие) вопрос о таксономическом положении рода *Puto* Signoret, 1875, единственного в семействе Pseudococcidae и надсемействе Coccoidea (Neococcoidea), обладающего древней системой XX-X0 и не попадающего в кладу с другими Neococcoidea при анализе рибосомальной ДНК. До последнего времени лишь неарктические виды рода *Puto* были исследованы цитогенетически. Лишь недавно (Гаврилов, неопублик.) был изучен первый палеарктический вид, *Puto superbis* (Leonardi, 1907), также имеющий древнюю систему XX-X0, но обладающий иным, неизвестным у других исследованных видов числом хромосом: 2n=18/17.

В вопросах микросистематики кокцид применение цитогенетических данных ограничивается лишь некоторыми, наиболее изученными в кариологическом плане группами. Например, попытки кариотаксономических заключений предпринимались Хьюз-Шредер и Тремблей (Hughes-Schrader, Tremblay, 1966) для маргародид трибы Iceryini, Брауном (Brown, 1965) для ряда родов щитовок (Diaspididae), Кук (Cook, 2000, 2001) для обширного и богатого хромосомными видами-двойниками рода *Apiomorpha*.

Автором рассматривается с кариотаксономической точки зрения ряд таксонов кокцид фауны Палеарктики: поддерживается самостоятельность родов *Eriococcus* Targioni Tozzetti, 1868, *Gossyparia* Signoret, 1875 и *Acanthococcus* Signoret, 1875 (сем. Eriococcidae); обсуждается межродовое варьирование хромосомных чисел в трибе Pulvinariini (семейство Coccidae); демонстрируются межродовые и межвидовые кариологические различия в семействе Pseudococcidae (особое внимание уделяется родам *Trionymus*, *Dysmicoccus*, *Balanococcus*, *Phenacoccus*, *Coccura*, *Rhizoecus* и некоторым другим).

Работа поддержана грантом РФФИ № 09-04-91229-Ста и грантом президента РФ: МК-6075.2010.4.

АЛЛОЗИМНАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ И ПОЛИПЛОИДНЫЕ РАСЫ ДОЖДЕВЫХ
ЧЕРВЕЙ (OLIGOCHAETA: LUMBRICIDAE) ФАУНЫ УКРАИНЫ

Гарбар А.В.¹, Межжерин С.В.², Коцюба И.Ю.¹, Власенко Р.П.¹, Онищук И.П.¹

¹Житомирский государственный университет им. Ивана Франко, ул. Б. Бердичевская, 40, Житомир, 10008, Украина, e-mail: saguaroklub@mail.ru, ²Институт зоологии им. И.И. Шмальгаузена НАН Украины, ул. Б. Хмельницкого 15, Киев 01601, Украина, e-mail: mezha@izan.kiev.ua

ALLOZYME VARIABILITY AND POLYPLOID RACES OF EARTHWORMS
(OLIGOCHAETA, LUMBRICIDAE) OF UKRAINE FAUNA

Garbar, A.V., Mezherin, S.V., Kotsuba, I.Yu., Vlasenko, R.P., Onichuk, I.P.

Несмотря на постоянный интерес исследователей к дождевым червям, ряд вопросов, связанных с распространением полиплоидии в семействе Lumbricidae, генетической структурой популяций и диагностикой отдельных партеногенетических клонов остаются слабоизученными. Для решения этих задач предпринято комплексное исследование полиплоидных комплексов дождевых червей Украины с применением биохимического генного маркирования и кариологического анализа.

Octolasion lacteum (Örley, 1885). На исследованной территории обнаружено не менее 17 биотипов. В Северной и Центральной Украине доминируют две генетически полиморфные симбиотопичные криптические формы, для которых характерен анеуплоидный набор хромосом ($2n + 2 = 38$) и аномальный сперматогенез, протекающий при числе хромосом меньше гаплоидного. На юге Украины обнаружены клоновые формы, имеющие триплоидную структуру генома ($3n = 54$).

Octodrilus transpadanus (Rosa, 1884). В данном исследовании выделяются две группы популяций: юговостоукраинские, где идентифицируются два клона, которые отличаются по спектрам малатдегидрогеназы (*Mdh*) и имеют гептаплоидный набор хромосом ($7n = 105$); а также западноукраинские (кариотип нестабильный, число хромосом от $3n = 45$ до $4n = 60$) и юго-западные ($2n = 30$) генетически высокополиморфные популяции.

Aporrectodea rosea (Savigny, 1826). Этот вид представлен несколькими хромосомными расами ($2n = 36$, $3n = 54$, $6n = 108$ и $8n = 144$). Вид поликлональный, с необычайно высоким генетическим разнообразием (на один клон приходится около 5,5 особей). Клоновая структура популяций *A. rosea* имеет четкую сезонную изменчивость.

A. trapezoides (Duges, 1828). Партеногенетичный вид, особи материковых популяций которого имеют стабильно триплоидный набор хромосом ($3n = 54$). В Крыму обнаружены гексаплоиды — $6n = 108$. На 242 особи установлено 29 биотипов, которые, судя по спектрам, имеют клоновую природу.

Eiseniella tetraedra (Savigny, 1826). Как показал проведенный кариологический анализ, в Украине этот вид представлен три- ($3n = 54$) и тетраплоидной ($4n = 72$) расами. На 47 исследованных особей выявлено 18 биотипов, что свидетельствует о высоком уровне клонового разнообразия.

Dendrodrilus rubidus (Savigny, 1826). Этот партеногенетический вид характеризуется пентаплоидным набором хромосом ($5n = 90$). На 90 исследованных особей обнаружено только три клона, что составляет 30 особей на клон.

Dendrobaena octaedra (Savigny, 1826). Кариологический анализ подтвердил полиплоидную природу и этого вида ($6n = 108$). На 65 изученных особей выявлено 17 клонов. Причем, случаи достаточно строгого соблюдения клоновой структуры сменяются гипервариабельностью.

КАРИОТИПЫ МОЛЛЮСКОВ РОДА *THEODOXUS* (MOLLUSCA, GASTROPODA)
ФАУНЫ УКРАИНЫ

Гарбар А. В., Тарасова Ю. В.

Житомирский государственный университет имени Ивана Франко, ул. Б. Бердичевская, 40, Житомир, 10008, Украина, e-mail: saguaroklub@mail.ru

KARYOTYPES OF MOLLUSKS OF THE GENUS *THEODOXUS* (MOLLUSCA,
GASTROPODA) OF UKRAINE FAUNA

Garbar, A.V., Tarasova, Y.V

На сегодняшний день в той или иной степени описаны кариотипы 29 видов моллюсков семейства Neritidae (Алексенко, 1927; Patterson, 1967; Natarajan, 1969; Wium-Andersen, 1977; Komutsu, Inava, 1982; Komutsu, 1985; Nakamura, 1985, 1986; Yaseen, 1995; Baršienė, 1996; Barsiene *et al.*, 2000). Большинство этих видов не представлено в Украинской фауне. Единственное кариологическое исследование *Theodoxus fluviatilis* Linnaeus 1758 на территории Украины было осуществлено Б. А. Алексенко (1927), однако число хромосом ($2n = 17$) было определено неверно. Повторное исследование этого вида из европейских популяций показало, что диплоидный набор самок *Th. fluviatilis* включает 26 хромосом, а самцов - 25 (Barsiene *et al.*, 2000). Данные о кариотипах других видов рода *Theodoxus* Montfort 1810 фауны Украины отсутствуют.

Материалом для работы послужили собственные сборы авторов 2007 - 2009 гг. в бассейнах Днепра, Днестра, Дуная, Западного Буга. Материал собирали в апреле-октябре, вручную. Препараты хромосом готовили из тканей гонад с предварительным колхицинированием моллюсков (Barsiene *et al.*, 2000).

Описаны кариотипы трёх видов рода *Theodoxus*: *Th. fluviatilis*, *Th. danubialis* Pfeiffer 1828 и *Th. danasteri* (Lindholm, 1908). В диплоидном наборе самцов всех исследованных видов содержится 25 двуплечих хромосом. Кариотипы самок состоят из 13 пар двуплечих хромосом. Хромосомная формула – $2n = 14m + 10sm + 2st = 26$. Основное число FN = 52. Несмотря на значительное сходство кариотипов этих видов, обнаружены достоверные различия между *Th. danubialis* и двумя другими по центромерным индексам первой и второй пар хромосом. Этот результат хорошо согласуется с данными биохимического генного маркирования (Жалай и др., 2008), в соответствии с которыми у *Th. danubialis* и *Th. fluviatilis* фиксированы альтернативные аллели по ряду локусов (Aat, Es-2, Es-3). Гибридные гетерозиготы при этом отсутствуют.

КАРИОТИПЫ СЛИЗНЕЙ (MOLLUSCA, GASTROPODA) ФАУНЫ УКРАИНЫ

Гарбар А.В., Чернышова Т.М., Гарбар Д.А.

Житомирский государственный университет им. Ивана Франко, ул. Б. Бердичевская, 40, Житомир, 10008, Украина, e-mail: saguaroklub@mail.ru

KARYOTYPES OF SLUGS (MOLLUSCA, GASTROPODA) OF UKRAINE FAUNA

Garbar, A.V., Chernyshova, T.M., Garbar, D.A.

Слизни, как и большинство других наземных брюхоногих моллюсков, исследованы кариологически в очень незначительной степени. Первые описания кариотипов некоторых представителей этой группы были сделаны Г. Бесоном (Beeson 1960). Он определил гаплоидные хромосомные числа (n) для 18 видов слизней из Британии, используя методику давленных препаратов. У исследованных видов число хромосом в гаплоидном наборе варьирует от $n = 24$ у *Lehmannia marginata* (O. F. Müller, 1774) до $n = 34$ у *Milax sowerbii* (Fergusson, 1823). В последнее время были описаны кариотипы ещё двух видов слизней из Италии: *Lehmannia melitensis* Lessona & Pollonera, 1882 ($n = 20$; $2n = 22m + 6sm + 10st + 2t$) и *Milax nigricans* (Philippi, 1836) ($n = 33$; $2n = 54m/sm + 12st/t$) (Vitturi, 1992; Vitturi and Sparacio, 1993). Таким образом, имеющиеся данные базируются в основном на исследовании гаплоидных наборов хромосом некоторых видов слизней. Для большинства европейских представителей этой группы количество и морфология хромосом в диплоидном наборе неизвестны.

Нами исследованы кариотипы наиболее распространённых на территории Украины видов слизней. Животных собирали в период наибольшей половой активности (апрель - июнь, август - начало октября). Препараты готовили из тканей гонады по методике, ранее успешно использованной для исследования кариотипов моллюсков (Гарбар, Гарбар, 2007).

Установлено, что представители рода *Lymax* Linnaeus, 1758 (*L. maximus* Linnaeus, 1758, *L. cinereoniger* Wolf, 1803 и *L. flavus* Linnaeus, 1758) характеризуются гаплоидным набором хромосом $n = 31$, что подтверждает данные Г. Бесона (Beeson 1960). Диплоидный набор ($2n$) этих видов состоит из 62, преимущественно двуплечих, хромосом. Диплоидный набор ($2n$) *Arion subfuscus* (Draparnaud, 1805) из украинских популяций содержит 52 хромосомы. В гаплоидном наборе (n) обнаружено 26 хромосом. Эти результаты не согласуются с данными Г. Бесона (Beeson 1960), который указывал для этого вида гаплоидное число $n = 50$. Впервые исследован кариотип *A. fasciatus* (Nilsson, 1823) ($n = 29$; $2n = 58$). По гаплоидному числу хромосом он оказался идентичным другому близкородственному виду - *A. circumscriptus* Johnston, 1828, исследованному Г. Бесоном (Beeson 1960) с территории Великобритании. Впервые исследован кариотип *Tandonia cristata* (Kaleniczenko, 1851). Диплоидный набор ($2n$) этого вида включает 68 хромосом. Мейотические хромосомы на препаратах отсутствовали.

Таким образом, анализ литературных данных и результаты наших исследований свидетельствуют о значительной вариабельности хромосомных чисел слизней на различных таксономических уровнях. Учитывая тот факт, что систематика этой группы в последнее время пересматривается, кариологические данные могут оказаться полезными для уточнения систематического положения некоторых таксонов.

МОЛЕКУЛЯРНАЯ И ЦИТОЛОГИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА
ЦЕНТРОМЕРНЫХ РАЙОНОВ У ХИРОНОМИД

Голыгина В.В.^{1,2}, Брошков А.Д.^{1,2}, Кикнадзе И.И.¹, Карамышева Т.В.¹,
Рубцов Н.Б.^{1,2}

¹Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева, 10, e-mail: nika@bionet.nsc.ru, ²Новосибирский государственный университет, г. Новосибирск, 630090, ул. Пирогова, 2

MOLECULAR AND CYTOGENETIC STRUCTURE
OF THE CENTROMERIC REGIONS IN CHIRONOMIDAE

Golygina, V.V., Broshkov, A.D., Kiknadze, I.I., Karamisheva, T.V., Rubtsov, N.B.

Для изучения молекулярной организации и закономерностей дивергенции последовательностей ДНК в центромерных районах хирономид были созданы ДНК-библиотеки центромерного района хромосомы III 4 видов-близнецов группы *C. plumosus* - *C. borokensis*, *C. entis* (из палеарктических и неарктических популяций), *C. muratensis* и *C. agilis*² (цитоккомплекс *thummi*). Также получены ДНК-библиотеки из С-положительных дисков политенных хромосом вида *C. dorsalis*, являющегося представителем цитоккомплекса *pseudothummi* и имеющего необычное для представителей рода *Chironomus* строение центромерных областей (дицентрические хромосомы AE и BF). Проведена локализация полученных ДНК-библиотек на политенные хромосомы соответствующих видов. Показано, что у видов группы *C. plumosus* во всех центромерных дисках хромосом кариотипа присутствуют гомологичные последовательности ДНК, так как FISH ДНК-библиотек из центромерного района хромосомы III даёт интенсивный сигнал во всех 4-х центромерных дисках. Кроме центромерных районов, наблюдается также гибридизация ДНК-пробы в отдельных дисках на плечах хромосом. FISH ДНК-проб из центромерного района хромосомы II и С-положительных дисков хромосом I и III *C. dorsalis* с политенными хромосомами показала, что у данного вида наблюдается меньшая степень гомологии между центромерными районами разных хромосом, чем у видов группы *C. plumosus*, поскольку интенсивность сигнала в сайте микродиссекции значительно выше, чем во всех остальных сайтах, причём наблюдается большее число мест локализации ДНК-пробы вне центромерных областей. Сравнение полученных результатов с данными по строению центромерных районов другого представителя хирономид - *Prosilocerus akamusi* (Orthocladiinae) позволяет заключить, что разные виды из сем. Chironomidae значительно отличаются по молекулярной организации центромерной ДНК.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 09-04-01440а и программ Президиума РАН "Генофонды и генетическое разнообразие" (направление "Генофонды и генетическое разнообразие природных популяций", раздел "Генетическое разнообразие природных популяций") и "Генетические факторы эволюции" (проект "Дивергентная эволюция. Филогения").

ХРОМОСОМНЫЕ НАБОРЫ ПАРАЗИТИЧЕСКИХ ПЕРЕПОНЧАТОКРЫЛЫХ
(HYMENOPTERA): МОРФОЛОГИЧЕСКИЕ ТИПЫ, ПУТИ И
МЕХАНИЗМЫ ПРЕОБРАЗОВАНИЯ

Гохман В.Е.

Ботанический сад Московского государственного университета, г. Москва, 119991, e-mail: gokhman@bg.msu.ru

CHROMOSOME SETS OF PARASITIC HYMENOPTERA: MORPHOTYPES,
PATHWAYS AND MECHANISMS OF TRANSFORMATION

Gokhman, V.E.

Паразитические перепончатокрылые – одна из наиболее крупных, таксономически сложных и практически важных групп насекомых. Однако, несмотря на очевидные успехи в изучении хромосомных наборов наездников, детальная картина эволюции кариотипа паразитических Hymenoptera далека от завершенности. В представленной работе анализ многообразия хромосомных наборов наездников проведен с помощью метода построения пространства возможных событий, широко используемого в эволюционной морфологии. Для этого выбраны три основных параметра: 1) гаплоидное число хромосом ($n = 3-7, 8-13$ и $14-23$); 2) соотношение длин хромосом гаплоидного набора (одна-две хромосомы не менее чем в 1.5 раза короче или длиннее остальных, или же они образуют более или менее плавно убывающий размерный ряд); 3) степень "метацентричности" кариотипа (не менее половины хромосом являются метацентриками и субметацентриками, или же в кариотипе преобладают субтелоцентрические и акроцентрические хромосомы). Таким образом, все кариотипическое разнообразие паразитических перепончатокрылых теоретически можно подразделить на 18 неперекрывающихся классов, однако лишь 12 из них действительно включают хотя бы один известный хромосомный набор. Очевидно, исходным для паразитических перепончатокрылых является кариотип с относительно высоким числом хромосом ($n = 14-19$) и преобладанием мета- и субметацентриков. В частности, хромосомные наборы с подобной структурой часто встречаются в наименее продвинутых группах надсемейства Ichneumonoidea. Обсуждены возможные причины обилия, редкости или отсутствия кариотипов в том или ином классе. Например, у многих паразитических перепончатокрылых хромосомы в наборе плавно убывают по размерам (это, видимо, исходное состояние как для наездников в целом, так и для многих таксонов более низкого ранга). Тем не менее, в рассматриваемой группе неизвестны низкохромосомные кариотипы с преобладанием субтело- или акроцентриков, образующих плавно убывающий размерный ряд (в наборах с подобной структурой эти хромосомы легко претерпевают робертсоновские слияния, которые приводят к появлению крупных двуплечих элементов). В свою очередь, очень короткие хромосомы присутствуют только в кариотипах с преобладанием мета- или субметацентриков и, как правило, также с невысоким числом хромосом. Напротив, в наборах с высокой степенью "acrocentricity" отдельные крупные элементы обнаружены лишь у немногих форм с высокими или умеренными хромосомными числами, а в мета- и субметацентричных наборах эти элементы выявлены только у некоторых представителей с низким числом хромосом. Основные пути преобразования кариотипов наездников – уменьшение числа хромосом, появление крупных или исчезновение мелких элементов за счет хромосомных слияний тандемного и робертсоновского типа (или близкого к последнему), а также возрастание доли субтелоцентриков и акроцентриков в наборе (очевидно, путем перичентрических инверсий) с последующим ее уменьшением в некоторых более продвинутых филогенетических ветвях (также за счет слияний хромосом).

THE UNIQUE CYTOGENETIC CHARACTERS OF THE BUGS'
INFRAORDER CIMICOMORPHA (INSECTA, HETEROPTERA)

Grozeva, S.¹, Kuznetsova, V.², Anokhin, B.²

¹*Institute of Zoology BAS, Sofia 1000, Bulgaria, Tsar Osvoboditel blvd, 1, e-mail: sgrozeva@yahoo.com;* ²*Zoological Institute RAS, St Petersburg 199034, Universitetskaya nab. 1, e-mail: karyo@zin.ru*

УНИКАЛЬНЫЕ ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ КЛОПОВ
ИНФРАОТРЯДА CIMICOMORPHA (INSECTA, HETEROPTERA)

Грозева С., Кузнецова В.Г., Анохин Б.

The true bugs (Heteroptera) are a diversified group of insects with a number of unique cytogenetic characters such as holokinetic chromosomes; m-chromosomes; post-reduction of sex chromosomes in male meiosis; the absence of chiasmata in spermatogenesis. The Cimicomorpha is one of the largest and most phylogenetically advanced infraorders of the Heteroptera. Opinions differ widely on the monophyly of the Cimicomorpha based on morphological criteria. The currently available data on the families Tingidae, Anthocoridae, Microphysidae, Cimicidae, Nabidae, Miridae and Reduviidae suggest this group to be highly heterogeneous from cytogenetic point of view:

The Cimicomorpha show the most wide range of chromosome numbers known in the Heteroptera as a whole – from $2n = 6$ to $2n = 80$, with distinct modes in separate families;

The family Cimicidae is unique having multiple sex chromosomes with a polymorphism for sex chromosome number in separate species;

The family Miridae is characterized by the presence/absence of m-chromosomes in different taxa;

The families Anthocoridae, Microphysidae, Cimicidae, Nabidae, and Miridae are characterized by achiasmatic male meiosis, whereas other families of the Cimicomorpha have normal, chiasmatic meiosis;

The Cimicomorpha share with all other Heteroptera a sex chromosome post-reduction in male meiosis with sex chromosomes undergoing equational separation during first division while reductional segregation during second division. The family Tingidae and the subfamily Dicyphinae (Miridae) are exceptional in having pre-reductional behaviour of sex chromosomes in spermatogenesis;

The family Nabidae share with all other Heteroptera a “touch and go” pairing of sex chromosomes during second division of male meiosis. However the subfamily Nabinae (the Nabidae) is characterized by a kind of “distance pairing” of sex chromosomes.

We applied DAPI- and CMA₃- staining and for the first time FISH with telomere (TTAGG, TTAGGG) and ribosomal (18S rDNA) probes to study the chromosome structure in the karyotypes of the Cimicomorpha.

Supported financially by the Russian Foundation for Basic Research (grants 08-04-00787 and 08-04-10073) and by programs of the Presidium of the Russian Academy of Sciences “Gene Pools and Genetic Diversity” and “Origin and Evolution of the Biosphere” (for Kuznetsova and Anokhin) and by Bulgarian National Scientific Fund (grant TK-B-1601/06 and DO-02-259/08) (for Grozeva and Kuznetsova).

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МАРКЕРНЫХ ДНК В СРАВНИТЕЛЬНОЙ ЦИТОГЕНЕТИКЕ ХИРОНОМИД

Гундерина Л.И., Голыгина В.В.

Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева, 10, e-mail: gund@bionet.nsc.ru

DNA MARKERS IN COMPARATIVE CYTOGENETICS OF CHIRONOMIDAE

Gunderina, L.I., Golygina, V.V.

Сравнение дискового рисунка политенных хромосом у видов рода *Chironomus* позволило выяснить закономерности возникновения и распространения хромосомного полиморфизма в ареале видов, установить филогенетические связи между видами и реконструировать цитогенетическую эволюцию этого рода. Проведение такого анализа на более высоком таксономическом уровне затруднено, а часто и невозможно, вследствие того, что хромосомные перестройки изменяют дисковый рисунок хромосом настолько, что не удается установить гомологию районов хромосом в кариотипах видов из разных родов.

Использование маркерных ДНК позволяет избежать вышеуказанных трудностей. Сравнивая локализацию аннотированных ДНК в кариотипах разных видов хирономид, можно выявить гомологичные районы хромосом и установить пути их преобразования. Мы использовали этот подход для исследования эволюции ядрышкообразующих районов хромосом у хирономид. Известно, что в ядрышках локализуется семейство генов, кодирующих рибосомные РНК. В кариотипах разных видов хирономид число и локализация ядрышек варьирует в широких пределах. Обычно ядрышки выделяют морфологически, как наиболее распуфленные районы политенных хромосом. Поэтому необходимо установить, действительно ли районы хромосом, определяемые как ядрышки на основании цитологических критериев, содержат гены, кодирующие рибосомную РНК.

При выполнении этой работы в качестве зонда мы использовали ДНК из локуса рибосомной ДНК (rDNA) нескольких видов рода *Chironomus*. В состав выделенного и секвенированного нами фрагмента ДНК входят ген, кодирующий 5.8S rRNA (5.8S rDNA), и внутренний транскрибируемый спейсер (ITS1), разделяющий гены 18S и 5.8S rRNA. Нуклеотидные последовательности 5.8S rDNA высококонсервативны и сохраняют высокую степень гомологии у разных видов хирономид. Последовательности ITS1 высокополиморфны, для них характерна внутривидовая и межвидовая вариабельность.

FISH-анализ показал, что маркерная ДНК (ITS1–5.8S rDNA) локализуется в ядрышкообразующих районах хромосом у всех изученных нами видов хирономид. Число сайтов локализации маркерной ДНК у разных видов неодинаково и соответствует числу цитологически выделенных ядрышек в кариотипе вида. Несмотря на значительные межвидовые различия нуклеотидных последовательностей ITS1, сайты гибридизации гомологичных (кариотип и ДНК-зонд одного вида) и гетерологичных (кариотип и ДНК-зонд разных видов) маркерных ДНК в кариотипах изученных видов хирономид совпадают. Это означает, что гибридизация ДНК зонда с хромосомами кариотипа обусловлена преимущественно нуклеотидной последовательностью 5.8S rDNA. Следовательно, в кариотипах хирономид районы хромосом, цитологически идентифицированные как ядрышки, действительно содержат ген 5.8S рибосомной РНК.

Работа выполнена при финансовой поддержке Программ Президиума РАН «Биологическое разнообразие», проект № 23.30 и «Происхождение и эволюция геобиосистем», а также гранта РФФИ 10-04-00899.

ДОБАВОЧНЫЕ ХРОМОСОМЫ У САРАНЧОВОГО *PSOPHUS STRIDULUS* L.

Гусаченко А.М., Корниенко О.С.

Новосибирский государственный университет, Новосибирск, 630090, ул. Пирогова, 2,
e-mail: cytolog@fen.nsu.ru

ACCESSORY CHROMOSOMES IN GRASSHOPPER *PSOPHUS STRIDULUS* L.

Gusachenko, A.M., Kornienko, O.S.

У саранчового *Psophus stridulus* (L.) (с. Александровка, Россия, Алтайский край, северная Кулунда) обнаружено два вида добавочных хромосом.

Известно, что стандартный кариотип самцов этого вида содержит 23 акроцентрические хромосомы, в том числе единственную X-хромосому. У одной из 8 исследованных особей обнаружена пара мелких акроцентрических В-хромосом, по размеру сравнимых с 10-й, предпоследней хромосомой, они образовывали бивалент.

Другая добавочная хромосома была метацентриком средних размеров. Она встретилась в количестве 1 или 2 штуки на клетку у 3-х из 8-и исследованных особей. В профазе 1 мейоза пара В-хромосом могла синаптировать, образуя бивалент, быть в унивалентном состоянии или синаптировать плечами, что говорит об изохромосомном происхождении. По положению в ядре и поведению в профазе мейоза они вели себя сходно с X-хромосомой. В первом делении добавочные хромосомы сегрегировали случайно, образуя клетки с 0, 1, 2 В-хромосомами. Интересно, что подобные добавочные хромосомы встречаются у нескольких видов из разных подсемейств саранчовых: *Myrmeleotettix maculatus* (Thnb.) (John, Hewitt, 1965; Gallagher et al., 1973), *Stenobothrus lineatus* (Panz.) (Hewitt, John, 1972), *Omocestus bolivari* (Camacho et al., 1985), *Podisma pedestris* (L.) (John, Hewitt, 1970), *Melanoplus frigidus* (Boh.) (Гусаченко, 2004), что ставит под сомнение однократность происхождения этих хромосом. Проецируя наши знания об определении пола у дрозофилы на саранчовых, можно представить возникновение данных хромосом в несколько этапов: 1) делеция части X-хромосомы, содержащей локусы, участвующие в создании баланса X/Аутосомы, в результате особь XX^{del} становится самцом - иллюстрацией этого этапа может служить В-хромосома *Zubovskia koeppeni* (Zub.); 2) образование изохромосомы – метацентрика, оба плеча которого являются делетированной X-хромосомой. В этом случае особь, имеющая почти 3 дозы X-хромосомы, является самцом. Обсуждается проблема компенсации дозы В-хромосом в случае происхождения из X и аутосом.

Исследование поддержано Программой «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» (контракт 02.740.11.0277)

ПОИСК АТ/GC-БОГАТЫХ РАЙОНОВ ДНК В ХРОМОСОМАХ
ПРЯМОКРЫЛООБРАЗНЫХ НАСЕКОМЫХ

Гусаченко А.М., Корниенко О.С., Бады-Хоо М.С., Высоцкая Л.В.

Новосибирский государственный университет, Новосибирск, 630090, ул. Пирогова, 2,
e-mail: cytolog@fen.nsu.ru

SEARCHING OF AT/GC-RICH REGIONS OF DNA IN ORTHOPTEROIDEA

Gusachenko, A.M., Kornienko, O.S., Bady-Khoo, M.S., Vysotskaya, L.V.

Содержание ДНК у прямокрылообразных насекомых значительно превышает таковое у двукрылых, т.е. доля некодирующих последовательностей очень велика. Однако лишь некоторые виды имеют крупные блоки С-гетерохроматина (*Stauroderus scalaris* F.d.W, *Nauphoeta cinerea* Oliver), основная часть некодирующих последовательностей, вероятно, диспергирована по эухроматиновой части генома. Используя флуоресцентные красители, мы попытались выявить районы хромосом, обогащенные GC-парами (хромомиицин А) и АТ-парами (DAPI).

Давленные препараты семенников насекомых из нескольких подсемейств саранчовых, таракана *N. cinerea* и кузнечика *Tettigonia cantans* Fuessly после обработки 0.2 N HCl окрашивали DAPI или хромомиицином А (СМА). Анализировали различия по окраске между хромосомами и по длине хромосом в мейозе и в предмейотических митозах. Повышенная интенсивность окраски может быть связана с плотностью упаковки хроматина в этом районе или с его обогащенностью АТ или GC парами. В первом случае оба красителя более ярко окрашивают этот район, во втором – один краситель дает позитивную окраску, а другой - негативную.

Районы прицентромерного, теломерного и интеркалярного С-гетерохроматина демонстрируют различные варианты окрашивания: 1) DAPI-позитивные СМА-негативные (АТ-богатые) районы: прицентромерные блоки всех хромосом *S. scalaris*, крупные теломерные блоки *N. cinerea*; 2) DAPI-негативные СМА-позитивные (GC-богатые): некоторые С-блоки *Psophus stridulus* (L.), некоторые теломерные блоки *N. cinerea*; 3) сложные по составу С-блоки: одна часть DAPI-позитивная, другая DAPI-негативная (*Conophyma* sp., *Gomphomastacs* sp.); 4) DAPI и СМА-позитивные: GC-состав не отличается от эухроматиновой части хромосомы, плотность хроматина более высокая: «мегамерная хромосома» и X в ранней профазе I большинства саранчовых; 5) оба красителя окрашивают гетерохроматические блоки с такой же интенсивностью, что и эухроматин: метацентрические хромосомы *Chorthippus montanus* (Charp.), *Euchorthippus pulvinatus* F.d.W.

Эухроматин окрашивается более однородно. У *Euthystira brachyptera* (Ocsk.), и *Podismopsis* sp. в эухроматиновой части двуплечих хромосом отмечено снижение плотности упаковки вблизи центромеры. У представителей подсемейства Oedipodinae, имеющих строго локализованные хиазмы, выявляется исчерченность крупных и средних одноплечих хромосом в диплотене при окраске DAPI.

С одной стороны, полученные данные расширяют возможности для сравнительного анализа кариотипов прямокрылообразных насекомых. С другой, они указывают на то, что связь между исключением протяженных районов хромосом из рекомбинации и неоднородностью распределения нуклеотидного состава ДНК по длине хромосом может оказаться неслучайной.

Исследование поддержано Программой «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» (контракт 02.740.11.0277)

ДОЗОВАЯ КОМПЕНСАЦИЯ ГЕНОВ ПОЛОВЫХ ХРОМОСОМ У ЭУКАРИОТ

Дементьева Е.В.

Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева, 10, e-mail: dementyeva_elena@mail.ru

DOSAGE COMPENSATION OF SEX CHROMOSOME GENES IN EUCARYOTES

Dementyeva, E.V.

Считается, что возникновение дозовой компенсации неразрывно связано с эволюцией половых хромосом, которая у ряда организмов сопровождалась их значительной дивергенцией по морфологии и генному составу. В результате такой специализации многие гены одной из половых хромосом оказались представленными в двух дозах у одного пола и в одной дозе у другого. Для того, чтобы устранить различия в уровне экспрессии этих генов между полами, появились механизмы дозовой компенсации, позволяющие регулировать уровень экспрессии генов целой хромосомы. Исследования дозовой компенсации у трех уже ставших классическими объектов (*Drosophila melanogaster*, *Caenorhabditis elegans* и плацентарные млекопитающие) показывают, что в различных таксонах эукариот она может осуществляться с помощью совершенно разных механизмов. Более того, при дальнейшем изучении дозовой компенсации у этих трех объектов выяснилось, что она обеспечивает не только равный уровень экспрессии генов половых хромосом у самок и самцов, но также позволяет поддерживать одинаковый уровень экспрессии генов на половых хромосомах и аутосомах. Однако сравнительно недавно были получены новые данные об экспрессии генов половых хромосом у птиц и бабочек, из которых следует, что далеко не все гены половых хромосом нуждаются в дозовой компенсации, и многие гены экспрессируются на разных уровнях у самок и самцов. В докладе будет представлена информация о механизмах дозовой компенсации у *D. melanogaster*, *C. elegans* и плацентарных млекопитающих, а также будут обсуждаться новые данные об экспрессии генов половых хромосом у птиц и бабочек и их влияние на наше представление о процессе дозовой компенсации.

ГИБРИДИЗАЦИЯ *IN SITU* И LA-PCR – НОВЫЙ МЕТОД ПОЛУЧЕНИЯ
МИКРОДИССЕКЦИОННЫХ ДНК-ПРОБ ХРОМОСОМ САРАНЧОВЫХ
Джетыбаев И. Е.^{1,2}, Лосева Е.М.³, Морозкин Е.С.³, Лактионов П.П.³, Бугров А.Г.^{2,4}
Рубцов Н.Б.^{1,4}

¹Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева, 10, e-mail: jetybayev@mail.ru, ²Институт систематики и экологии животных СО РАН, г. Новосибирск, 630091, ул. Фрунзе 11, ³Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева, 8, ⁴Новосибирский государственный университет, 630090, ул. Пирогова, 2

IN SITU HYBRIDIZATION AND LA-PCR – NEW TECHNIQUE FOR
MICRODISSECTED DNA PROBE GENERATION IN GRASSHOPPERS
CHROMOSOMES.

Jetybayev, I.E., Loseva, E.M., Morozkin, E.S., Laktionov, P.P., Bugrov, A.G.,
Rubtsov, N.B.

Микродиссекционные ДНК-пробы успешно применяются в изучении хромосом млекопитающих. Однако использование стандартных методов получения и гибридизации микродиссекционных ДНК-проб столкнулось с рядом проблем при анализе хромосом саранчовых. Присутствие высокой доли диспергированных повторенных последовательностей в геноме саранчовых изменило область применения этих методов. Данный подход оказался эффективен только для С-позитивных районов хромосом. Прямое секвенирование последовательностей микродиссекционных ДНК-библиотек изучаемых районов после DOP-PCR в качестве альтернативы FISH потребовало предварительной отбраковки PCR-опосредованной артефактной ДНК. Комбинация LA-PCR и FISH с метафазными хромосомами позволяет решить эту проблему и получить “свободные” от контаминации ДНК-библиотеки интересующих хромосом и хромосомных районов.

Был предложен и апробирован метод анализа хромосом *Chorthippus biguttulus* (L.), который включал следующие этапы:

Получение полногеномной ДНК библиотеки *C. biguttulus*. Для этого геномная ДНК была гидролизована рестриктазами RsaI и MseI. Продукты гидролиза фланкировали линкерами и амплифицировали в PCR со специфичными праймерами (LA-PCR).

Гибридизация библиотеки с метафазными хромосомами, и микродиссекция прицентромерных районов. Собранный материал амплифицировали в LA-PCR.

Анализ состава ДНК диссектированных районов проводили в экспериментах по FISH полученных ДНК-проб с метафазными хромосомами *C. biguttulus*.

Эффективность метода была предварительно оценена на хромосомах человека. Из прицентромерных районов половых хромосом *C. biguttulus* были получены ДНК-пробы CBI-cenX(MseI) и CBI-cenX(RsaI), из прицентромерных районов аутосом - ДНК-пробы CBI-cenA(MseI) и CBI-cenA(RsaI). FISH полученных ДНК-проб дала сигналы в С-негативных районах хромосом *C. biguttulus*, но не в прицентромерных С-позитивных блоках. Проба CBI-cenX(MseI) дала интенсивный сигнал в терминальных районах коротких плеч L2 и M7 пар хромосом. Обсуждается вопрос о распределении сайтов рестрикции MseI и RsaI и уровне метилирования ДНК в прицентромерных районах хромосом *C. biguttulus*.

Исследование поддержано грантом РФФИ № 09-0400401-а и Программой «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» (контракт 02.740.11.0277).

**ВОЗМОЖНОСТИ И ОГРАНИЧЕНИЯ МОЛЕКУЛЯРНО-ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИХ
МЕТОДОВ В ИССЛЕДОВАНИИ ХРОМОСОМ САРАНЧОВЫХ**

**Джеттыбаев И. Е.^{1,2}, Карамышева Т.В.¹, Дзюбенко В.В.^{2,3}, Бугров А.Г.^{2,3},
Рубцов Н.Б.^{1,3}**

¹Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева, 10, e-mail: jetybayev@mail.ru, ²Институт систематики и экологии животных СО РАН, г. Новосибирск, 630091, ул. Фрунзе, 11, ³Новосибирский государственный университет, Новосибирск, 630090, ул. Пирогова, 2.

**POTENTIAL AND LIMITATIONS OF MOLECULAR CYTOGENETIC TECHNIQUES IN
GRASSHOPPERS CHROMOSOME RESEARCH**

Jetybayev, I.E., Karamysheva, T.V., Dzyubenko, V.V., Bugrov, A.G., Rubtsov, N.B.

Саранчовые, Acrididae, широко распространенные насекомые, известные с конца палеогена. Кариотип саранчовых очень консервативен. Возможности линейной дифференциации хромосом в рамках традиционной цитогенетики ограничены лишь С-методом дифференциального окрашивания, что затрудняет детализацию путей кариотипической эволюции. Расширение возможностей сравнительного анализа и структурно-функциональной организации хромосом прямокрылых - одна из актуальных задач кариологических исследований в этой группе. В работе рассмотрены возможности и ограничения современных методов молекулярной цитогенетики, хорошо зарекомендовавших себя в исследованиях хромосом млекопитающих, на собственном опыте их адаптации для исследований хромосом саранчовых.

Проведен сравнительный анализ возможностей использования различных типов ДНК-проб для проведения FISH с митотическими и мейотическими хромосомами саранчовых, оценка способов получения районо- и хромосомоспецифичных ДНК-проб А- и В-хромосом разных видов. Обобщен опыт создания и использования микродиссекционных ДНК-библиотек и ДНК-проб для анализа состава ДНК интересующих исследователя хромосомных районов. Рассмотрены различные подходы создания молекулярно-цитогенетических маркеров для визуализации кластеров повторенных последовательностей в хромосомах саранчовых и оценки функциональной роли районов В-хромосом.

Приведены результаты использования для анализа хромосом близкородственных и таксономически далеких видов саранчовых ДНК-проб, базирующихся на консервативных и эволюционно лабильных повторенных последовательностях.

Показано, что анализ распределения повторенных последовательностей в хромосомах саранчовых позволяет оценить, какие молекулярные механизмы задействованы в преобразованиях хромосом, имевших место в эволюции изучаемых групп.

Рассмотрены возможности и опыт комбинирования методов молекулярной цитогенетики и секвенирования ДНК определенных хромосом и хромосомных районов.

Исследование поддержано грантом РФФИ № 09-0400401-а и Программой «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» (контракт 02.740.11.0277).

МОЛЕКУЛЯРНЫЕ МАРКЕРЫ В СРАВНИТЕЛЬНОЙ ЦИТОГЕНЕТИКЕ
САРАНЧОВЫХ ПОДСЕМЕЙСТВА GOMPHOCERINAE (ACRIDIDA, ORTHOPTERA)

Джеттыбаев И. Е.^{1,2}, Карамышева Т. В.¹, Бугров А. Г.^{2,3}, Рубцов Н. Б.^{1,3}

¹Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева, 10, e-mail: jetybayev@mail.ru, ²Институт систематики и экологии животных СО РАН, г. Новосибирск, 630091, ул. Фрунзе 11, ³Новосибирский государственный университет, 630090, ул. Пирогова, 2.

MOLECULAR MARKERS IN COMPARATIVE CYTOGENETICS
OF THE SUBFAMILY GOMPHOCERINAE (ACRIDIDA, ORTHOPTERA)

Jetybayev, I.E., Karamysheva, T.V., Bugrov, A.G., Rubtsov, N.B.

Хромосомный набор саранчовых считается классическим примером стабильности кариотипа. Модальный тип хромосомного набора у саранчовых представлен 23 акроцентрическими хромосомами у самца и 24 акроцентрическими хромосомами у самки при хромосомном определении пола $X0♂/XX♀$ ($2n = 22+X0♂/XX♀$). Для большинства же видов подсемейства Gomphocerinae характерен кариотип: $2n = 16+X0♂/16+XX♀$. Он включает 3 пары крупных метацентрических хромосом. Остальные пары аутомом и половая X хромосома – акроцентрические. Ограничения в использовании методов дифференциального окрашивания хромосом саранчовых затрудняют изучение реорганизации хромосом в этой группе. Новые возможности предоставляет использование молекулярных маркеров и проведение FISH с метафазными хромосомами саранчовых.

Флуоресцентная гибридизация *in situ* (FISH) фрагмента рибосомной ДНК (рДНК-проба) и теломерной ДНК-пробы (TTAGG)_n с хромосомами 15 видов подсемейства Gomphocerinae показала, что кластеры рДНК локализуются в основном в С-позитивных блоках. Среди представителей трибы Gomphocerini кластеры рДНК локализуются в основном в коротких плечах L2 и L3 хромосом. Исключением являются *Aeropus sibiricus* (L) и *Stauraderus scalaris* (De G.), у которых прицентромерный гетерохроматин всех хромосом обогащен последовательностями, гомологичными рибосомным. У 17-хромосомных видов кластеры рДНК локализуются интеркалярно в двух парах метацентрических хромосом. У 23-хромосомного вида *Mesasippus kozhevnicovi* (Tarb.) наблюдаются 2 интерстициальных сайта локализации рДНК в M5 и M6 акроцентрических хромосомах. У 21-хромосомного *Chorthippus hammarstroemi* (Mir.) один сайт гибридизации рДНК пробы находится в коротком плече метацентрической хромосомы L1. Второй сайт локализовался интеркалярно в M4 акроцентрической хромосоме, что свидетельствует об участии этих хромосом в процессе Робертсоновских транслокаций, сформировавших 17-ти хромосомный кариотип в этой группе саранчовых.

Теломерные повторы локализуются в терминальных районах хромосом. Полиморфный интеркалярный кластер теломерных повторов в M6 хромосоме *Aeropus sibiricus* свидетельствует о парацентрической инверсии. Это первый случай обнаружения такого типа инверсий у саранчовых.

Использование молекулярных маркеров позволяет пролить свет на многие вопросы кариотипической эволюции саранчовых.

Исследование поддержано грантом РФФИ № 09-0400401-а и Программой «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» (контракт 02.740.11.0277).

ФЛУОРЕСЦЕНТНАЯ ГИБРИДИЗАЦИЯ *IN SITU* ОРИГИНАЛЬНЫХ
МИКРОДИССЕКЦИОННЫХ ДНК-ПРОБ С А- И В-ХРОМОСОМАМИ ПЛАВУЧЕЙ
КОБЫЛКИ *EYPREPOCNEMIS PLORANS* CHARP. (ORTHOPTERA, ACRIDIDAE)

Дзюбенко В.В.^{1,2}, Бугров А.Г.^{1,2}, Джетыбаев И.Е.^{2,3}, Карамышева Т.В.³,
Рубцов Н.Б.^{1,3}

¹Новосибирский государственный университет, г. Новосибирск 630090, ул. Пирогова 2,

²Институт систематики и экологии животных СО РАН, г. Новосибирск 630091, ул. Фрунзе 11, e-mail: victoriad@mail.ru; ³Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева, 10

FLUORESCENT *IN SITU* HYBRIDISATION OF ORIGINAL MICRODISSECTION DNA
PROBES ON THE A AND B CHROMOSOMES OF THE GRASSHOPPER
EYPREPOCNEMIS PLORANS CHARP. (ORTHOPTERA, ACRIDIDAE)

Dzyubenko, V.V., Bugrov, A.G., Jetybayev, I.E., Karamysheva, T.V., Rubtsov, N.B.

При изучении кариотипов плавучей кобылки *Eypreprocnemis plorans* Charp. из восточно-средиземноморской части ареала (Армения, Турция) нами были описаны восемь новых типов добавочных (В-) хромосом. Пять из них преимущественно С-позитивные и два – преимущественно С-негативные без дифференциальной исчерченности. Для одного морфотипа характерно чередование С-позитивных и С-негативных блоков.

Для определения молекулярной композиции обнаруженных нами В-хромосом и выявления молекулярных особенностей кариотипов особей плавучей кобылки из разных популяций была использована флуоресцентная гибридизация *in situ* (FISH) с полученными нами микродиссекционными пробами из целой преимущественно С-позитивной Ва₃ добавочной хромосомы (В3-проба), из участка ее плеча, расположенного между теломерой и прицентромерным районом, (В3с-проба) и из целой преимущественно С-негативной Ва₄ хромосомы (В4-проба).

В результате FISH хромосом *E. plorans* с В3с-, 18S рДНК- и 180 п.н. сатДНК-пробами было показано, что преимущественно С-позитивные В-хромосомы из восточных популяций насыщены последовательностями рибосомной ДНК. Анализ локализации выявленных гибридизационных сигналов позволяет предположить, что разные морфотипы добавочных хромосом из восточно-средиземноморских популяций имеют независимое происхождение от различных маленьких аутосом (S9, S10 и S11).

FISH В3-пробы с хромосомами особей подвида *E. p. meridionalis* из Южной Африки и *E. p. plorans* из Армении и Турции выявила различия в типах последовательностей ДНК, расположенных в прицентромерных районах А-хромосом представителей этих подвигов.

Результаты FISH с В4-пробой указывают на то, что преимущественно С-негативная Ва₄ сверхчисленная хромосома насыщена последовательностями, характерными для эухроматиновых районов хромосом. На основании анализа полученных данных можно предположить, что Ва₄ наиболее вероятно произошла от S10 аутосомы.

Совокупность полученных данных демонстрирует различия в молекулярной композиции и путях происхождения В-хромосом в восточно- и западно-средиземноморских частях ареала *E. plorans*.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 09-0400401-а и гранта Научные и научно-педагогические кадры инновационной России № 02.740.11.0277.

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ КАРИОЛОГИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ВИДОВ БЛИЗКИХ РОДОВ
PSEUDODIAMESA И *PAGASTIA* (DIPTERA, CHIRONOMIDAE, DIAMESINAE)

Ермолаева О.В.

Новосибирский государственный университет, г. Новосибирск, 630090, ул. Пирогова, 2, e-mail: ksu@fen.nsu.ru, Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева, 10

A COMPARATIVE KARYOLOGICAL ANALYSIS OF THE SPECIES OF THE GENERA
PSEUDODIAMESA AND *PAGASTIA* (DIPTERA, CHIRONOMIDAE, DIAMESINAE)

Ermolaeva, O.V.

Pseudodiamesa и *Pagastia* – близкие роды. Анализ видов из этих родов показывает, что на разных стадиях метаморфоза они очень похожи. Существующие различия незначительны, и многие авторы считают их недостаточными для родового статуса и пытаются понизить статус рода *Pagastia* до подродового. Тем не менее, на сегодняшний день это два самостоятельных рода. Это определяет целесообразность их сравнительного кариологического анализа.

Личинки рода *Pseudodiamesa* по морфологическим признакам и по структуре кариотипа распадаются на две группы: *nivosa* и *branickii*. В группу *nivosa* входит шесть видов, кариотипы описаны только для трех: *P. nivosa*, *P. stackelbergi*, *P. latistyla*. Различия в рисунке дисков у видов группы *nivosa* определяются в основном парацентрическими, реже перичцентрическими инверсиями. В группу *branickii* входит только *Pseudodiamesa branickii*. Кариотипы личинок из разных его популяций имеют значительные различия, вызванные фиксированными парацентрическими инверсиями. Поэтому их считают хромосомными расами *P. branickii*, которые при тщательном морфологическом анализе могут оказаться новыми близкими видами, объединенными в группу *branickii*.

Кариологический анализ проведен только для трех видов рода *Pagastia*: *P. orientalis*, *P. nivis*, *P. altaica*. Виды четко разделяются на хромосомном уровне.

Кариологический анализ родов *Pseudodiamesa* и *Pagastia* показал, что структура кариотипов у них сходная. Количество хромосом $2n = 8$. Для кариотипов характерно наличие факультативного хромоцентра с разной степенью центромерной ассоциации хромосомных плеч и наличие помпоноподобной хромосомы IV. Морфология помпоноподобных хромосом специфична в каждой из рассматриваемых групп. В роде *Pseudodiamesa* возможны два варианта: две помпоноподобные хромосомы, ядрышкообразующая и гетерохроматиновый сгусток (как в группе *nivosa*), или только ядрышкообразующая (как в группе *branickii*), которая не всегда выявляется без дифференциального окрашивания. У видов рода *Pagastia* хромосома IV также ядрышкообразующая, но среди диспергированного материала видны гетерохроматиновые сгустки, образующие подобие дисков. У всех видов обоих родов наиболее специфичным является плечо III, которое всегда имеет два кольца Бальбиани (КБ1 и КБ2) и хорошо развитый пуф. В роде *Pseudodiamesa* КБ1 и КБ2 находятся, как правило, на дистальном конце и в проксимальной части плеча соответственно, а пуф – в центральной части. Плечо III участвует в видообразовании, но инверсии затрагивают обычно центральную часть, не меняя взаимоположения КБ. У видов рода *Pagastia* пуф находится всегда вблизи теломеры, а КБ – никогда. Все три вида рода различаются по рисунку дисков и взаимоположению КБ1 и КБ2. На основании различий в морфологии помпоноподобной хромосомы и расположения колец Бальбиани в плече III составлен определитель видов родов *Pseudodiamesa* и *Pagastia*.

ЭЛИМИНАЦИЯ ГЕНОВ рРНК В РЕЗУЛЬТАТЕ ДИМИНУЦИИ ХРОМАТИНА
У *CYCLOPS KOLENSIS* LILL.

Загоскин М.В.¹, Маршак Т.Л.², Муха Д.В.¹, Гришанин А.К.¹

¹Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва 119991, ул. Губкина 3, e-mail: andreygrishanin@mail.ru, ² Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН, Москва 117808, ул. Вавилова, 26

RIBOSOMAL RNA GENE ELIMINATION DURING CHROMATINE DIMINUTION IN
CYCLOPS KOLENSIS LILL.

Zagoskin, M.V., Marshak, T.L., Mukha, D.V., Grishanin, A.K.

В ходе диминуции хроматина (ДХ) у *Cyclops kolensis* Lill. (Copepoda, Crustacea) во время 4-го деления дробления из хромосом клеток соматической линии вырезается 94 % ДНК (Гришанин и др., 1996; 2006). К настоящему времени среди элиминируемых последовательностей у *C. kolensis* были обнаружены только высокомолекулярные повторы при отсутствии каких-либо генов (Degtiarev et al., 2004).

Для определения числа копий рДНК в геноме *C. kolensis* до и после ДХ мы использовали «абсолютный» метод ПЦР «в реальном времени» (real-time PCR), предназначенный для количественного определения исходного числа матриц, введенных в реакцию. Так как для расчета числа копий генов рРНК необходимо знать количество ядерной ДНК в клетках *C. kolensis* до и после ДХ, мы провели измерение количества ДНК у *C. kolensis* методом количественной цитофотометрии. По сравнению с выполненными ранее исследованиями (Гришанин и соавт., 1996; 2006) в методику приготовления препаратов эмбриональных и соматических клеток взрослых особей *C. kolensis* для последующей окраски их по Фельгену были внесены некоторые модификации. Сделанные на основании проведенных измерений расчеты свидетельствуют об изменении абсолютных величин количества ДНК в клетках *C. kolensis* до и после диминуции хроматина: количество ядерной ДНК в додиминуционном геноме составило 15,3 пг, а в клетках соматической линии после диминуции хроматина 0,98 пг в пересчете на гаплоидный геном. Относительное количество элиминируемой ДНК осталось неизменным и составило 94 %, как и в предыдущих исследованиях.

Расчет числа копий рДНК до и после ДХ показал, что бластомеры *C. kolensis* до ДХ содержат в диплоидном геноме 31873 копии рДНК, а диплоидный геном соматических клеток (после ДХ) содержит уже только 186 копий рДНК. Таким образом, число копий рДНК после ДХ уменьшается почти в 170 раз, в то время как размер генома уменьшается только в 16 раз.

Следовательно, изменение размера генома *C. kolensis* не пропорционально уменьшению числа рибосомных генов. Можно предположить, что редукция числа генов рРНК в результате ДХ представляет собой один из механизмов регуляции синтеза РНК в ходе онтогенеза. Известно, что значительная часть копий рДНК дрозофилы и других организмов (Jakubczak et al., 1992, Каграманова и др., 2007) поражена специфическими мобильными элементами (R1, R2), которые при встраивании приводят к инактивации копий рДНК. Возможно, именно такие копии подвергаются удалению в ходе ДХ у *C. kolensis*.

ХРОМОСОМЫ ОПИСТОРХИД (TREMATODA, OPISTHORCHIIDAE)

Задесенец К.С., Карамышева Т.В., Рубцов Н.Б., Катохин А.В., Мордвинов В.А.
Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика
Лаврентьева, 10, e-mail: kira_z@bionet.nsc.ru

CHROMOSOMES OF OPISTHORCHIID LIVER FLUKES (TREMATODA,
OPISTHORCHIIDAE)

Zadesenets, K.S., Karamysheva, T.V., Rubtsov, N.B., Katokhin, A.V., Mordvinov, V.A.

Представители семейства *Opisthorchiidae* (Odhner, 1911) являются паразитами, имеющими сложный жизненный цикл. Дефинитивными хозяевами являются человек и животные. Паразитозы, вызванные описторхидами, приводят к патологическим процессам в печени, желчном пузыре, желчных протоках. Наиболее распространенными представителями являются *Opisthorchis felinus* (Rivolta, 1884), *Opisthorchis viverrini* (Poirier, 1886), *Clonorchis sinensis* (Cobbold, 1875). В ходе работы был проведен молекулярно-цитогенетический анализ хромосом видов *O. felinus*, *Metorchis xanthosomus* (Creplin, 1846), *O. viverrini*, *Metorchis bilis* (Braun, 1893). Кариотип этих паразитов (кроме *O. viverrini*) представлен 7 парами хромосом, две из которых – крупные мета- или субметацентрические, а остальные пять – мелкие субмета-, мета- и акроцентрические хромосомы. У *O. viverrini* диплоидный набор хромосом представлен 6 парами хромосом, одна из которых – крупные метацентрические, другая – метацентрические, средних размеров, остальные четыре пары являются мелкими метацентрическими, субметацентрическими, акроцентрическими хромосомами. Для анализа были созданы ДНК-библиотеки, специфичные хромосомам 1 и 2 *O. felinus* и *M. xanthosomus*, проведены FISH полученных ДНК-проб с хромосомами *O. felinus* и *M. xanthosomus*, выполнены С-окрашивание и AgNOR-окрашивание хромосом двух данных видов; проведены FISH (fluorescent *in situ* hybridization) теломерной ДНК-пробы (TTAGGG)_n и 18 S rDNA с хромосомами описторхид.

При определении локализации теломерных повторов было установлено, что, как и у большинства эукариот, теломеры представлены повтором (TTAGGG)_n. Интеркалярные сигналы были отмечены только для вида *O. viverrini*, причем на одной паре хромосом, что свидетельствует о возможном слиянии хромосом в ходе эволюции. Кластер rDNA (18S) локализован на р-плече хромосомы 3 описторхид. Проведенный AgNOR-бэндинг хромосом *O. felinus* и *M. xanthosomus* выявляет крупный ЯОР (район ядрышкового организатора) только в ядрах, но не на отдельных хромосомах. С-окрашивание хромосом у этих видов позволило выявить узкие блоки конститутивного гетерохроматина в прицентромерных районах крупных и некоторых мелких хромосом. FISH хромосомоспецифичных ДНК-проб с хромосомами *O. felinus* и *M. xanthosomus*, соответственно, показал наличие хромосомоспецифичных кластеров повторенных последовательностей, локализованных в прицентромерных районах. Кроме того, также наблюдались флуоресцентные сигналы на остальных хромосомах обоих видов, что указывает на наличие диспергированных повторов в геноме описторха и меторха. На основании полученных данных рассматривается вопрос об эволюции исследуемых видов в семействе *Opisthorchiidae*.

Данная работы была выполнена при поддержке гранта Carl Zeiss в рамках "Программы поддержки научно-исследовательской работы молодых ученых", гранта РФФИ 09-04-12209-офи_м и госконтракта в рамках федеральной целевой программы.

ВКЛАД МОБИЛЬНЫХ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ЭЛЕМЕНТОВ В ЭВОЛЮЦИЮ
ДРОЗОФИЛЫ ПО ДАННЫМ *IN SILICO*

Захаренко Л.П., Перепелкина М.П.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, пр. Академика Лаврентьева,
10, e-mail: zakharlp@bionet.nsc.ru

CONTRIBUTION OF TRANSPOSABLE ELEMENTS TO *DROSOPHILA* EVOLUTION
ACCORDING *IN SILICO* ANALYSIS

Zakharenko, L.P., Perepelkina, M.P.

Эволюционный процесс в семействе *Drosophilidae* сопровождается в основном внутривидовыми и в меньшей степени межвидовыми перестройками. Поскольку мобильные генетические элементы (МГЭ) занимают почти четверть генома *Drosophila melanogaster* Mg., мы поставили цель оценить их вклад в рекомбинационный процесс и в эволюцию дрозофил.

Задачи: Оценить вклад МГЭ в рекомбинационный процесс у *Drosophila melanogaster* и консервативность МГЭ в ходе эволюции дрозофилы.

Результаты и обсуждения: Проанализированы *in silico* последовательности нуклеотидов, соседствующие с разными типами МГЭ *Drosophila melanogaster*. Два процента МГЭ обнаружены на концах дупликаций, как свидетельство их участия в неравном кроссинговере и их причастности к образованию этих дупликаций. От 2 до 17% МГЭ входят в состав дупликаций, как пассивные участники, не формируя их, то есть большая часть дупликаций в геноме у *cn bw sp D. melanogaster* образована, скорее всего, без участия МГЭ. Прямые повторы в местах встройки разных типов МГЭ, обнаружены в 20-80% случаев в зависимости от типа МГЭ. Отсутствие прямого повтора коррелирует с давностью внедрения МГЭ, а также отчасти может быть следствием микроделеции, образовавшейся между двумя соседними однонаправленными МГЭ. МГЭ в семействе *Drosophilidae* менее консервативны, чем гены домашнего хозяйства, поскольку большая часть МГЭ дрозофил видо- или подгруппоспецифична. Считается, что *P*-элемент появился в геноме *D. melanogaster* за счет горизонтального переноса из генома *D. willistoni*, поскольку фрагменты *P*-элемента обнаруживаются в геномах близких к *D. willistoni* видов и не обнаруживаются у видов, близких к *D. melanogaster*. По нашим данным для *hobo*-элемента картина прямо противоположная. В таком случае, обнаружение *hobo* в геноме *D. willistoni* тоже может быть результатом горизонтального переноса, но на этот раз из генома *D. melanogaster*.

Выводы: 1. МГЭ причастны к образованию части дупликаций в геноме у *cn bw sp D. melanogaster*.

2. МГЭ видо- или группоспецифичны в зависимости от типа МГЭ, то есть эволюционируют быстрее генов домашнего хозяйства, следовательно менее значимы или вовсе необязательны для генома хозяина.

3. Есть основания предполагать, что *hobo*-элемент перенесен горизонтально из генома *D. melanogaster* в геном *D. willistoni*.

Работа поддержана частично грантом РФФИ 09-04-00213а, программой РАН «Биологическое разнообразие» 23.29 и грантом «Carl Zeiss» № НГУ-2/11КЦ.

ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ПРОЦЕССА ДИМИНУЦИИ
ХРОМАТИНА У ЦИКЛОПОВ

Иванкина Е.А.¹, Трифонов В.А.¹, Шевелёва Н.Г.², Жимулёв И.Ф.¹

¹Отдел молекулярной и клеточной биологии Института химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, г. Новосибирск, 630090 пр. Академика Лаврентьева, 8, e-mail: zotkevich@mcb.nsc.ru, ²Лимнологический институт СО РАН, Иркутск, 664033, ул. Улан-Баторская, 3.

CYTOGENETICS PECULIARITIES OF CHROMATIN DIMINUTION IN CYCLOPS

Ivankina, E.A., [Trifonov](#), V.A., Sheveleva, N.G., Zhimulev, I.F.

Диминуция хроматина (ДХ) – это процесс удаления части хромосомного материала во время первых делений дробления в презумптивных соматических клетках некоторых животных, в частности, у циклопов. Цитологические и цитофотометрические исследования ДХ у трёх видов рода *Cyclops*, проведённые Сигрид Берманн ещё в середине прошлого столетия, показали, что количество элиминируемой ДНК (эДНК), а также её расположение в ядре видоспецифично. ДХ у изучаемого нами вида циклопов - *Cyclops kolensis* Lill. характеризуется появлением в интерфазе 4-го деления гранул элиминируемого хроматина, в анафазе гранулы концентрируются на полюсах клетки и незначительное количество гранул располагается в экваториальной области, далее в телофазе количество гранул сокращается, по-видимому, за счёт их слияния (Гришанин и др., 1996).

Мы более подробно изучили этот процесс на цитологическом уровне, проанализировав хромосомные препараты на стадии диминуции. Для исследования динамики до- и последиминуционных последовательностей мы включили флуоресцентную метку в ДНК-зонд с помощью DOP-праймеров. Мы показали, что на стадии интерфазы у *C. kolensis* происходит деконденсация одних участков хромосом и конденсация других, при этом возникают структуры, напоминающие бусы на нити. Далее на стадии анафазы гранулы хроматина расходятся к полюсам клеток, подобно обычным хромосомам, а соматические хромосомы остаются в центре клетки, в дальнейшем к полюсам клетки расходятся и соматические хромосомы. Такое необычное поведение хроматиновых гранул по нашему предположению может быть связано с наличием у них центральных районов. Тем не менее, нами было отмечено, что часть мелких гранул так и остаётся в районе экватора.

В дальнейшем мы анализировали препараты *C. kolensis* на стадии 16 клеток, когда диминуция хроматина уже произошла. Результаты гибридизации *in situ* материала додиминуционного генома на до- и последиминуционные хромосомы и на гранулы хроматина показали, что додиминуционная ДНК гибридизуется на хромосомы клеток зародышевого пути (не претерпевают ДХ) и на гранулы хроматина, но не гибридизуется на хромосомы соматических клеток. Этот факт показывает, что у вида *C. kolensis* значительная часть генома удаляется в ходе ДХ и лишь небольшой процент генома необходим для нормального функционирования соматических клеток. Эти результаты согласуются с полученными ранее цитофотометрическими данными по измерению количеств ядерной ДНК в эмбриональных додиминуционных клетках, а также в последиминуционных соматических клетках зародышей *C. kolensis*. По цитофотометрическим данным было показано уменьшение количества ДНК в геноме соматических клеток зародыша *C. kolensis* в результате ДХ на 94% (Гришанин с соавт., 2006).

1. Гришанин А.К., Шеховцов С.В., Бойкова Т.В., Акифьев А.П., Жимулёв И.Ф. Проблема диминуции хроматина на рубеже XX и XXI веков // Цитология, 2006, Т. 48. №5, С. 379-397.

GENOME RESPONSE OF PHYLOGENETICALLY DIFFERENT SPECIES OF THE
FAMILY CHIRONOMIDAE (DIPTERA)

**Ilkova, J.¹, Michailova, P.¹, Petrova, N.², White, K.³, Sella, G.⁴, Hankeln, T.⁵,
Schmidt, E.⁵**

¹*Institute of zoology, BAS, Sofia 1000, Bulgaria, Tsar Osvoboditel blvd, 1, e-mail: juliailkova@yahoo.com;* ²*Institute of zoology, RAS, Universitetskaya. nab., 1, St. Petersburg 199034, Russia;* ³*School of Biological Sciences, University of Manchester, Oxford Road, Manchester M13 9 PT, UK;* ⁴*Department of Animal and Human Biology, University of Turin, via Accademia Albertina 13, 10123 Turin, Italy;* ⁵*Johannes Gutenberg University, Institute of Molecular Genetics, J.J. Becherweg 32, D-55099 Mainz, Germany.*

ОТВЕТ ГЕНОМА ВИДОВ РАЗНОГО ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОГО ВОЗРАСТА
СЕМЕЙСТВА CHIRONOMIDAE (DIPTERA)

Илкова Ю., Михайлова П., Петрова Н., Уайт К., Селла Г., Ханкелн Т., Шмид Е.

Homosequential species of the genus *Chironomus* (*C. riparius* and *C. piger*) as well as sibling species of the genus *Glyptotendipes* (*G. salinus* and *G. barbipes*) were treated chronically with different concentrations of lead ions: 15.1 µg/ml, 151 µg/ml and 302 µg/ml lead nitrate for *C. riparius*, *C. piger* and *G. salinus*, and 0.009 mg/l and 9.65 mg/l lead acetate for *G. barbipes*. A control for all experiments was performed. The genome response of the studied species was checked by analyzing structural and functional alterations of the salivary gland chromosomes. In *C. riparius* and *C. piger* genome (2n=8, with chromosome arms AB, CD, EF, G and Balbiani rings (BRs) and Nucleolar Organizer (NOR) in chromosome G) instability resulted in a number of somatic structural chromosome rearrangements (inversions, deletions and deficiencies). In the phylogenetically youngest species *C. riparius* somatic chromosome rearrangements included deletions of chromosome G (which converted it in so called “pompon” chromosome) were significantly more frequent than in *C. piger* (G test, $G=546.968$, $P<0.001$ and $G=9.745$, $P<0.01$) respectively. In both species the activity of BRs and NOR significantly decreased ($P<0.05$) with increasing the concentrations of Pb ions. In these species the chromosome localizations of repetitive DNA clusters (Alu and Hinf and copies of NLRCth1 retrotransposones) were analyzed using the FISH method. In both species breakpoints of the observed rearrangements were concentrated in chromosomal sections containing blocks of repetitive DNA clusters. Different responses were detected in the salivary gland chromosomes of *G. salinus* and *G. barbipes* (2n=8, with chromosomes AB, CD, EF, G, BRs in chromosome G, while all the other chromosomes have NORs). A large spectrum of somatic aberrations was found in the polytene chromosomes of *G. barbipes*. *G. salinus* reacted to lead treatment only through changes of the functional activity (i.e. by decreased the activity of BRs and NOR, decondensation of centromere regions and appearance of new puffs). The observed genome response of two groups of sibling species is species-specific and could depend on differences in the structural organization of the genome of each species.

The study was supported by a grant of Bulgarian Ministry of Education and Sciences (DO 02-259) and by the Programs of basic investigations of the Presidium of Russian Academy of Sciences “Gene Pools and Genetic Diversity” and “Origin of Biosphere and Evolution of Geo-biological Systems”.

КАРИОТИПЫ И ЭВОЛЮЦИЯ КРОВСОСУЩИХ НАСЕКОМЫХ¹

Исаев В.А.

Ивановский государственный университет, г. Иваново, 153002, пр. Ленина, 136, e-mail: viam_e@mail.ru

KARYOTYPES AND EVOLUTION OF THE HAEMATOPHAGOUS INSECTS

Isaev, V.A.

Изучение кариотипов гематофагов из разных отрядов, их морфологических структур, стратегий развития и жизненных циклов представляет значительный интерес для установления закономерностей, касающихся эволюционной кариологии разных групп насекомых. По собственным данным в работе представлены материалы по цератопогонидам. По литературным данным обработаны сведения по другим таксонам из разных отрядов.

Сравнение хромосомных чисел и эволюционного возраста гематофагов из разных отрядов указывает на переход от вариабельности и широкого разнообразия числа групп сцепления у мало специализированных форм к стабильно более низким числам у специализированных гематофагов и паразитов. При этом тип строения хромосом и их преобразования в ходе эволюции (голокинетические у клопов и вшей либо монокинетические у блох и двукрылых), вероятно, не препятствует ограничению или расширению комбинационных возможностей кариотипов при гематофагии на широком или узком круге хозяев в этих таксонах, а стабилизация числа хромосом происходит на одном уровне либо за счет уменьшения числа аутосом и числа половых хромосом либо за счет снижения только одного из этих показателей.

Снижение диплоидного числа хромосом и/или стабилизация кариотипов являются доминирующими в эволюции наиболее кариологически изученной группы, которой являются кровососущие двукрылые. Это явление отмечается у этих насекомых при формировании большинства типов прокалывающих покровы структур и питания разными способами кровью птиц и млекопитающих. Значительно более редким направлением в эволюционной кариологии, очевидно, было увеличение числа хромосом, наблюдающееся при переходе двукрылых к специализированному питанию кровью иным способом (расцарапывание кожи) в отдельных таксонах.

Сравнение различных характеристик жизненных схем гематофагов, стратегий их развития и кариотипов указывает на определенные кариотипические параллелизмы, например, асинхронное снижение в процессе эволюции в разных ветвях двукрылых модальных и средних диплоидных чисел до восьми (москиты) и шести (комары, мошки, мокрецы, мухи цеце) при формировании видов, питающихся кровью, и использовании ими разных (r- и K-) популяционных стратегий.

В семействе цератопогонид кровососы отличаются по хромосомным числам или структуре хромосом от изученных некровососущих видов. Древность происхождения мокрецов-гематофагов подтверждается палеонтологическими находками и филогенетическими реконструкциями (Исаев, 1999, Borkent, Graig, 2004).

¹Работа посвящена памяти ивановских ученых: Н.В. Хелевина (1910-1977), П.П. Иванищука (1947-2008), Н.В. Волозиной (1926-2009), А.М. Лобанова (1924-2009).

KARYOTYPES OF JEWEL-BEETLES: NEW DATA AND REVIEW OF THE
SUBFAMILIES CHRYSOCHROINAE, BUPRESTINAE AND AGRILINAE
(COLEOPTERA, BUPRESTIDAE)

Karagyan, G. H.

*Institute of Zoology of Scientific Center of Zoology and Hydroecology, National Academy of
Sciences of Armenia. Yerevan 0014, P. Sevak 7, e-mail: gaykaragyan@yahoo.com*

КАРИОТИПЫ ЗЛАТОК: НОВЫЕ ДАННЫЕ И ОБЗОР ПОДСЕМЕЙСТВ
CHRYSOCHROINAE, BUPRESTINAE И AGRILINAE
(COLEOPTERA, BUPRESTIDAE)

Карагян Г.А.

Hitherto, chromosome numbers have been published for 88 species of the Buprestidae (Smith & Virkki, 1978; Karagyan et al., 2004, 2007). The karyologically studied species belong to 22 genera, 14 tribes of the subfamilies Julodinae, Polycestinae, Chrysochroinae, Buprestinae and Agrilinae, and represent less than 1% of the described species of the worldwide buprestids.

New data on meiotic male karyotypes of three buprestid species are given in the present report. The diploid chromosome numbers for the species studied are as follows: *Capnodis tenebricosa* Olivier (Chrysochroinae, Dicerini) – $2n = 14$ ($12 + \text{neoXY}$); *Anthaxia flavicomis* Abeille de Perrin (Buprestinae, Anthaxiini) – $2n = 16$ ($14 + X_{y_p}$); *Trachys* sp. (Agrilinae, Trachysini) – $2n = 20$ ($18 + XY$).

Karyological data within the subfamily Chrysochroinae are known for tribes Chrysochroini (one species of *Chalcophora* Dejean), Hypoprasini (one species of *Euchroma* Solier), Poecilonotini (one species of *Lamprodila* Motschulsky), Sphenopterini (11 species of *Sphenoptera* Dejean) and Dicerini (3 species of *Capnodis* Eschscholtz, 2 species of *Perotis* Dejean and 4 species of *Dicerca* Eschscholtz). The diploid chromosome number within this subfamily varies between $2n = 14$ and $2n = 46$. The mode karyotype is $2n = 20$ ($18 + X_{y_p}$) mainly reported in the species of Dicerini. In the subfamily Chrysochroinae, the XY sex-determining system of males is X_{y_p} (for 12 species) and neoXY (3 species). Moreover, XO in *Chalcophora lacustris* LeConte and multiple X and Y chromosomes in *Euchroma gigantea* Linnaeus were discovered; in six species of subfamily the sex-chromosome systems remained obscure.

In the subfamily Buprestinae, the karyotypes are known for species of the tribes Buprestini (one species of *Buprestis* Linnaeus), Stigmoderini (6 species of *Stigmodera* Eschscholtz, 16 species of *Themognatha* Solier and 12 species of *Castiarina* Gory & Laporte), Anthaxiini (11 species of *Anthaxia* Eschscholtz), Melanophilini (3 species of *Melanophila* Eschscholtz) and Chrysobothrini (3 species of *Chrysobothris* Eschscholtz). The diploid chromosome number within the subfamily varies from $2n = 12$ to $2n = 22$. The mode karyotype is $2n = 16$ ($14 + X_{y_p}$), it was discovered in three out of the five studied tribes of the subfamily Buprestinae. The X_{y_p} sex-chromosome system was found in all of the studied species, apart from one for which the sex-chromosomes were not identified.

Karyological data within the subfamily Agrilinae are known for tribes Agrilini (8 species of *Agrilus* Curtis), Coraebini (one species of *Meliboeus* Deyrolle and 2 species of *Coraebus* Gory & Laporte) and Trachysini (one species of *Trachys* Fabricius). The diploid chromosome number within the subfamily varies from $2n = 20$ to $2n = 24$. The karyotype $2n = 22$ ($20 + X_{y_p}$) was discovered in 4 species, however, in three out of the four studied genera of the subfamily Agrilinae and so, it can be considered as a modal. In this subfamily, the following types of XY sex-chromosomes were determined – X_{y_p} (for 6 species), neoXY (2 species) and XY (4 species).

КАРИОТИПИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ КАБАРДИНОБАЛКАРСКИХ ПОПУЛЯЦИЙ
ВИДОВ-ДВОЙНИКОВ *CHIRONOMUS* ГРУППЫ *PLUMOSUS*
(*CHIRONOMIDAE*, *DIPTERA*)

Кармоков М.Х.¹, Хатухов А.М.¹, Полуконова Н.В.²,

¹Государственный Кабардино-Балкарский университет им. Х.М. Бербекова, г. Нальчик, e-mail: karmokov_muha@mail.ru; ² Саратовский государственный медицинский университет, г. Саратов, 410012, ул. Большая Казачья, 112, e-mail: ecoton@rambler.ru

KARYOTYPE PECULARITIES OF SIBLING *CHIRONOMUS* OF GROUP *PLUMOSUS*
(*CHIRONOMIDAE*, *DIPTERA*) FROM KABARDINO-BALKARIA

Karmokov, M.C., Khatukhov, A.M., Polukonova, N.V.

Границы ареалов многих видов *Chironomus* группы *plumosus* (*Chironomidae*, *Diptera*) остаются неизвестными, не изучена цитогенетическая структура популяций периферии их ареалов. Нами впервые на территории Кабардино-Балкарии (КБР) обнаружены виды-двойники *Chironomus* группы *plumosus* - *Ch. plumosus*, *Ch. balatonicus* и *Ch. usenicus*. Открытие на территории КБР видов-двойников такой модельной группы, как *plumosus*, позволило бы получить представление об особенностях формирования цитогенетической структуры популяций на периферии ареала вида в целом.

Цель настоящего исследования - на основе детального анализа рисунка дисков политенных хромосом из клеток слюнных желез личинок *Ch. plumosus*, *Ch. balatonicus* и *Ch. usenicus* природных популяций КБР выявить спектр последовательностей дисков хромосом (ПДХ), слагающих цитогенетическую структуру популяций этих видов в данном регионе, как наиболее южной части ареала видов группы *plumosus*, а также: уточнить обозначения ПДХ *Ch. plumosus* с учетом пересмотренного перечня ПДХ в составе кариофонда этого вида по Н.А. Шобанову (1994) и собственных данных, провести детальное картирование политенных хромосом *Ch. usenicus* с использованием цитофотокарты хромосом, разработанной Н.А. Шобановым (1994) для центрального вида группы - *Ch. plumosus*, а также представить кадастр ПДХ для плеча D *Ch. balatonicus* с учетом как данных Кикнадзе с соавторами (Кикнадзе и др., 1986, 1996; Голыгина и др., 1996; Гундерина и др., 1999), так и собственных.

Изучена цитогенетическая структура и хромосомный полиморфизм этих видов в кабардино-балкарских популяциях. В популяциях *Ch. plumosus* и *Ch. balatonicus* выявлен сравнительно низкий уровень инверсионного полиморфизма, что согласуется с мнением о снижении гетерозиготности популяций к периферии ареала вида. Во всех популяциях *Ch. plumosus* полиморфно плечо А, в одной из пяти популяций – еще С и D. У *Ch. plumosus* с низкой частотой встречены В-хромосомы. В популяции *Ch. balatonicus* полиморфно только плечо С. Описана новая хромосомная последовательность bal D19, обнаруженная у *Ch. balatonicus* в гомозиготном состоянии.

Популяция *Ch. usenicus* высоко полиморфна. От двух до трех гетерозиготных инверсий выявлено во всех хромосомных плечах, за исключением плеча F. В КБР вид также полиморфен, как и в Нижнем Поволжье. По-видимому, центр видообразования *Ch. usenicus* находился в районе южной границы распространения видов группы *plumosus*, что принципиально отличает его от других видов этой группы и косвенно доказывает его гибридное происхождение.

ЛОКАЛИЗАЦИЯ ТЕЛОМЕРНОЙ ДНК НА ХРОМОСОМАХ САРАНЧОВЫХ СЕМЕЙСТВА ACRIDIDAE С РАЗНЫМ ТИПОМ МЕЙОТИЧЕСКОГО СИНАПСИСА

Корниенко О.С.¹, Трифонов В.А.², Кулемзина А.И.², Высоцкая Л.В.¹

¹Новосибирский государственный университет, Новосибирск, 630090, ул. Пирогова, 2, e-mail: olfa@mail.ru, ²Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева, 8

THE LOCALIZATION OF TELOMERIC DNA ON CHROMOSOMES OF GRASSHOPPERS FROM THE FAMILY ACRIDIDAE WITH DIFFERENT MEIOTIC CHROMOSOME SYNAPSIS

Kornienko, O.S., Trifonov, V.A., Kulemzina, A.I., Vysotskaya, L.V.

Известно, что характер мейотического синапсиса, как правило, зависит от морфологии хромосом. У самцов саранчовых ранее было обнаружено несколько вариантов синапсиса аутосом (Гусаченко и др., 1994; Высоцкая и др., 1997). Разнообразие типов синапсиса достигается тем, что он может инициироваться с разных концов хромосом (проксимального и/или дистального), распространяться по всей длине бивалента или затрагивать только часть его. Как показали исследования, характер синапсиса хромосом, во-первых, является видовой характеристикой, а во-вторых, может служить дополнительным критерием для оценки степени родства разных видов саранчовых (Высоцкая и др., 2009).

В начале мейотического синапсиса концы всех хромосом прикреплены к ядерной оболочке. Теломерные повторы с теломерными белками обеспечивают это связывание (de La Roche Saint-André, 2008). Мы предположили, что разность в количестве теломерной ДНК на одинаковых или разных концах хромосом могла бы иметь лимитирующее значение во время инициации синапсиса. Для исследования этого вопроса были проведены FISH-реакции теломерных проб на мейотических хромосомах 7 видов саранчовых из трех подсемейств с разными типами синапсиса аутосом (подсемейство Locustinae: *Angaracris barabensis* Pall., *Bryodema gebleri* F.d.W., *Br. tuberculatum* F.; подсемейство Catantopinae: *Calliptamus italicus* L.; подсемейство Acridinae: *Chorthippus fallax* Zub., *Euchorthippus pulvinatus* F.d.W.).

Сигнал практически всегда выявляется на теломерных концах бивалентов, состоящих из акроцентрических или метацентрических хромосом, интенсивность сигнала одинакова на стадиях MI и MII. У некоторых видов саранчовых действительно соотношение интенсивности сигнала на разных концах хромосом коррелирует с положением точек инициации синапсиса. Так, у *A. barabensis* на акроцентрических хромосомах, которые имеют ограниченный синапсис с проксимального района, теломерный сигнал на коротких плечах был действительно сильнее по сравнению с сигналом на длинных плечах. У саранчового *C. italicus*, хромосомы которого обнаруживают инициацию синапсиса с дистального и проксимального концов, гибридационный сигнал был примерно одинаковым на обоих концах гомологичных хромосом. Однако, при сравнении двух видов саранчовых рода *Bryodema* с типом синапсиса, как у *A. barabensis*, оказалось, что у *B. gebleri* сигнал на проксимальных концах был гораздо интенсивнее, чем на дистальных, а у *B. tuberculatum* — примерно одинаковый. Таким образом, полученные данные не дают однозначного подтверждения предложенной гипотезы о влиянии на характер синапсиса соотношения теломерной ДНК на обоих концах хромосом.

Исследование поддержано Программой «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» (контракт 02.740.11.0277).

ГОЛОКИНЕТИЧЕСКИЕ ХРОМОСОМЫ: РАСПРОСТРАНЕНИЕ, ХАРАКТЕРНЫЕ ОСОБЕННОСТИ, ПРЕОБРАЗОВАНИЯ В ЭВОЛЮЦИИ.

Кузнецова В.Г.¹, Лухтанов В.А.^{1,2}

¹Зоологический институт РАН, С.-Петербург, 199034, Университетская наб., 1, e-mail: karyo@zin.ru; ²С.-Петербургский государственный университет, С.-Петербург, 199034, Университетская наб., 7/9, e-mail: lukhtanov@mail.ru

HOLOKINETIC CHROMOSOMES: DISTRIBUTION, CHARACTERISTIC FEATURES, EVOLUTIONARY REARRANGEMENTS

Kuznetsova, V.G., Lukhtanov, V.A.

Большинство живых организмов имеют моноцентрические хромосомы, однако, у некоторых простейших, растений и беспозвоночных животных хромосомы голокинетические. В этих хромосомах локализованной центромеры нет, кинетохорная пластинка имеет большие размеры, и микротрубочки веретена прикрепляются вдоль большей части или всей поверхности хромосомы, в зависимости от объекта.

Голокинетические хромосомы отличаются также характерным поведением в митозе и мейозе, низким числом хиазм в бивалентах, спецификой распределения С-гетерохроматина, а также тем, что доминирующими механизмами их эволюционных преобразований являются фрагментации и слияния.

Вопрос о том, какой тип хромосом был исходным у эукариот в целом, остается открытым. Однако хромосомы высших эукариот, скорее всего, были исходно моноцентрическими, а голокинетические хромосомы возникали независимо в филогенетически неродственных таксонах. Как следствие этого, структура этих хромосом в разных группах не одинакова. Особый тип голокинетических хромосом, которые традиционно относят к категории полицентрических, известен у нематод. В эволюции насекомых голокинетические хромосомы возникали четыре или пять раз, и различия в их организации выявлены между представителями когорты Paraneoptera (Psocoptera, Thysanoptera, Phthiraptera, Hemiptera), с одной стороны, и надотряда Amphiesmenoptera (Lepidoptera+Trichoptera) – с другой. Хромосомы Amphiesmenoptera рассматриваются как промежуточные между типично голокинетическими и полицентрическими.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (гранты 08-04-00787 и 09-04-01234), программ Президиума РАН «Генофонды и генетическое разнообразие» и «Происхождение биосферы и эволюция био-геологических систем» и гранта Президента РФ для поддержки ведущих научных школ (НШ-3332.2010.4).

ЭВОЛЮЦИЯ МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ХРОМОСОМЫ И СИСТЕМАТИКА
БЕСПОЗВОНОЧНЫХ ЖИВОТНЫХ

Лухтанов В.А.^{1,2}, Кузнецова В.Г.¹

¹Зоологический институт РАН, С.-Петербург, 199034, Университетская наб., 1, e-mail: karyo@zin.ru; ²С.-Петербургский государственный университет, С.-Петербург, 199034, Университетская наб., 7/9, e-mail: lukhtanov@mail.ru

EVOLUTION OF MITOCHONDRIAL CHROMOSOME AND SYSTEMATICS OF
INVERTEBRATE ANIMALS

Lukhtanov, V.A.^{1,2}, Kuznetsova, V.G.¹

Митохондриальная ДНК организована в виде кольцевой хромосомы, обладающей рядом особенностей по сравнению с обычными ядерными хромосомами. В частности, отсутствие регулярной рекомбинации приводит к тому, что линейный порядок генов в ней филогенетически очень консервативен. В итоге, те редкие транслокации участков митохондриальной хромосомы, которые все же иногда происходят, метят филогенетические события, иногда разделенные десятками и сотнями миллионов лет.

Одна из таких уникальных перестроек произошла у общего предка насекомых (Hexapoda) и ракообразных (Crustacea): ген транспортной РНК лейцина (*tRNA-leu*) принципиально изменил свое положение. Если исходно он находился между геном большой субъединицы рибосомальной РНК и геном дегидрогеназы *NADH1*, и это плезиоморфное состояние встречается у многоножек и хелицерных, то у всех Pancrustacea – группы, объединяющей насекомых и ракообразных – *tRNA-leu* обнаруживается в совершенно другой части митохондриальной хромосомы – между генами цитохромоксидазы 1 (*COI*) и 2 (*COII*).

Другой пример реорганизации – это фрагментация типичной митохондриальной хромосомы у общего предка представителей подотряда вшей (Anoplura) на несколько микрохромосом, каждая из которых имеет кольцевую структуру и несет собственную комбинацию генов. У человеческой вши *Pediculus humanus* число таких кольцевых микрохромосом достигает 18. Эта перестройка отличает вшей от других подотрядов отряда Phthiraptera, а также от сеноедов (Psocoptera), которые сохраняют исходное, характерное для остальных Pancrustacea строение митохондриального генома.

Данные по перестройкам митохондриального генома позволили критически пересмотреть гипотезы о взаимоотношениях между основными группами билатеральных животных и, в частности, поддержать монофилию группы Lophotrochozoa, включающей моллюсков и кольчатых червей. Фактически, в течение последнего десятилетия “митохондриальная” кариосистематика стала действенным инструментом для выявления родственных отношений между группами животных на высоких таксономических уровнях от подотрядов до типов.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (гранты 08-04-00787 и 09-04-01234), программ Президиума РАН «Генофонды и генетическое разнообразие» и «Происхождение биосферы и эволюция био-геологических систем» и гранта Президента РФ для поддержки ведущих научных школ (НШ-3332.2010.4).

IN SITU HYBRIDIZATION ANALYSIS OF CHROMOSOMAL HOMOLOGIES AMONG SPECIES OF DIFFERENT GENERA OF THE SUBFAMILY CHIRONOMINAE (DIPTERA, CHIRONOMIDAE)

Michailova, P.,¹ Krastanov, B.,¹ Hankeln, T.,² Schmidt, E.,² Kraemer, Ch.²

¹*Institute of Zoology, Bulgarian Academy of Sciences, Tzar Osvoboditel blvd.1, Sofia 1000, Bulgaria, e-mail: michailova@zoology.bas.bg,* ²*Institute of Molecular Genetics, Biosafety Research and Consulting, Johannes Gutenberg University, Mainz, Germany*

IN SITU ГИБРИДИЗАЦИОННЫЙ АНАЛИЗ ХРОМОСОМНОЙ ГОМОЛОГИИ СРЕДИ ВИДОВ ИЗ РАЗНЫХ РОДОВ ПОДЕМЕЙСТВА CHIRONOMINAE (DIPTERA, CHIRONOMIDAE)

Михайлова П., Кръстанов Б., Ханкелн Т., Шмидт Е., Кремер К.

The localization of the evolutionary conserved Cpy/Cty gene (clone Cla1.1) in seven species of the genus *Chironomus* (cytocomplex *thummi* – *C. balatonicus*, *C. plumosus*, *C. nuditaris*, *C. annularius*; cytocomplex *pseudothummi* – *C. luridus*, *Chironomus* sp.; unclear position: *C. salinarius*), five species of the genus *Glyptotendipes* (*G. salinus*, *G. barbipes*, *G. glaucus*, *G. pallens* and *Glyptotendipes* sp.) and one in the genus *Kiefferulus* (*K.tendipediformis* – cytotype 2, 2n = 6) was examined. In species of genera *Chironomus* and *Kiefferulus* the signal appeared in arm F of chromosome EF, while in species of the genus *Glyptotendipes* it occurred in arm E of chromosome EF. However, in all studied species it could be found in species specific site. The relocation of the gene among the species of the genus *Chironomus* is due to simple or complex homozygous inversions involved in the karyotype evolution of the species studied. In couples of *Glyptotendipes* sibling species (*G. salinus*, *G. barbipes* and *G. pallens*, *G. glaucus*) it was established in sections 1a and 2a of arm E of chromosome EF respectively.

Since Cpy/Cty gene is extremely conserved among species, we used this gene as a reliable tag for identification homologous chromosomal regions even in different genera. Considering the results of the *in situ* hybridizations of the conserved Cpy/Cty gene we assume that the chromosome arm F of genera *Chironomus* and *Kiefferulus*, and chromosome arm E of genus *Glyptotendipes* might be homologous.

The study was done by support of the grant B-1601 by Ministry of Education and Science, Sofia

ОТ КАРИОТИПА К ПОЛНОГЕНОМНОМУ СЕКВЕНИРОВАНИЮ:
МЕТОДИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ

Мордвинов В.А.

Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика
Лаврентьева, 10, e-mail: mordvin@bionet.nsc.ru

FROM KARYOTYPE TO FULL GENOME SEQUENCING
METHODOLOGICAL ASPECTS

Mordvinov V.A.

В последние годы отмечается существенный рост числа масштабных проектов, посвященных комплексному молекулярно-генетическому исследованию различных организмов. Характерной чертой этих работ является детальное изучение геномов и транскриптомов объектов исследования. Развитие подобных проектов позволяет решать множество научных проблем, связанных с изучением эволюции и происхождения организмов, возникновения и направлений развития базовых молекулярных механизмов функционирования клеток, а также позволяет получать необходимые данные для прикладных биомедицинских и агротехнических исследований.

Принципиальная схема комплексных исследований включает определение кариотипа исследуемых организмов, клонирование генома и получение библиотек отдельных хромосом, физическое картирование геномных клонов на хромосомах, секвенирование клонов, получение и секвенирование библиотек кДНК и/или ESTs, физическое картирование генов на хромосомах, реконструкция структуры генома и его аннотация. Появление новых технологий секвенирования ДНК многократно увеличивает производительность комплексных проектов и значительно понижает общую стоимость исследовательских работ.

В Институте цитологии и генетики СО РАН совместно с РИЦ "Курчатовский институт" и Центром «Биоинженерия» РАН проводятся исследования паразитов, представляющих серьёзную эпидемиологическую опасность на территории Российской Федерации и стран СНГ. Основное внимание уделяется возбудителям описторхоза, в том числе, гельминту *Opisthorchis felineus* (Rivolta, 1884), широко распространенному в Западной Сибири. Целью проекта является комплексный молекулярно-генетический анализ *O. felineus*, реконструкция структуры и функциональная аннотация генома и транскриптома этого паразита, а также реконструкция молекулярно-генетических механизмов взаимоотношений паразит-хозяин.

Геном *O. felineus* имеет небольшой размер - примерно в десять раз меньше генома человека - и организован в виде семи хромосом. В геноме заключена информация о шести морфологически отличающихся жизненных формах, соответствующих различным стадиям жизненного цикла, состоящего из чередующихся свободноживущих и паразитических форм. Каков механизм реализации этой геномной информации? Как различные хозяева и внешняя среда определяют особенности организации и экспрессии генов паразита? Исследование обозначенных выше фундаментальных вопросов существенно облегчит решение прикладных задач - разработку маркеров для точной диагностики описторхоза и выявление фармакологических целей для лечения этого заболевания.

ДИМИНУЦИЯ ХРОМАТИНА У БАЙКАЛЬСКОЙ ЭНДЕМИЧНОЙ АМФИПОДЫ
POLYACANTHISCA CALCEOLATA VAZIKALOVA, 1937 (CRUSTACEA, AMPHIPODA),
ОБИТАЮЩЕЙ ВБЛИЗИ УЧАСТКОВ ДНА С ИНТЕНСИВНЫМ ВЫХОДОМ
УГЛЕВОДОРОДНЫХ ГАЗОВ

Натяганова А.В.

Лимнологический институт СО РАН, г. Иркутск, 664033, ул. Улан-Баторская, 3,
e-mail: avn61@mail.ru

CHROMATIN DIMINUTION IN THE BAIKAL ENDEMIC AMPHIPOD
POLYACANTHISCA CALCEOLATA VAZIKALOVA, 1937 (CRUSTACEA, AMPHIPODA)
INHABITING BOTTOM SITES NEAR INTENSIVE GAS SEEPS

Natyaganova, A.V.

Под диминуцией хроматина понимается запрограммированный в онтогенезе процесс удаления части генетического материала из некоторых клеток (предполагается соматической линии) в ходе нескольких первых делений дробления оплодотворённых яиц. Это явление было впервые обнаружено немецким биологом Т. Бовери в 1887 г. у аскариды. К настоящему времени диминуция хроматина выявлена ещё у некоторых животных: инфузорий, веслоногих раков (циклопов), двукрылых насекомых (сциарид), рыб (миксин) и некоторых млекопитающих.

При диминуции из клеточных ядер могут удаляться не только хромосомные фрагменты, но и целые хромосомы и даже их гаплоидные наборы. Сейчас установлено, что диминуционный материал представляет собой суперкомпактизированный хроматин (гетерохроматин) и обогащён некодирующими повторяющимися последовательностями ДНК. Убедительного ответа на вопрос о биологическом значении элиминации ДНК до сих пор не существует (см. обзор Гришанина и др., 2006). Предполагается, что выявление роли диминуции позволит понять и наиболее интригующую биологическую загадку – феномен избыточной ДНК в геномах эукариот.

В ходе кариотипического анализа байкальской амфиподы *Polyacanthisca calceolata* Vazikalova, 1937 (Crustacea), добытой вблизи участка дна с выходом углеводородных газов (в районе грязевого вулкана Санкт-Петербург), на цитологических препаратах многоклеточных зародышей (на стадии гастролы) были выявлены картины, свидетельствующие о существовании процесса диминуции хроматина у этого вида. То есть, рядом с фигурами интерфазных и делящихся ядер наблюдался хроматиновый материал в виде интенсивно окрашивающихся или ярко светящихся гранул (при окрашивании ДНК-специфическим красителем DAPI). Другим свидетельством того, что наблюдаемые образования представляют собой диминуцию хроматина, являются метафазные пластинки с различающимися по длине и толщине хромосомами, найденные на цитологическом препарате одного и того же эмбриона. Интересно, что 1/3 от числа проанализированных митотических фигур практически каждого эмбриона составляли метафазные пластинки с хромосомными аномалиями (фрагментами и сверхчисленными В-хромосомами). Кроме того, характерной чертой цитологических препаратов были микроядра, высокая частота встречаемости которых, как известно, является показателем определённого мутагенного воздействия.

Полученные результаты позволяют предположить, что выявленные факты диминуции хроматина могут быть обусловлены усиленным воздействием химических агентов (углеводородных газов) на эмбрионы *P. calceolata*, что также согласуется с экспериментальными данными об индуцировании хлористым литием диминуционных процессов у зародышей одного из видов Ascaridae (Esteban et al., 1995).

Исследование поддержано: грантом РФФИ № 09-04-00781. Автор благодарит д.б.н. Т.Я. Ситникову за предоставленные образцы животных и к.б.н. И.В. Механикову – за их таксономическое определение.

**«KARYOSTATANALYSIS» - УДОБНАЯ ПРОГРАММА ДЛЯ ОБРАБОТКИ
МОРФОМЕТРИЧЕСКИХ ДАННЫХ ХРОМОСОМНЫХ НАБОРОВ.**

Натяганова А.В., Букин Ю.С.

*Лимнологический институт СО РАН, г. Иркутск, 664033, ул. Улан-Баторская, 3,
e-mail: avn61@mail.ru*

**«KARYOSTATANALYSIS» - A CONVENIENT COMPUTER PROGRAM FOR
PROCESSING MORPHOMETRIC PARAMETERS OF THE CHROMOSOMAL
COMPLEMENTS.**

Natyaganova, A. V., Bukin, Yu. S.

Одним из первых этапов кариологического изучения организмов является описание хромосомных наборов (кариотипирование). Эта процедура включает в себя морфометрический анализ, в результате которого создаётся усреднённая схема (идиограмма) морфологической структуры хромосомного набора вида – кариотип. Как правило, измерения хромосом производятся на изображениях метафазных пластинок, полученных от 10 индивидуумов. На основе полученных данных вычисляют несколько морфометрических параметров. Их вычисление даже при помощи известной компьютерной программы Exel занимает довольно протяжённый период времени.

Нами разработана программа для персональных компьютеров «Karyostatanalysis», которая упрощает процесс статистической обработки данных, полученных при морфометрическом анализе хромосомных наборов организмов. Программа, практически, мгновенно вычисляет следующие параметры, необходимые для типичной процедуры описания кариотипа: средние значения (а также ошибки средних) длин хромосомных плеч, относительных длин хромосомных пар и значений центромерных индексов. Кроме того, в программе высчитывается коэффициент вариации относительных длин хромосомных пар и индекс асимметрии кариотипа – показатели, весьма информативных для сравнительно-кариотипического анализа. Вычисленные значения указанных параметров могут быть перенесены в другие программы (Word, Exel, Statistika) и представлены в виде таблиц и идиограмм. Предлагаемая программа может представлять интерес не только для специалистов, работающих в области кариологии, но и также может быть рекомендована для цитогенетических практикумов биологических факультетов ВУЗов.

Исходный код программы на языке С++ можно использовать для любой операционной системы и архитектуры ЭВМ при наличии соответствующего компилятора.

Объём программы: объём исходного файла 81,5 КБ (83 456 байт); объём исполняемого файла зависит от типа и установленных опций компилятора. Программа и инструкция размещены на сайте Лимнологического института СО РАН по адресу: <http://www.lin.irk.ru/development.htm> . Режим доступа - свободный.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ, гранты № 04- 04-48945-а, № 07-04-01410-а.

КАРИОЛОГИЧЕСКОЕ И МОРФОЛОГИЧЕСКОЕ ИЗУЧЕНИЕ НЕКОТОРЫХ ВИДОВ
ХИРОНОМИД СЕВЕРНОЙ ИТАЛИИ (DIPTERA, CHIRONOMIDAE).

Петрова Н.А.¹, Михайлова П.², Боверо С.³, Селла Г.³

¹Зоологический институт РАН, Россия, г. Санкт-Петербург, 199034, Университетская наб., 1, e-mail: chironom@zin.ru; ²Институт зоологии БАН, Болгария, София, 1000, бул. Царя Освободителя, 1; ³Туринский университет, Италия, Турин 10123, ул. Академия Албертина, 13

KARYOLOGICAL AND MORPHOLOGICAL STUDIES OF SOME CHIRONOMID
SPECIES FROM NORTHERN ITALY (DIPTERA. CHIRONOMIDAE)

Petrova, N.A., Michailova, P., Bovero, S., Sella, G.

Для фауны хирономид северной Италии известно около 300 видов. В работе были исследованы морфологически и кариологически 7 видов, которые относятся к родам *Chironomus*, *Cryptochironomus* и *Stictochironomus*. В роде *Chironomus* были изучены виды из цитоконкомплекса «*thummi*» с сочетанием хромосомных плеч АВ, CD, EF, G и цитоконкомплекса «*lacunarius*» с сочетанием хромосомных плеч AD, CB, EF, G. Оба комплекса характеризуются $2n = 8$. К цитоконкомплексу «*thummi*» относятся *Chironomus plumosus* (L.), *C. riparius* Mg. и *C. nuditarisi* s. Особенностью кариотипа *C. plumosus* из Италии являются гетерохроматиновые центромеры политенных хромосом. Цитогенетическая характеристика *C. plumosus* была обсуждена в сравнении с другими популяциями. В итальянских популяциях *C. riparius* и *C. nuditarisis* обнаружена высокая частота соматических хромосомных абераций. Хромосомы G у *C. riparius*, в результате перестроек превращаются в «помпоно»-подобную хромосому, которую можно использовать как биомаркер загрязнения биотопов.

К цитоконкомплексу «*lacunarius*» относится *C. bernensis*, который для итальянской популяции характеризуется высокой изменчивостью генома, особенно изменчива хромосома IVG, у которой наблюдается локальная амплификация центромеры, превращающейся в «dark knob».

Cryptochironomus obreptans Walker имеет $2n=4$. Хромосома I - метацентрическая, II – акроцентрическая. Два NOR: в I и II хромосоме. Характерен высокий хромосомный полиморфизм. *Cryptochironomus sp.* имеет $2n=8$. NOR расположен в хромосоме II. Особенностью кариотипа является «гетерохроматиновый knob», расположенный в хромосоме IVG, который иногда распадается на более мелкие «гетерохроматиновые узелки». *Stictochironomus rosenscholdi* Zett. имеет $2n=8$. Центромерные районы гетерохроматиновые. Особенностью кариотипа является наличие большого числа районов с высокой функциональной активностью: одно ядрышко, 3 BR и 10 пуффов, расположенных в различных местах кариотипа.

Работа выполнена при финансовой поддержке Программ фундаментальных исследований Президиума РАН «Генофонды и генетическое разнообразие» и «Происхождение биосферы и эволюция гео-биологических систем» и проекта МОН Софии, Болгария, Б-1601.

МОЛЕКУЛЯРНАЯ СТРУКТУРА ПРИЦЕНТРОМЕРНОГО ГЕТЕРОХРОМАТИНА
ХРОМОСОМ *ANOPHELES*

Пищелко А.О.¹, Елисафенко Е.А.², Стегний В.Н.¹

¹ Научно-исследовательский институт биологии и биофизики Томского государственного университета, г. Томск 634050, пр. Ленина, 36, e-mail: gene@res.tsu.ru, sao_bio@ngs.ru, ² Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева, 10, e-mail: antares@bionet.nsc.ru

MOLECULAR STRUCTURE OF PERICENTROMERIC HETEROCHROMATIN OF
ANOPHELES CHROMOSOME

Pischelko, A.O., Elisaphenko, E.A., Stegny, V.N.

Одной из главных черт гетерохроматина (ГХ) является наличие повторенных последовательностей ДНК, что характеризует его как быстро эволюционирующую часть генома. Сочетание различных типов повторов с включенными в них разнообразными мобильными элементами и особенности кластерной представленности, видимо, определяют особую структуру ГХ различных видов (Корочкин, 1983, Стегний, 1991). Так, у ранее изученных видов малярийного комара *An. atroparvus* van Thiel и *An. messeae* Fall, *An. beklemishevi* Stegnii et Kabanova комплекса «*Anopheles maculipennis*» найдены структурные особенности при цитогенетическом изучении прицентромерного гетерохроматина (ПГ) политенных хромосом (Стегний, 1991). Были показаны различия по размерам блоков α-ГХ, по количеству β-ГХ и по степени его взаимодействия с ядерной оболочкой (Стегний, 1993). Молекулярные исследования ПГ хромосом *An. atroparvus*, *An. messeae* и *An. beklemishevi* выявили наличие высокоповторенной ДНК у всех трех видов (Стегний, Шарахова, 1990). Ранее был изучен молекулярный состав ПГ хромосомы 2R *An. atroparvus*. Представляет интерес исследование структурных особенностей участков прикрепления хромосомы 2 к ядерной оболочке (ЯО) видов *An. atroparvus*, и *An. beklemishevi*. Эти два участка ПГ цитологически отличаются типом прикрепления к ядерной оболочке – первый не имеет жесткого крепления, в отличие от второго. В результате анализа микродиссектированного участка ПГ 2L *An. beklemishevi* было выявлено, что ГХ данного района состоит из повторов разных классов, которые оказались специфичными для этого вида. Сравнение последовательностей ДНК минибиблиотек ПГ хромосом 2R *An. atroparvus* (Atr2R) и 2L *An. beklemishevi* (Abek12L) подтвердило предположение о высокой специфичности участка ПГ хромосомы 2L *An. beklemishevi*. Также минибиблиотека Abek12L была проверена на содержание последовательностей ДНК, обладающих свойствами ДНК ядерных белковых структур. Оказалось, что 89% просеквенированных последовательностей содержат ДНК, обладающую характеристиками различных классов ядерного матрикса. Преимущественно это S/MARS-ДНК, тогда как минибиблиотека Atr2R представлена, в основном, классом синаптонемного комплекса. Как было показано ранее, участок ПГ, не имеющий крепления с ЯО, тем не менее, содержит ДНК, способную к взаимодействию с ЯО (Грушко, 2004), как и участок ПГ, который имеет жесткое крепление с ЯО. Таким образом, минибиблиотеки представлены различными классами ДНК ядерных белковых структур в неодинаковых пропорциях, что, очевидно, и влияет на способность гетерохроматина образовывать контакты с ЯО.

Работа выполнена при поддержке ЦП «Развитие потенциала высшей школы» проект №2.1.1/774, и гранта РФФИ №10-04-01059

НАПРАВЛЕНИЯ ЭВОЛЮЦИИ ЛИЧИНОК ХИРОНОМИД (DIPTERA) НА ОСНОВЕ
АНАЛИЗА ПОЛИТЕННЫХ ХРОМОСОМ И ЧАСТИЧНОЙ АМИНОКИСЛОТНОЙ
ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ПЕРВОЙ СУБЪЕДИНИЦЫ ЦИТОХРОМ С ОКСИДАЗЫ
(COI)

Полуконова Н.В., Дурнова Н.А., Демин А.Г.

*Саратовский государственный медицинский университет, г. Саратов, 410012, ул.
Большая Казачья, 112, e-mail: ecoton@rambler.ru*

EVOLUTIONARY TRENDS IN CHIRONOMID (DIPTERA) LARVAE BASED ON THE
ANALYSIS OF POLYTENE CHROMOSOMES AND PARTIAL COI SEQUENCING

Polukonova, N.W., Durnova, N.A., Demin, A.G.

Представление о направлениях эволюции Chironomidae (Diptera) на наиболее продолжительной стадии их развития - личинки можно получить путем установления предковых и молодых форм, приблизительно оценив уровень их специализации к разным экологическим условиям. Среди хирономид разных таксономических категорий широко распространены виды, личинки которых способны «обрастать» разнообразные субстраты или поселяться внутри них, из которых самую большую группу образуют виды, заселяющие растительные субстраты (фитофильные хирономиды) и виды, личинки которых обитают в бентосе (бентосные). В какую же сторону направлена эволюция личинок хирономид – в сторону узкой специализации личинок с водными растениями или в сторону приспособления к обитанию в бентосе?

На филограммах, построенных на основе частичной аминокислотной последовательности COI, фитофильные и бентосные хирономиды образуют разные кластеры (Дурнова и др., 2010, в печати); четко прослеживается разделение двух эволюционных линий: для первой характерно нарастание связи личинок с покрытосеменными растениями, а именно приспособление к обрастанию или минированию растений (*Glyptotendipes*, *Dicrotendipes*, *Kiefferulus*). Вторая, наиболее молодая - связана с приспособлением к бентосному образу жизни с сохранением и совершенствованием фильтрационного питания (*Camptochironomus*, *Einfeldia*, *Chironomus*, *Baeotendipes* и др.). С помощью калибровки молекулярных часов на основе данных о времени молекулярной дивергенции *Sergentia* – 39–40 млн.л.н. (Paroucheva et al., 2002), установлено, что первые фитофильные виды-минеры могли появиться уже 46 млн.л.н., а взрывное образования родов у фитофильных и бентосных хирономид-фильтраторов подсемейства Chironominae приурочено к формированию водоемов эвтрофного типа и развитию высшей водной растительности - 28–20 млн.л.н. Наиболее молодым среди хирономид является *Chironomus*, между всеми его видами сохраняется гомеология по рисунку дисков политенных хромосом (ПХ). Между многими фитофильными видами даже в пределах одного рода гомология в рисунке дисков ПХ очень слабая (*Glyptotendipes barbipes*, *G. paripes*, *G. glaucus*, *G. gripekoveni*), или вообще отсутствует (*Endochironomus albipenis* и *E. tendens*). Вероятно, накопление различий по последовательностям дисков у ряда фитофильных видов протекало более длительное время, вероятно, с разной скоростью и в разных экологических условиях, связанных с заселением разных субстратов, что обусловило отсутствие гомологии между ними. Сходство рисунка дисков ПХ в пределах рода может свидетельствовать о его монофилетическом происхождении, а его отсутствие - или о полифилетическом происхождении, или ранней обособленности слагающих его видов.

ПЕРСПЕКТИВЫ КАРИОТИПИЧЕСКОЙ ДИАГНОСТИКИ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ
СТРУКТУРЫ ВИДОВ ДОЖДЕВЫХ ЧЕРВЕЙ (OLIGOSCHAETA, LUMBRICIDAE)
В ЗАПАДНОЙ СИБИРИ

Поляков А.В.

*Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика
Лаврентьева, 10, e-mail: polyakov@bionet.nsc.ru.*

PERSPECTIVE OF KARYOTYPE DIAGNOSIS FOR INVESTIGATION OF
EARTHWORMS' (OLIGOSCHAETA, LUMBRICIDAE) SPECIES STRUCTURE IN THE
WEST SIBERIA.

Polyakov, A.V.

Изучение характера внутривидовой изменчивости и закономерностей ее распространения в природных популяциях требует наличия доступных тестируемых маркеров или маркерных систем. Одной из таких систем является кариотип, изменчивость которого позволила к настоящему времени успешно работать со многими видами животных и растений.

Кариотип дождевых червей изучен, в основном, на уровне количества хромосом. Консервативность его проявляется в том, что у большинства изученных видов гаплоидное число хромосом равно 18. В то же время изменчивость этой системы проявляется у дождевых червей в наличии полиплоидных форм.

На юге Западной Сибири обитают не менее 12 видов дождевых червей. Для 9 из них известны гаплоидные числа в европейской части ареалов. Кариотипы трех из этих девяти видов: *Eisenia atlavinyteae* (Перель, Графодатский, 1984), *E. nordenskioldi* (Eisen, 1873) и *E. sibirica* (Perel, Graphodatsky, 1984) были описаны на уровне количества хромосом на территории Сибири.

Для того чтобы выяснить, может ли более точный анализ уже на уровне отдельных хромосом выявить видоспецифичность или изменчивость кариотипов дождевых червей, мы проанализировали центромерные индексы пяти видов – двух ранее упомянутых *Eisenia atlavinyteae* и *E. nordenskioldi* и, кроме того - *Eisenia balatonica* (Pop, 1943), *Aporrectodea caliginosa* (Savigny, 1826), *Octolasion lacteum* (Örley, 1885).

Результаты показали, что незначительные различия, которые наблюдаются между 18-ю монотонно убывающими по величине двуплечими хромосомами гаплоидного набора всех исследованных видов, могут быть выявлены только статистически. Такая характеристика не является удобным инструментом ни для видовой идентификации, ни для популяционных исследований. Следующим этапом развития этого направления может стать разработка или адаптация методов дифференциальной окраски хромосом, а пока основным критерием по-прежнему остается количество хромосом. Тем не менее, и эта характеристика является перспективной для работы с некоторыми видами червей в Западной Сибири. Дело в том, что для обитающих здесь двух видов *E. atlavinyteae* и *E. nordenskioldi* разнообразие определяется на уровне пloidности. Диплоидная форма первого вида обитает в горах Алтая, а тетраплоидная – на равнине. Зону контакта ареалов этих форм еще предстоит выяснить. Диплоидной и октоплоидной формам второго вида присвоен статус подвидов. Их ареалы также дифференцированы, однако известно, что они сосуществуют в зоне перекрывания ареалов, занимая разные экологические ниши. В обоих случаях амфимиктический способ размножения позволяет предположить возможность гибридизации представителей форм разной пloidности и делает актуальной задачу уточнения ареалов и степени взаимоотношений этих форм в зонах интрогрессии.

КАРИОФОНД ХИРОНОМИД РОДА *SERGENTIA* KIEFF.

(DIPTERA, CHIRONOMIDAE)

Провиз В.И.

Лимнологический институт СО РАН, г. Иркутск, 664033, ул. Улан-Баторская, 3,
e-mail: proviz@lin.irk.ru

THE KARYOFUND OF CHIRONOMIDS OF THE GENUS *SERGENTIA* KIEFF.

(DIPTERA, CHIRONOMIDAE)

Proviz, V.I.

Род *Sergentia* Kieffer, 1922 не отличается большим видовым разнообразием, однако является интересным объектом кариологических исследований, так как 7 из 11 изученных видов – эндемики озера Байкал, населяющие разнообразные глубины и самые “необычные” биотопы (районы выхода термальных вод, газовых гидратов и т.д.), а остальные отличаются разной шириной распространения в пределах Голарктики.

Для выяснения особенностей хромосомных преобразований в данных группах видов проведен сравнительный анализ инверсионного полиморфизма в популяциях из Германии, Швейцарии, России (Иркутское и Братское водохранилища, Дальний Восток) и США. Используются все имеющиеся к настоящему времени собственные и литературные данные. Для идентификации последовательностей дисков в качестве стандарта избран кариотип *S. baueri* Wülker et al., 1999 ($2n=8$).

Всего в кариофонде хирономид рода *Sergentia* обнаружено 32 гомо- и гетерозиготных инверсий, локализация которых наглядно демонстрирует, что преобразования дисковой структуры хромосом у исследуемых групп видов происходили с большими отличиями. Суммарное число инверсионных последовательностей у эндемиков и видов, обитающих за пределами Байкала, оказалось одинаковым – 18. Общими для обеих групп являются только 4 инверсии. Из них наиболее широко распространена по ареалу инверсия III F (11-19), встреченная как в Восточной Сибири, так и на Дальнем Востоке. Другая последовательность IV G (3-5) с двумя кольцами Бальбиани обнаружена только в гомозиготном виде у всех байкальских видов и у *S. electa* Proviz et al., 1999 ($2n=6$) – обитателя Иркутского водохранилища. Одинаковую гомозиготную инверсию на участках III E (3-6) имеют 5 видов – 3 байкальских гомосеквентных *S. rara* Proviz et al., 1999 ($2n=8$), *S. rhycephala* Linevitsh et al., 1991 ($2n=8$), *S. affinis* Proviz et al., 1999 ($2n=8$), палеарктический вид *S. prima* Proviz et al., 1997 ($2n=8$) и *S. electa*. Инверсия II C (10-12) встречена только у двух видов – в гомозиготном состоянии у *S. electa* и в гетерозиготах – у *S. baicalensis* Tshernovskij, 1949 ($2n=8$). У байкальских эндемичных видов – эврибатного *S. flavodentata* Tshernovskij, 1949 ($2n=8$), литорального *S. baicalensis*, глубоководных *S. nebulosa* Linevitsh et al., 1984 ($2n=8$) и *S. assimilis* Proviz V. et Proviz L., 1999 ($2n=8$) видообразование сопровождалось перестройками в первую очередь в хромосоме I. В отличие от небайкальских видов, среди которых обнаружена только одна гомозиготная инверсия у голарктического *S. coracina* Bauer, 1945 ($2n=6$) из США, у них в данной хромосоме встречено 5 гомо- и гетерозиготных инверсий. Дивергенция кариотипов двух широко распространенных видов с редуцированным числом хромосом ($2n=6$) произошла за счет нерцепрокных транслокаций – тандемной у *S. coracina* и внутривхромосомной у *S. electa*. Последняя форма объединения хромосомных плеч не встречена у других кариологически изученных видов семейства *Chironomidae*.

Различные спектры инверсий у эндемичных и широко распространенных видов свидетельствуют о разной адаптивной ценности данных перестроек, как в различных точках ареала, так и в условиях конкретных водоемов, особенно озера Байкал.

ВОЗМОЖНОСТИ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ЭЛЕКТРОКАРИОТИПОВ В СИСТЕМАТИКЕ
И ИДЕНТИФИКАЦИИ ВИДОВ И ВНУТРИВИДОВЫХ ГРУПП У ПАРАМЕЦИЙ
(*PARAMECIUM*: CILIOPHORA, PROTOZOA)

Раутиан М.С., Потехин А.А., Некрасова И.В.

Санкт-Петербургский государственный университет, г. Санкт – Петербург, 199034,
Университетская наб.7/9, e-mail: mrautian@mail.ru

ELEKTROKARIOTYPES AS A TOOL IN SYSTEMATICS AND IDENTIFICATION
OF SPECIES AND INTRASPECIOUS GROUPS OF *PARAMECIUM* (CILIOPHORA,
PROTOZOA)

Rautian, M.S., Potekhin, A.A., Nekrasova, I.V.

Инфузории (Ciliophora, Protozoa) характеризуются уникальным ядерным аппаратом, включающем репродуктивные ядра – микронуклеусы (МИ) и соматические ядра – макронуклеусы (МА). МА формируется в результате реаранжировки генома МИ, в ходе которой значительная часть генома МИ теряется, а хромосомы МИ фрагментируются. После завершения реаранжировки («созревания» МА) это ядро делится амитозом и хромосомы в нем никогда не наблюдаются.

Использование метода пульсэлектрофореза на модельной группе – инфузориях рода *Paramecium* показало, что спектр молекул ДНК в МА стабильно воспроизводится и его можно называть электрокариотипом. Разные виды рода характеризуются резко различающимися электрокариотипами. Степень фрагментации ДНК МА (средний размер фрагментов, диапазон размеров) различается у представителей одного рода более чем в 10 раз, что говорит об эволюционной лабильности уровня фрагментации генома у инфузорий. Исследование 86 клонов относящихся к 15 видам-близнецам группы *P. aurelia* показало, что внутривидовые различия электрокариотипа невелики, однако удается выявить минорные различия у видов-близнецов.

Метод пульсэлектрофореза позволяет идентифицировать виды, в том числе некоторые виды-близнецы. Полученные данные показывают эффективность данного метода для анализа структуры вида у инфузорий и эволюции их ядерного аппарата. Предложен гипотетический механизм, основанный на особенностях молекулярных процессов реаранжировки, который позволяет объяснить возникновение внутривидовых репродуктивно изолированных групп – видов-близнецов – характерных и многочисленных у всех хорошо изученных видов инфузорий.

СОВРЕМЕННЫЕ МЕТОДЫ МИКРОСКОПИИ: ВОЗМОЖНОСТИ И ОГРАНИЧЕНИЯ

Рубцов Н.Б.

Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева, 10, e-mail: rubt@bionet.nsc.ru и Новосибирский государственный университет, г. Новосибирск, 630090, улица Пирогова, 2

MODERN TECHNIQUES IN MICROSCOPY

Rubtsov, N.B.

Современные методы микроскопического анализа, используемые при изучении кариопитипов и структурно-функциональной организации хромосом, определяются возможностями микроскопической техники, компьютерной обработки регистрируемых изображений и подготовкой препаратов для проведения микроскопии. В настоящее время паттерны дифференциального окрашивания хромосом беспозвоночных животных достаточно просты и не требуют специальной компьютерной обработки. Паттерны дисковой структуры политенных хромосом оказались, напротив, очень сложны и проведение их компьютерной обработки требует разработки специализированного программного обеспечения, которое в настоящее время отсутствует.

Флуоресцентная гибридизация *in situ* (FISH) и иммуноокрашивание позволяет определять на цитологических препаратах локализацию конкретных последовательностей ДНК, либо ДНК определенных районов хромосом, а также районы, содержащие интересующие исследователя белки. В настоящее время возможно одновременное проведение FISH с ДНК-пробами, мечеными 8-ю отдельными флуорохромами. Компьютерная обработка полученных имиджей теоретически позволяет использовать до 255 комбинационно меченых ДНК-проб, однако, исследования, в которых используются такие подходы, требуют детального предварительного описания объекта. Вследствие этого, такой подход при анализе хромосом беспозвоночных животных пока не используется.

Развитие техники лазерной сканирующей микроскопии, оптических систем со структурированным освещением и методов программной деконволюции, позволило перейти к проведению трехмерной микроскопии. Необходимо учитывать, что практическое применение этих методов требует использования флуоресцентных красителей и маркеров, вследствие этого при анализе пространственной организации хромосом и интерфазных ядер беспозвоночных животных современная микроскопия ограничена трехмерным анализом результатов проведения FISH или иммуноокрашивания.

Следует также отметить ограничения световой микроскопии, обусловленные пределом Аббе. Несмотря на создание оптических приборов (4π и STED-микроскопия), использование которых позволяет в несколько раз превысить предел Аббе, их применение в современных исследованиях оказалось проблематичным в связи резким падением интенсивности сигнала, идущего из индивидуального воксела. Таким образом, максимально возможное разрешение оптического анализа и сегодня не превышает 0,2 мкм, что в большинстве случаев изучения фиксированных хромосом оказывается вполне достаточно, так как при приготовлении цитологических препаратов хромосом, обычно происходит смещение нитей ДНК на 0,3-0,5 мкм. Т.е., реальные ограничения в разрешении микроскопического анализа в настоящее время обусловлены не микроскопической техникой, а приготовлением цитологических препаратов.

СРАВНИТЕЛЬНАЯ ЦИТОГЕНЕТИКА БЕСПОЗВОНОЧНЫХ ЖИВОТНЫХ:
МЕТОДИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ

Рубцов Н.Б.

Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева, 10, e-mail: rubt@bionet.nsc.ru и Новосибирский государственный университет, г. Новосибирск, 630090, улица Пирогова, 2

COMPARATIVE CYTOGENETICS OF THE INVERTEBRATES: TECHNICAL
APPROACH

Rubtsov, N.B.

Возможности проведения анализа хромосом у беспозвоночных животных во многом определяются техническими возможностями приготовления препаратов митотических и мейотических хромосом и последующей идентификацией их районов. У ряда видов возможности такого анализа значительно расширены благодаря формированию в клетках некоторых тканей политенных хромосом. Анализ дисковой структуры политенных хромосом позволяет проводить их описание и сравнительный анализ с разрешением на два порядка более высоким, чем описание и сравнение GTG-дифференциально окрашенных хромосом млекопитающих. К сожалению, цитогенетический анализ хромосом других видов беспозвоночных значительно осложнен. В ряде случаев серьезную проблему представляет получение цитологических препаратов хромосом, и практически для всех видов отсутствуют возможности дифференциального окрашивания С-негативных районов хромосом.

Выявление С-положительных районов также позволяет описывать только локализацию и размеры участков хромосом, обогащенных повторными последовательностями ДНК. В комбинации с интеркалирующими красителями, имеющими различное сродство с ГЦ- и АТ-богатыми участками ДНК, С-бэндинг дает возможность определить, к какому из вариантов (АТ- или ГЦ-богатой) ДНК относятся повторные последовательности С-позитивных районов. Вопрос о гомологии ДНК разных С-позитивных районов лежит далеко за пределами возможностей этих методов.

Клонирование повторных последовательностей и последующее проведение флуоресцентной гибридизации *in situ* (FISH) повторных последовательностей ДНК с хромосомами изучаемых видов позволяет описывать распределение гомологичных повторных последовательностей в хромосомах одного вида, в хромосомах видов, принадлежащих к тому же таксону, а в отдельных случаях и в хромосомах видов, принадлежащих к разным таксонам. Наиболее успешным оказалось использование таких консервативных повторных последовательностей, как рДНК и теломерная ДНК. Использование других клонированных повторов оказалось эффективным преимущественно при сравнительном анализе близкородственных видов. Сравнительный анализ состава ДНК С-позитивных районов оказался также возможен при получении микродиссекционных ДНК-библиотек и последующего их использования для проведения FISH или секвенирования, входящих в их состав фрагментов ДНК.

Эффективность использования ДНК-проб, полученных из индивидуальных хромосом, сильно варьирует у представителей разных таксонов в зависимости от размеров их геномов. Этот подход оказался эффективным только для видов с малыми размерами геномов. У остальных видов большое число диспергированных повторных последовательностей сделало невозможным проведение супрессионной FISH со стандартными пэйтинг пробами. В докладе обсуждаются новые подходы для получения хромосомоспецифичных ДНК-проб, обобщен опыт изучения молекулярной организации хромосом описторхид, хирономид, саранчовых и других видов насекомых.

ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ПОЛИМОРФИЗМА ПРИЦЕНТРОМЕРНОГО
ГЕТЕРОХРОМАТИНА ПРИРОДНОЙ ПОПУЛЯЦИИ МАЛЯРИЙНЫХ КОМАРОВ
ANOPHELES MESSEAE FALL. (DIPTERA, CULICIDAE)

Русакова А.М., Артемов Г.Н., Стегний В.Н.

Научно-исследовательский институт биологии и биофизики Томского государственного университета, г. Томск 634050, пр. Ленина, 36, e-mail: center_cu@res.tsu.ru

THE CYTOGENETIC ANALYSIS OF PERICENTROMERIC HETEROCHROMATIN
POLYMORPHISM IN NATURAL POPULATION OF *ANOPHELES MESSEAE* FALL.
(DIPTERA, CULICIDAE)

Rusakova, A.M., Artemov, G.N., Stegnyy, V.N.

Anopheles messeae Fall. - самый распространённый вид комплекса *Anopheles maculipennis*, заселяет почти всю Палеарктику с её разнообразными климатическими условиями. Как было показано ранее, вид обладает широким спектром адаптивных возможностей. Установлено, что для *An. messeae* характерен полиморфизм прицентромерного гетерохроматина (ПГХ) хромосомы 2 питающих клеток яичников. Выделяют четыре варианта блока ПГХ, которые различающиеся по толщине: одинарный, двойной, тройной и четверной. Исследования природных популяций *An. messeae* показало, что, кроме гомозиготных самок с одинаковыми размерными вариантами блока ПГХ, в обоих гомологах хромосомы 2 встречаются гетерозиготные особи с различными вариантами блока ПГХ.

В данном исследовании приведены результаты изучения полиморфизма ПГХ *An. messeae* в период с 1998 по 2005 год. Исследование проводилось в природной популяции с. Коларово, расположенного в 30 км от г. Томска.

Особенностью частотного распределения вариантов блока ПГХ в выборках с 1998 по 2005 гг. является преобладание во всех выборках особей с двойным вариантом блока ПГХ. Отмечается постепенное снижение в популяции частот одинарных вариантов. Самки с тройным вариантом блока ПГХ не выявлены в выборках 1999 и 2003 гг. С четверным вариантом блока самки не обнаружены ни в одной выборке. Анализ средних значений длины блока ПГХ в выборках 1998-2005 гг. показал, что наименьшее среднее значение наблюдалось в 1999 г. и составило 1,57 мкм; максимальное значение средних было в выборках 2004 и 2005 гг.: 2,77 мкм и 2,76 мкм соответственно. Статистическая обработка данных выявила, что выборки 2004-2005 гг. не отличаются между собой, и в свою очередь эти выборки отличаются от всех остальных. Выборка 1999 г. отличается от выборок 1998 г., 2000-2005 гг. Выборка 2000 г. отличается от выборок 1998, 2004 и 2005 гг. и не отличается от выборок с 2001-2003 год. Выборки 2002 и 2003 гг., также как 2004 и 2005 гг., не отличаются на принятом уровне значимости.

Таким образом, изучение полиморфизма природных популяции по размерам блоков прицентромерного гетерохроматина хромосомы 2 *An. messeae* в период с 1998 по 2005 гг. показало пространственно-временную динамику, проявляющуюся в межгодовом изменении частот размерных вариантов блоков прицентромерного гетерохроматина.

Работа выполнена при поддержке грантов НК- 191.

ФИЛОГЕОГРАФИЯ: ВПЕРЕД В ПРОШЛОЕ?

Сергеев М. Г.

*Новосибирский государственный университет, г. Новосибирск, 630090, ул. Пирогова, 2
и Институт систематики и экологии животных СО РАН, г. Новосибирск, 630091, ул.
Фрунзе, 11, e-mail: mgs@fen.nsu.ru*

PHYLOGEOGRAPHY: FORWARDS TO THE PAST?

Sergeev, M. G.

Познание прошлого изучаемого таксона — мечта любого исследователя. Но на этом пути стоит ряд препятствий. Наиболее существен недостаток палеонтологических материалов, относящихся к четвертичному периоду, а в значительной степени и к кайнозой в целом. Это заставляет опираться на принцип актуализма и использовать данные (1) по характеру современного распределения видов и надвидовых таксонов по природным регионам и ландшафтам, (2) те или иные оценки сходства–различия таксонов и (3) интерпретировать их в сопоставлении с палеогеографическими данными. Такой подход позволяет очертить лишь главные этапы и направления биогеографической истории группы. Более точная картина может быть получена либо на основе представительных палеонтологических материалов, либо для очень удобного модельного региона (например островов), либо при наличии каких-то реперных точек (например эксклавов) или исторических маркеров (таких как кормовые растения).

Данные о современном распределении таксонов используются широко, но при этом биота часто отрывается от реального географического пространства и, по сути дела, рассматривается как эволюционирующая в каком-то пустом либо очень простом пространстве. Часто весь пространственный анализ ограничивается элементарной привязкой к перемещающимся (в соответствии с мобилистскими представлениями) континентальным массивами. Споры между сторонниками викариантного и дисперсалистского объяснений во многом надуманы, поскольку очевидно, что в истории таксона может проследиваться и дивергенция, и расселение. Эволюционистами, да и вообще биологами, в первую очередь недоучитывается сложность организации географического пространства.

В аспекте использования оценок сходства–различия важна появившаяся в конце XX в. возможность изучения пространственного распределения генеалогических групп, выделенных главным образом по сходству митохондриальной ДНК в рамках интенсивно развивающейся филогеографии (Avice et al., 1987; Hewitt, 2004; Riddle, 2009 и др.). Вместе с тем во многих работах данного направления прослеживаются, во-первых, уже отмеченные проблемы, связанные с упрощением географического пространства, во-вторых, стремление к «дихотомичным» и монофилетическим интерпретациям, а в-третьих, очевидным исключением из реконструкций вымерших и(или) рецентных неизученных форм.

В целом одним из важнейших результатов любой попытки реконструкции прошлого таксона должен быть прогноз его возможного изменения в будущем, причем не только с филогенетической, но и с эколого-географической точки зрения. Это определяет необходимость формирования целостного представления о таксоне. Понятно, что результативность оценок перспектив определяется не только точностью наших представлений о событиях, происходивших в предшествующие эпохи, и о современном расселении таксона, но и качеством моделей будущих изменений природной среды.

СОВРЕМЕННЫЕ ПРЕДСТАВЛЕНИЯ ОБ ОРГАНИЗАЦИИ ТЕЛОМЕРНЫХ
РАЙОНОВ ХРОМОСОМ ЭУКАРИОТ

Трифонов В.А.

*Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, Новосибирск,
630090, Пр.ак. Лаврентьева,10, E-mail: vlad@mcb.nsc.ru*

MODERN CONCEPTS OF EUKARYOTE TELOMERE ORGANIZATION

Trifonov, V.A.

Теломеры – это нуклеопротеидные комплексы на концах линейных хромосом эукариот. Они позволяют клеточным механизмам отличать повреждения ДНК от естественных концов хромосом и защищают хромосомы от деградации. Большинство эукариот имеет похожую первичную структуру теломерных районов ДНК, состоящую из многократно повторенных пента-, гекса- или гептамеров, но имеются и виды, обладающие уникальной структурой теломерной ДНК. У высших эукариот хроматин теломер организован в специфические структуры, характеризующиеся регулярными и необычно близко расположенными нуклеосомами. Обычно теломерная ДНК синтезируется специальной обратной транскриптазой (теломеразой), но существуют и теломеразо-независимые пути синтеза теломер. Потеря теломер ведет к хромосомным перестройкам, связанным со злокачественными перерождениями и старением. Расширение знаний о структуре, функционировании и эволюции теломерных районов имеет значительный интерес как прикладной, так и фундаментальной биологии.

ТАНДЕМНЫЕ ПОВТОРЫ В СОСТАВЕ ДНК ХРОМОЦЕНТРА ТРОФОЦИТОВ

DROSOPHILA ORENA (DIPTERA, DROSOPHILIDAE)

Усов К.Е., Шелковникова Т.А., Стегний В.Н.

Научно-исследовательский институт биологии и биофизики Томского государственного университета, г. Томск, 634050, пр. Ленина, 36, e-mail: gene@res.tsu.ru

TANDEM REPEATS IN THE DNA OF THE NURCE CELL CHROMOCENTER OF

DROSOPHILA ORENA (DIPTERA, DROSOPHILIDAE)

Usov, K.E., Shelkovnikova, T.A., Stegnyy, V.N.

В настоящее время стало очевидным, что для понимания принципов функционирования генома эукариот необходима полная информация о составе его последовательностей, причем, не только эухроматинового, но и гетерохроматинового домена. Однако состав ДНК гетерохроматинового домена генома эукариот изучен недостаточно. Согласно одной из схем филогенеза подгруппы *melanogaster* (Стегний, Вассерлауф, 1994), *D. orena* (Tsacas, David) является анцестральным видом для всей подгруппы. Среди видов этой подгруппы особняком стоит вид *D. orena*, геном которого значительно больше, чем геномы всех остальных видов подгруппы, в основном, за счет повышенного содержания гетерохроматина. Вид *D. orena* замечателен еще и тем, что, в отличие от остальных видов подгруппы *melanogaster*, хромоцентр у него образуется и в ядрах трофоцитов яичников. Известно, что гетерохроматин в ядрах клеток генеративной ткани *Drosophila* представлен в гораздо большей степени, чем в соматических тканях (Mal'ceva, Zhimulev, 1993). Таким образом, изучение состава ДНК хромоцентра трофоцитов *D. orena* может дать общее представление об организации гетерохроматина у этого вида. В то время как другие виды подгруппы *melanogaster* интенсивно изучаются, вид *D. orena* остается практически не изученным, данные о последовательностях его генома отсутствуют в литературе. Методом микродиссекции с последующей ДОР – ПЦР была получена районспецифичная библиотека ДНК хромоцентра трофоцитов *D. orena*. В результате клонирования в плазмидном векторе фрагментов районспецифичной библиотеки ДНК хромоцентра трофоцитов *D. orena* был получен набор клонов, после чего проведено их секвенирование. В результате для дальнейшего компьютерного анализа было отобрано 76 фрагментов. Одним из этапов анализа состава ДНК хромоцентра *D. orena* был поиск тандемных повторов, т.к. известно, что они являются одним из основных составляющих компонентов гетерохроматина (Plohl et al., 2008). Все 76 фрагментов библиотеки были проанализированы на наличие тандемных повторов при помощи программы «Tandem Repeats Finder» Program Version 4.00 (Benson, 1999). В результате, внутри 4 фрагментов были найдены тандемно повторенные последовательности длиной от 19 до 39 п.н., причем один из этих фрагментов содержал в себе два повтора, вложенных один в другой. Обнаруженные в составе библиотеки тандемные повторы относятся к минисателлитам, согласно классификации тандемных повторов приведенной в работе S.Wang с соавторами (2008). В целом надо сказать, что тандемные повторы могут составлять огромные по протяженности участки хромосом и гетерохроматина, но, тем не менее, они были обнаружены только внутри четырех из 76 проанализированных фрагментов библиотеки ДНК хромоцентра. Возможно, это связано с тем, что у *D. orena* короткие тандемные повторы не занимают таких обширных участков гетерохроматина, как, например, у *D. melanogaster* (Mg). Кроме того, гетерохроматин *D. orena* может содержать большое количество длинных тандемных повторов, тогда как фрагменты библиотеки относительно небольшие по размеру (в среднем 200–250 п.н.).

Работа выполнена при финансовой поддержке: Грант РФФИ №10-04-01059; Проект №2.1.1/774.

ИЗМЕНЕНИЕ РАБОТЫ АКТИВНЫХ УЧАСТКОВ ПОЛИТЕННЫХ ХРОМОСОМ
CHIRONOMUS (DIPTERA) ПОД ДЕЙСТВИЕМ ХОЛИНОТРОПНЫХ ПРЕПАРАТОВ

Фёдорова И.А., Полуконова Н.В.

Саратовский государственный медицинский университет, г. Саратов, 410012, ул.
Большая Казачья, 112, e-mail: ecoton@rambler.ru

FUNCTIONING CHANGE OF THE *CHIRONOMUS* (DIPTERA) POLYTENE
CHROMOSOMES ACTIVE SITES UNDER THE INFLUENCE OF CHOLINOTROPIC
PREPARATIONS

Fyodorova, I.A., Polukonova, N.V.

Холинотропные препараты - пилокарпин и атропин – алкалоиды с противоположным действием на вегетативную нервную систему и секрецию слюнных и других желёз: м-холиномиметик (пилокарпин) стимулирует секреторную деятельность, м-холиноблокатор (атропин) - угнетает (Levin, 1992; Busch, Borda, 2007). Индикатором воздействия на субклеточном уровне служат изменения в ядрах интерфазных клеток человека и животных (Тимошевский, Назаренко, 2005). Уникальный модельный объект для анализа изменений функциональной активности интерфазных хромосом представляют политенные хромосомы (ПХ) клеток слюнных желез личинок двукрылых насекомых, постоянно находящиеся в интерфазном состоянии (Кикнадзе и др., 1996; Полуконова, Белянина, 2006).

Цель исследования: установить характер и степень воздействия холинотропных препаратов на функционирование активных участков политенных хромосом слюнных желез личинок *Chironomus plumosus* Linnaeus (1758) *in vivo* в остром эксперименте.

В ходе выполнения работы было показано, что ведущим показателем служит активность ядрышкового организатора (ЯО), ответственного за поддержание клеточного гомеостаза, который работает наиболее стабильно, в 97–99% клеток. Уменьшение значений индекса ЯО может служить критерием токсического действия на субклеточном уровне. При акклимации личинок *Ch. plumosus* к лабораторным условиям происходит: повышение функциональной активности всех КБ, увеличение количества работающих КБ_G и пуфа плеча В и изменение картины пуфинга. В период акклимации наиболее вариабелен индекс компактности, наиболее стабильно работает ЯО. Обнаружено, что атропин в остром периоде в целом снижает функциональную активность ПХ, а пилокарпин – повышает. Адекватно воздействию холинотропных препаратов меняются значения индексов активности ЯО и КБ_B в отличие от индексов активности КБ_G и пуфа плеча В, характер изменений которых не согласован.

Установлена зависимость активности ряда участков ПХ от генотипических характеристик личинок: увеличение активности КБ_B у личинок с гомо- и гетерозиготной инверсией pl_u B2 по сравнению с личинками, гомозиготными по последовательности pl_u B1; уменьшение активности КБ_{2G} при возрастании числа гетерозиготных инверсий в кариотипе; изменчивость ЯО у личинок с разными генотипическими комбинациями (pl_u A1.2 D1.4 и pl_u B1.2D1.4, pl_u A1.2B1.2D1.4 и pl_u B1.2D1.4, pl_u A1.2B1.2 и pl_u B1.2D1.4), что указывает на индивидуальные особенности реакции особей на основе естественного генетического полиморфизма и свидетельствуют о работе генома как единой сбалансированной системы.

ХРОМОСОМНЫЙ ПОЛИМОРФИЗМ ВИДОВ РОДА *CHIRONOMUS* ГРУППЫ
PLUMOSUS (DIPTERA, CHIRONOMIDAE) УРАЛЬСКИХ ПОПУЛЯЦИЙ

Филинкова Т.Н.

Уральский государственный педагогический университет, г. Екатеринбург, 620017,
пр. Космонавтов, 26, e-mail: filink_57@mail.ru

CHROMOSOMAL POLYMORPHISM OF GENUS *CHIRONOMUS*
OF *PLUMOSUS*-GROUP (DIPTERA, CHIRONOMIDAE) OF POPULATIONS OF URAL

Filinkova, T.N.

Изучен видовой состав, хромосомный и геномный полиморфизм представителей рода *Chironomus* группы *plumosus* из 19 водоемов Северного, Среднего, Южного Урала и Южного Зауралья. Сбор личинок, их фиксацию и кариологический анализ проводили по общепринятым методикам. Во всех изученных популяциях, кроме североуральской, отмечен *Ch. plumosus* Linnaeus (1758), в ряде водоемов симпатрично с ним отмечен *Ch. entis* Shobanov (1989). Доля личинок *Ch. entis* в водоемах Среднего Урала колеблется в пределах 10%, в отдельных водоемах Южного Урала и Южного Зауралья его доля может составлять более 50%. В нескольких водоемах Среднего Урала, занимающих пограничное положение с Северным Уралом, совместно с *Ch. plumosus* встретился другой близкородственный вид *Ch. borokensis* Kerkis et al. (1988). Доля личинок *Ch. borokensis* в данных водоемах может составлять более 90%. Единичные личинки *Ch. borokensis* встретились в некоторых водоемах, расположенных гораздо южнее. В единственной изученной на сегодняшний день североуральской популяции отмечен только *Ch. borokensis*. В одном из среднеуральских водоемов совместно с *Ch. plumosus* и *Ch. entis* отмечен еще один близкородственный вид *Ch. curabilis* Beljanina et al. (1990). Обнаружено 11 личинок *Ch. curabilis*, кариотипы всех личинок оказались мономорфными. Изучение хромосомного полиморфизма *Ch. plumosus* выявило гетерозиготные инверсии в хромосомных плечах А,В,С,Д,Е. Плечо G во всех изученных популяциях имело стандартный порядок дисков. Число гетерозиготных инверсий на особь у *Ch. plumosus* в среднеуральских популяциях составило 0,8-1,3, в большинстве южноуральских и южнозауральских популяциях – 0,2-1,0. У *Ch. entis* инверсии в гетерозиготном состоянии отмечены в основном в плече А. Число гетерозиготных инверсий на особь у *Ch. entis* в южноуральских и южнозауральских популяциях составляет 0,16-0,47, по данным других авторов эта величина для указанных регионов изменяется примерно в тех же пределах, 0,3-0,5 (Кикнадзе и др., 1991; Белянина и др., 1992; Гундерина и др., 1999). Для среднеуральских популяций, в связи с небольшим числом изученных особей, число гетерозиготных инверсий на особь у *Ch. entis* не подсчитывалось. У *Ch. borokensis* инверсии в гетерозиготном состоянии отмечены в хромосомных плечах А,В,С,Д, число гетерозиготных инверсий на особь составляет 0,2-0,7. У *Ch. plumosus* в восьми водоемах обнаружены в кариотипе В-хромосомы. Количество особей с В-хромосомой в разных водоемах составляет 1,4-14,9%. Наибольшее количество особей *Ch. plumosus* с В-хромосомой обнаружено в сильно обмелевшем пруду глубиной 0,2 – 0,3 м. По мнению ряда авторов присутствие в кариотипе В-хромосомы является приспособлением к условиям среды (Чубарева, Петрова, 1984; Ильинская, Петрова, 1985; Кикнадзе и др., 1996; Сиирин и др., 2003). У *Ch. entis* В-хромосомы отмечены в двух водоемах, количество особей с В-хромосомой составляет 2,6-2,9%. В единичных случаях у *Ch. plumosus* отмечено нарушение конъюгации во всех длинных гомологах, у одной особи наблюдалась полная расконъюгация всех длинных гомологов, то есть наглядно можно было видеть $2n=8$. Для хромосом североуральской популяции и водоемов, занимающих пограничное положение с Северным Уралом, характерна компактизация хроматина, отмеченная нами ранее у хирономид, обитающих в условиях Полярного Урала.

ФИЛОГЕОГРАФИЯ БАБОЧЕК-ГОЛУБЯНОК ГРУППЫ *AGRODIAETUS CYANEUS* (LEPIDOPTERA, LYCAENIDAE) ПО ДАННЫМ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО И ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА

Шаповал Н.А., Луктанов В.А.

Зоологический институт РАН, г. С.-Петербург, 199034, Университетская наб., 1 и Биолого-почвенный факультет, С.-Петербургский государственный университет, 199034, С.-Петербург, Университетская наб., 7/9, e-mail: nazaret@bk.ru, lukhtanov@mail.ru

PHYLOGEOGRAPHY OF *AGRODIAETUS CYANEUS* COMPLEX (LEPIDOPTERA, LYCAENIDAE) REVEALED BY MOLECULAR AND CYTOGENETIC ANALYSIS

Shapoval, N.A., Lukhtanov, V. A.

Agrodiaetus Hübner, 1822 – это крупный род бабочек-голубянок, который включает более 120 видов, обитающих преимущественно в Передней и Центральной Азии. Большинство видов плохо различаются по признакам, которые традиционно используются в систематике чешуекрылых, таким как окраска крыльев и строение гениталий. В то же время число хромосом видоспецифично и варьирует у разных видов от $n=10$ до $n=134$ в гаплоидном наборе. По этой причине кариотип стал неотъемлемой частью диагностики таксонов и описания новых видов. Однако таксономическая интерпретация кариологических данных не всегда бывает однозначной, и в таких случаях полезным оказывается привлечение методов молекулярной филогенетики.

Группа *A. cyaneus* Staudinger включает в себя около 15-20 близкородственных таксонов неясного таксономического статуса. Нами проведен таксономический, популяционно-генетический и филогенетический анализ иранских представителей этой группы, основанный на изучении митохондриального и ядерного маркеров, а также кариотипов. В качестве молекулярных маркеров были использованы фрагмент митохондриального гена цитохром оксидазы (*COI*) и ядерная последовательность *ITS2* - спейсерный некодирующий участок между рибосомальными генами *5.8s rRNA* и *28s rRNA*. Ядерные и митохондриальные признаки имеют заведомо независимую природу наследования, и тем самым они представляют собой идеальный инструмент для решения вопросов о природе внутривидовой и межвидовой изменчивости. На основании анализа митохондриального маркера было установлено, что в северном Иране морфологически идентичные особи из группы *A. cyaneus* образуют три чётко дифференцированных кластера, что может быть обусловлено как межвидовыми различиями, так и внутривидовым генетическим полиморфизмом. Анализ ядерного маркера *ITS2* для тех же таксонов позволил выявить только 2 дискретных кластера. Обнаруженный нами паттерн распределения митохондриальных и ядерных гаплотипов был объяснен наличием нового для науки, криптоического вида *A. shahkuhensis* Lukhtanov, Shapoval & Dantchenko и произошедшей митохондриальной интрогрессии, в ходе которой митохондрии вида *A. kendeveni* были частично замещены митохондриями *A. cyaneus*. Видовая самостоятельность таксона *A. shahkuhensis* была подтверждена также данными кариологического анализа, показавшего наличие фиксированных хромосомных различий между симпатрическими популяциями *A. shahkuhensis* и *A. cyaneus*.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (гранты 09-04-01234, 08-04-00787 и 08-04-00295), программ президиума РАН «Генофонды и генетическое разнообразие» и «Происхождение биосферы и эволюция гео-биологических систем» и гранта президента РФ для поддержки ведущих научных школ (НШ-963.2008.4).

ОСОБЕННОСТИ ВИДООБРАЗОВАНИЯ В БУКЕТАХ ВИДОВ
С ТОЧКИ ЗРЕНИЯ ГЕНОСИСТЕМАТИКИ

Щербаков Д.Ю.^{1,2}, Кравцова Л.С.¹, Перетолчина Т.Е.¹

¹Лимнологический институт СО РАН, Иркутск, 664033, ул. Улан-Баторская, 3, e-mail: dysh007@gmail.com, ²Иркутский государственный университет, Иркутск

PECULIARITIES OF SPECIATION IN SPECIES BOUQUETS FROM THE VIEWPOINT
OF GENOSYSTEMATICS

Sherbakov, D.Yu., Kravtsova, L.S., Peretolchina, T.E.

Значительная часть видового разнообразия Байкала и других гигантских древних озер приходится на букеты видов, для которых характерно исключительное богатство форм и высокая скорость адаптивной радиации. Систематика таких групп часто очень сложна, взгляды таксономистов переменчивы, а механизмы, запускающие столь быструю эволюцию — во многом еще непонятны. В последнее время проводятся многочисленные исследования видов, образующих букеты, на популяционном уровне, когда каждый вид представлен не несколькими нуклеотидными последовательностями, а большим количеством образцов из различных участков ареала. Это позволило соотнести межвидовое генетическое разнообразие таксономически богатых групп с внутривидовым разнообразием входящих в них видов, и приступить к сравнению наблюдаемой картины с традиционными представлениями. Отличительными чертами букетов видов оказались:

- неполное разделение предковых линий гаплотипов. В особенности это характерно для нуклеотидных последовательностей генов, расположенных в митохондриальной ДНК. Это приводит к кажущейся полифилетичности некоторых молодых видов;
- сильное смещение (увеличение) доли внутривидового полиморфизма относительно межвидового при сравнении сестринских видов. Это обстоятельство позволяет провести приблизительную оценку скорости дивергенции этих видов;
- относительное обилие политомий, которое, впрочем, в большинстве случаев можно просто объяснить протяженностью ареалов.

На основании сравнения данных, полученных при исследовании различных видов животных Байкала и других древних озер, а также при сравнении этих данных с аналогичными исследованиями на относительно бедных видами группах, можно предположить, что общими чертами механизмов эволюции в рамках букетов видов являются:

- быстрые скорости видообразования (менее десяти тысяч лет от панмиктической популяции до устойчивого репродуктивного барьера);
- быстрая замена признаков при видообразовании;
- короткие времена существования видов до начала следующих дивергентных процессов;
- богатство вариантов филетической эволюции между периодами видообразования.

Работа выполнена при поддержке гранта № РФФИ 09-04-00972-а.

СПИСОК УЧАСТНИКОВ КОНФЕРЕНЦИИ

- Алёшин В.В. Научно-исследовательский институт физико-химической биологии им. А.Н. Белозерского Московского государственного университета им.М.В. Ломоносова, Ленинские горы, 119991 Москва, РОССИЯ
Aleshin@genebee.msu.su
- Ананьина Т.В. Научно-исследовательский институт биологии и биофизики Томского государственного университета, пр. Ленина 36, 634050 Томск, РОССИЯ
center_cu@res.tsu.ru
- Анохин Б. А. Зоологический институт РАН, Университетская наб. 1, Санкт-Петербург 199034, РОССИЯ
cnidaria@nm.ru
- Артемов Г.Н. Томский государственный университет, пр.Ленина 36, 634050 Томск, РОССИЯ
center_cu@res.tsu.ru
- Бады-Хоо М.С., Новосибирский государственный университет, ул. Пирогова 2, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
- Барджадзе Ш. З. Институт зоологии Государственного университета Ильи, пр. Чавчавадзе 31, 0179 Тбилиси, ГРУЗИЯ
shalva1980@yahoo.com
- Бахтадзе Г. И. Институт зоологии государственного университета Ильи, пр. Чавчавадзе 31, 0179 Тбилиси, ГРУЗИЯ
gbakh@caucasus.net
- Бахтадзе Н. Г. Институт зоологии Государственного университета Ильи, пр. Чавчавадзе 31, 0179 Тбилиси, ГРУЗИЯ
nanabakhtadze@yahoo.com
- Башева Е.А. Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева 10, РОССИЯ
- Беянина С.И. Саратовский государственный медицинский университет, ул. Большая Казачья 112, 410012 Саратов, РОССИЯ
olga_sinichkina@mail.ru
- Боверо С. Туринский университет, ул. Академия Албертина 13, 10123 Турин, ИТАЛИЯ
- Богданов Ю.Ф. Институт общей генетики им. Н.И.Вавилова РАН, ул. Губкина 3, 119991 Москва, РОССИЯ
yubogdanov@vigg.ru
- Бородин П.М. Институт цитологии и генетики СО РАН пр. Академика Лаврентьева 10; Новосибирский государственный университет, ул. Пирогова, 2, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
borodin@bionet.nsc.ru

- Брошков А.Д. Новосибирский государственный университет, ул. Пирогова 2, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
broshkov@mail.ru
- Бугров А.Г. Институт систематики и экологии животных СО РАН, ул. Фрунзе 11, 630091 Новосибирск; Новосибирский государственный университет, ул. Пирогова 2, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
bugrov04@yahoo.co.uk
- Букин Ю.С. Лимнологический институт СО РАН, ул. Улан-Баторская 3, 664033 Иркутск, РОССИЯ
bukinyura@mail.ru
- Вархаловска-Слива Э. Отделение экспериментальной зоологии, Институт систематики и эволюции животных ПАН, ул. Славковская 17, 31-016 Краков, ПОЛЬША
warchalowska@isez.pan.krakow.pl
- Вассерлауф И.Э. Научно-исследовательский институт биологии и биофизики Томского государственного университета, пр. Ленина 36, 634050 Томск, РОССИЯ
gene@res.tsu.ru
- Ведерников А.Е. Научно-исследовательский институт биологии и биофизики Томского государственного университета, пр. Ленина 36, 634050 Томск, РОССИЯ
center_cu@res.tsu.ru
- Вершинин А.В. Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, пр. Академика Лаврентьева 8, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
vershinin@mcb.nsc.ru
- Вершинина А.О. Зоологический институт РАН, Университетская наб. 1, 199034 Санкт-Петербург, РОССИЯ
vershinina.alice@gmail.com
- Винокурова Н.В. Российский государственный университет им. И. Канта, ул. Университетская, 2, 236000 Калининград, РОССИЯ,
aidaspost@mail.ru
- Вишневская М.С. Кафедра энтомологии, Санкт-Петербургский государственный университет, Университетская наб. 7/9, 199034 Санкт-Петербург, РОССИЯ
wishm@yandex.ru
- Власенко Р.П. Житомирский государственный университет им. Ивана Франко, ул. Б. Бердичевская, 40 10008 Житомир, УКРАИНА
saguaroklub@mail.ru
- Высоцкая Л.В. Новосибирский государственный университет, ул. Пирогова 2, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
vysot@fen.nsu.ru

- Вюлкер В. Битценматте 9, В79249 Мерцхаузен, ГЕРМАНИЯ
Wolfgang.wuelker@biologie.uni-freiburg.de
- Гаврилов И.А. Зоологический институт РАН, Университетская наб. 1, 199034
Санкт-Петербург, РОССИЯ, *coccids@gmail.com*
- Гарбар А.В. Житомирский государственный университет им. Ивана Франко,
ул. Б. Бердичевская 40, 10008 Житомир, УКРАИНА
saguaroklub@mail.ru
- Гарбар Д.А. Житомирский государственный университет им. Ивана Франко,
ул. Б. Бердичевская 40, 10008 Житомир, УКРАИНА
saguaroklub@mail.ru
- Голыгина В.В. Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, 630090,
пр. Академика Лаврентьева, 10, РОССИЯ,
nika@bionet.nsc.ru
- Гохман В.Е. Ботанический сад, Московский государственный университет им.
М.В.Ломоносова, Ленинские горы, 119991 Москва, РОССИЯ
gokhman@bg.msu.ru
- Гришанин А.К. Институт общей генетики им. Н.И.Вавилова РАН, ул. Губкина 3,
119991 Москва, РОССИЯ
andreygrishanin.mail.ru
- Грозева С. Институт зоологии БАН, бул. Царя Освободителя 1, 1000 София,
БОЛГАРИЯ
sgrozeva@yahoo.com
- Гуляева О.С. Новосибирский государственный университет, ул. Пирогова 2,
630090 Новосибирск, РОССИЯ
- Гундерина Л.И. Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, 630090,
пр. Академика Лаврентьева 10, РОССИЯ
gund@bionet.nsc.ru
- Гусаченко А.М. Новосибирский государственный университет, ул. Пирогова 2,
630090 Новосибирск, РОССИЯ
cytolog@fen.nsu.ru
- Гусев В.Д. Институт математики СО РАН, 630090 Новосибирск,
пр. Академика Коптюга 4, РОССИЯ
- Дашкевич О.А. Новосибирский государственный университет, ул. Пирогова 2,
630090 Новосибирск, РОССИЯ
- Дементьева Е.В. Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, 630090,
пр. Академика Лаврентьева 10, РОССИЯ
dementyeva_elena@mail.ru
- Демин А.Г. Саратовский государственный медицинский университет, ул.
Большая Казачья, 112, 410012 Саратов, РОССИЯ
ecoton@rambler.ru

- Джетыбаев И.Е. Институт цитологии и генетики СО РАН, пр. Академика Лаврентьева 10, 630090 Новосибирск; Институт систематики и экологии животных СО РАН, ул. Фрунзе 11, 630091 Новосибирск, РОССИЯ
jetybayev@mail.ru
- Дзюбенко В.В. Институт систематики и экологии животных СО РАН, ул. Фрунзе 11, 630091 Новосибирск; Новосибирский государственный университет, ул. Пирогова 2, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
victoriad@mail.ru
- Дурнова Н.А. Саратовский государственный медицинский университет, ул. Большая Казачья 112, 410012 Саратов, РОССИЯ
ndurnova@mail.ru
- Елисафенко Е.А. Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева 10, РОССИЯ
antares@bionet.nsc.ru
- Ермолаева О.В. Новосибирский государственный университет, ул. Пирогова 2, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
ksu@fen.nsu.ru
- Жимулёв И.Ф. Отдел молекулярной и клеточной биологии, Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, пр. Академика Лаврентьева, 8, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
zhimulev@mcb.nsc.ru
- Жуковская Н.А. Институт зоологии Государственного университета Ильи, пр. Чавчавадзе 31, 0179 Тбилиси, ГРУЗИЯ
natakvr@rambler.ru
- Загоскин М.В., Институт общей генетики им. Н.И.Вавилова РАН, ул. Губкина 3, 119991 Москва, РОССИЯ
- Задесенец К.С. Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева 10, РОССИЯ
kira_z@bionet.nsc.ru
- Захаренко Л.П. Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, 630090, пр. Академика Лаврентьева 10, РОССИЯ
zakharlp@bionet.nsc.ru
- Иванкина Е.А. Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, пр. Академика Лаврентьева 8, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
zotkevich@mcb.nsc.ru
- Илкова Ю. Институт зоологии БАН, бул. Царя Освободителя 1, 1000 София, БОЛГАРИЯ
juliailkova@yahoo.com
- Исаев В.А. Ивановский государственный университет, пр. Ленина 136,

- 153002 Иваново, РОССИЯ
viam_e@mail.ru
- Истомина А.Г. Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, 630090,
пр. Академика Лаврентьева 10, РОССИЯ
aist@bionet.nsc.ru
- Карагян Г.А. Научный центр зоологии и гидроэкологии НАН Армении,
ул. П.Севака 7, 0014 Ереван, АРМЕНИЯ
gaykaragyan@yahoo.com
- Карамышева Т.В. Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, 630090,
пр. Академика Лаврентьева 10, РОССИЯ
kary@bionet.nsc.ru
- Кармоков М.Х. Государственный Кабардино-Балкарский университет им. Х.М.
Бербекова, Нальчик, РОССИЯ
karmokov_muha@mail.ru
- Катохин А.В. Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, 630090,
пр. Академика Лаврентьева 10, РОССИЯ
- Кикнадзе И.И. Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, 630090,
пр. Академика Лаврентьева 10, РОССИЯ
kiknadze@bionet.nsc.ru
- Кинцурашвили Н. Т. Институт зоологии Государственного университета Ильи, пр.
Чавчавадзе 31, 0179 Тбилиси, ГРУЗИЯ
kintsurashvilinunu@yahoo.com
- Колчанов Н.А. Институт цитологии и генетики СО РАН, пр. Академика
Лаврентьева 10; Новосибирский государственный университет,
ул. Пирогова 2, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
kol@bionet.nsc.ru
- Константинова А.В. Институт общей физики им. А.М. Прохорова РАН, ул. Вавилова
38, Москва, РОССИЯ
- Корниенко О.С. Новосибирский государственный университет, ул. Пирогова 2,
630090 Новосибирск, РОССИЯ
olfa@mail.ru
- Коханенко А.А. Научно-исследовательский институт биологии и биофизики
Томского государственного университета, пр. Ленина, 36,
634050 Томск, РОССИЯ,
center_cu@res.tsu.ru
- Коцюба И.Ю. Житомирский государственный университет им. Ивана Франко,
ул. Б. Бердичевская, 40, 10008 Житомир, УКРАИНА
saguaroklub@mail.ru
- Кравцова Л.С. Лимнологический институт СО РАН, ул. Улан-Баторская 3,
664033 Иркутск, РОССИЯ
- Кремер К. Университет Гётеборга, Институт молекулярной генетики,

- Майнц Д-55099, ГЕРМАНИЯ
- Кръстанов Б. Институт зоологии БАН, бул. Царя Освободителя 1, 1000 София, БОЛГАРИЯ
- Кузнецова В.Г. Зоологический институт РАН, Университетская наб. 1, 199034 Санкт-Петербург, РОССИЯ
karyo@zin.ru
- Кулемзина А.И. Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, пр. Академика Лаврентьева 8, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
- Лактионов П.П. Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, пр. Академика Лаврентьева 8, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
- Лосева Е.М. Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, пр. Академика Лаврентьева 8, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
- Лухтанов, В. А. Зоологический институт РАН, Университетская наб. 1, 199034 Санкт-Петербург; С.-Петербургский государственный университет, Университетская наб., 7/9, 199034, Санкт-Петербург, РОССИЯ
lukhtanov@mail.ru
- Маршак Т.Л. Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН, ул. Вавилова 26, 117808 Москва, РОССИЯ
- Межжерин С.В. Институт зоологии им. И.И. Шмальгаузена НАН Украины, ул. Б. Хмельницкого 15, Киев 01601, УКРАИНА
mez@izan.kiev.ua
- Мирошниченко Л.А. Институт математики СО РАН, Новосибирск, 630090, пр. Академика Коптюга, 4, РОССИЯ
- Михайлов К.В. Научно-исследовательский институт физико-химической биологии им. А.Н. Белозерского Московского государственного университета им. М.В. Ломоносова, Ленинские горы, 119991 Москва, РОССИЯ
- Михайлова П. Институт зоологии БАН, бул. Царя Освободителя 1, 1000 София, БОЛГАРИЯ
michilova@zoology.bas.bg
- Мордвинов В.А. Институт цитологии и генетики СО РАН, пр. Академика Лаврентьева 10, 630090 Новосибирск, РОССИЯ,
mordvin@bionet.nsc.ru
- Морозкин Е.С. Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, пр. Академика Лаврентьева 8, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
- Муха Д.В. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, ул. Губкина, 3, 119991 Москва, РОССИЯ
- Натяганова А.В. Лимнологический институт СО РАН, ул. Улан-Баторская 3,

- 664033 Иркутск, РОССИЯ
avn61@mail.ru
- Некрасова И.В. Санкт-Петербургский государственный университет,
Университетская наб.7/9, 199034 Санкт-Петербург, РОССИЯ
- Немирович-
Данченко Н.М. Томский государственный университет, пр. Ленина 36, 634050
Томск, РОССИЯ,
center_cu@res.tsu.ru
- Никитин М.А. Научно-исследовательский институт физико-химической
биологии им. А.Н. Белозерского Московского государственного
университета им.М.В. Ломоносова, Ленинские горы, 119991
Москва, РОССИЯ
- Онищук И.П. Житомирский государственный университет им. Ивана Франко,
ул. Б. Бердичевская 40, 10002 Житомир, УКРАИНА
saguaroklub@mail.ru
- Перепёлкина
М.П. Институт цитологии и генетики СО РАН, пр. Академика
Лаврентьева 10, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
- Перетолчина
Т.Е. Лимнологический институт СО РАН, ул. Улан-Баторская 3,
664033 Иркутск, РОССИЯ
- Петрова Н.А. Зоологический институт РАН, Университетская наб. 1, 199034
Санкт-Петербург, РОССИЯ
chironom@zin.ru
- Пищелко А.О. Научно-исследовательский институт биологии и биофизики
Томского государственного университета, пр. Ленина 36, 634050
Томск, РОССИЯ
gene@res.tsu.ru, sao_bio@ngs.ru
- Полуконова
Н.В. Саратовский государственный медицинский университет, ул.
Большая Казачья, 112, 410012 Саратов, РОССИЯ,
ecoton@rambler.ru
- Поляков А.В. Институт цитологии и генетики СО РАН, пр. Академика
Лаврентьева 10, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
polyakov@bionet.nsc.ru
- Потехин А.А. Санкт-Петербургский государственный университет,
Университетская наб.7/9, 199034 Санкт-Петербург, РОССИЯ
- Провиз В.И. Лимнологический институт СО РАН, ул. Улан-Баторская, 3,
664033 Иркутск, РОССИЯ
proviz@lin.irk.ru
- Раутиан М.С. Санкт-Петербургский государственный университет,
Университетская наб.7/9, 199034 Санкт-Петербург, РОССИЯ
mrautian@mail.ru
- Рубцов Н.Б. Институт цитологии и генетики СО РАН, пр. Академика
Лаврентьева 10; Новосибирский государственный университет,

- ул. Пирогова 2, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
rubt@bionet.nsc.ru
- Русакова А.М. Научно-исследовательский институт биологии и биофизики
Томского государственного университета, пр. Ленина 36, 634050
Томск, РОССИЯ
center_cu@res.tsu.ru
- Сайфитдинова А.Ф. Кафедра энтомологии, Санкт-Петербургский государственный
университет, Санкт-Петербургский филиал Института общей
генетики им.Н.И.Вавилова РАН, Университетская наб.7/9, 199034
Санкт-Петербург, РОССИЯ
saifitdinova@mail.ru
- Сакаева Г.Р. Новосибирский государственный университет, ул. Пирогова 2,
630090 Новосибирск, РОССИЯ
- Селла Г. Туринский университет, ул. Академия Албертина 13, 10123
Турин, ИТАЛИЯ
- Сергеев М. Г. Институт систематики и экологии животных СО РАН, ул. Фрунзе
11, 630091 Новосибирск; Новосибирский государственный
университет, ул. Пирогова 2, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
mgs@fen.nsu.ru
- Стегний В.Н. Томский государственный университет, пр. Ленина 36, 634050
Томск, РОССИЯ
stegniy@res.tsu.ru
- Тарасова Ю.В. Житомирский государственный университет имени Ивана
Франко, ул. Б. Бердичевская 40, Житомир, 10002 УКРАИНА
saguaroklub@mail.ru
- Торгашева А.А. Институт цитологии и генетики СО РАН, пр. Академика
Лаврентьева 10, 630090 Новосибирск, РОССИЯ
- Трифонов В.А. Институт химической биологии и фундаментальной медицины
СО РАН, пр. Академика Лаврентьева 8, 630090 Новосибирск,
РОССИЯ
vlad@mcb.nsc.ru
- Уайт К. Университет Манчестера, Оксфорд роуд, М13 9РТ Манчестер,
СОЕДИНЕННОЕ КОРОЛЕВСТВО
- Усов К.Е. Научно-исследовательский институт биологии и биофизики
Томского государственного университета, пр.Ленина 36, 634050
Томск, РОССИЯ
gene@res.tsu.ru
- Фёдорова И.А. Саратовский государственный медицинский университет, ул.
Большая Казачья, 112, 410012 Саратов, РОССИЯ
ecoton@rambler.ru
- Филинкова Т.Н. Уральский государственный педагогический университет, пр.
Космонавтов 26, 620017 Екатеринбург, РОССИЯ

fblink_57@mail.ru

- Ханкелн Т. Университет Гётенберга, Институт молекулярной генетики, Д-55099 Майнц, ГЕРМАНИЯ
- Хатухов А.М. Государственный Кабардино-Балкарский университет им. Х.М. Бербекова, Нальчик, РОССИЯ
- Чакветадзе Н.Л. Институт зоологии государственного университета Ильи, пр. Чавчавадзе 31, 0179 Тбилиси, ГРУЗИЯ
chakonino@yahoo.com
- Чернышова Т.М. Житомирский государственный университет им. Ивана Франко, ул. Б. Бердичевская, 40, 10002 Житомир, УКРАИНА,
saguaroklub@mail.ru
- Шаповал Н.А. Зоологический институт РАН, Университетская наб. 1, 199034 Санкт-Петербург; Биолого-почвенный факультет, Санкт-Петербургский государственный университет, Университетская наб. 7/9, 199034, Санкт-Петербург, РОССИЯ
nazaret@bk.ru
- Шартон А.Ю. Российский государственный университет им. И. Канта, ул. Университетская 2, 236000 Калининград, РОССИЯ
aidaspost@mail.ru
- Шевелёва Н.Г. Лимнологический институт СО РАН, ул. Улан-Баторская, 3 664033 Иркутск, РОССИЯ
- Шевчук Т.А., Российский государственный университет им. И. Канта, ул. Университетская 2, 236000 Калининград, РОССИЯ
aidaspost@mail.ru
- Шелковникова Т.А. Научно-исследовательский институт биологии и биофизики Томского государственного университета, пр.Ленина 36, 634050 Томск, РОССИЯ
gene@res.tsu.ru
- Шмидт Е. Университет Гётенберга, Институт молекулярной генетики, Д-55099 Майнц, ГЕРМАНИЯ
- Щербаков Д.Ю. Лимнологический институт СО РАН, ул. Улан-Баторская 3, 664033 Иркутск, РОССИЯ
sherb@lin.irk.ru

LIST OF PARTICIPANTS

- Aleoshin V.V. Belozersky Institute for Physico-Chemical Biology, Lomonosov
Woscow State University, 119991 Moscow, RUSSIA
Aleshin@genebee.msu.su
- Anan'ina T.V. Scientific Research Institute of Biology and Biophysics, Tomsk State
University, Lenin Ave. 36, 634050 Tomsk, RUSSIA
center_cu@res.tsu.ru
- Anokhin B.A. Zoological Institute, RAS, Universitetskaya nab. 1, 199034 St.
Petersburg, RUSSIA
cnidaria@nm.ru
- Artemov G.N. Tomsk State University, Lenin Ave. 36, 634050 Tomsk, RUSSIA
center_cu@res.tsu.ru
- Bady-Khoo M.S. Novosibirsk State University, Pirogov St. 2, 630090 Novosibirsk,
RUSSIA
- Bakhtadze G. I. Institute of Zoology, Ilia State University, Chavchavadze Ave. 31,
0179 Tbilisi, GEORGIA
gbakh@caucasus.net
- Bakhtadze N. G. Institute of Zoology, Ilia State University, Chavchavadze Ave. 31,
0179 Tbilisi, GEORGIA
nanabakhtadze@yahoo.com
- Barjadze Sh. Z. Institute of Zoology, Ilia State University, Chavchavadze Ave. 31,
0179 Tbilisi, GEORGIA
shalva1980@yahoo.com
- Basheva E.A. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician
Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
- Belyanina S.I. Saratov State Medical University, Bolshaya Kazachya St. 112,
410012 Saratov, RUSSIA
olga_sinichkina@mail.ru
- Bogdanov, Yu.F. Vavilov Institute of General Genetics RAS, Gubkin St. 3, 119991
Moscow, RUSSIA
yubogdanov@vigg.ru
- Borodin P.M. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician
Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk; Novosibirsk State
University, Pirogov St. 2, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
borodin@bionet.nsc.ru
- Bovero S. University of Turin, Via Academia Albertina 13, 10123 Turin,
ITALY
- Broshkov A.D. Novosibirsk State University, Pirogova St. 2, 630090 Novosibirsk,
RUSSIA
broshkov@mail.ru

- Bugrov A.G. Institute of Systematics and Ecology of Animals, SB, RAS, Frunze St. 11, 630091 Novosibirsk; Novosibirsk State University, Pirogov St. 2, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
bugrov04@yahoo.co.uk
- Bukin Yu. S. Limnological Institute, SB,RAS, Ulan-Batorskaya St. 3, 664033 Irkutsk, RUSSIA
bukinyura@mail.ru
- Chakvetadze N. L. Institute of Zoology, Iliia State University, Chavchavadze Ave. 31, 0179 Tbilisi, GEORGIA
chakonino@yahoo.com
- Chernyshova T.M. Ivan Franko Zhytomyr State University, Velika Berdychevska St. 40, 10008 Zhytomyr, UKRAINE
saguaroklub@mail.ru
- Dashkevich O.A. Novosibirsk State University, Pirogov St. 2, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
- Dementyeva E.V. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
dementyeva_elen@mail.ru
- Demin A.G. Saratov State Medical University, Bolshaya Kazachya St. 112, 410012 Saratov, RUSSIA
ecoton@rambler.ru
- Durnova N.A. Saratov State Medical University, Bolshaya Kazachya St. 112, 410012 Saratov, RUSSIA
ndurnova@mail.ru
- Dzyubenko V.V. Institute of Systematics and Ecology of Animals, SB, RAS, Frunze St. 11, 630091 Novosibirsk; Novosibirsk State University, Pirogov St. 2, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
victoriad@mail.ru
- Elisaphenko E.A. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
antares@bionet.nsc.ru
- Ermolaeva O.V. Novosibirsk State University, Pirogov St. 2, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
ksu@fen.nsu.ru
- Filinkova T.N. Ural State Pedagogical University, Kosmonavtov Ave. 26, 620017 Yekaterinburg, RUSSIA
filink_57@mail.ru
- Fyodorova I.A. Saratov State Medical University, Bolshaya Kazatshja St. 112, 410012 Saratov, RUSSIA
ecoton@rambler.ru

- Garbar A.V. Ivan Franko Zhytomyr State University, Velika Berdychevska St. 40, 10008 Zhytomyr, UKRAINE
saguaroklub@mail.ru
- Garbar D.A. Ivan Franko Zhytomyr State University, Velika Berdychevska St. 40, 10008 Zhytomyr, UKRAINE
saguaroklub@mail.ru
- Gavrilov I.A. Zoological Institute, RAS, Universitetskaya nab. 1, 199034 St.Petersburg, RUSSIA
coccids@zin.ru
- Gokhman V.E. Botanical Garden, Lomonosov Moscow State University, 119991 Moscow, RUSSIA
gokhman@bg.msu.ru
- Golygina V.V. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
nika@bionet.nsc.ru
- Grishanin A.K. Vavilov Institute of General Genetics, RAS, Gubkin St. 3, 119991 Moscow, RUSSIA
andreygrishanin.mail.ru
- Grozeva S. Institute of Zoology, BAS, Tsar Osvoboditel blvd 1, 1000 Sofia, BULGARIA,
sgrozeva@yahoo.com
- Guliaeva O.N. Novosibirsk State University, Pirogov Str. 2, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
- Gunderina L.I. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
gund@bionet.nsc.ru
- Gusachenko A.M. Novosibirsk State University, Pirogov St. 2, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
cytolog@fen.nsu.ru
- Gusev V.D. Institute of Mathematics, SB, RAS, Academician Koptyug Ave. 4, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
- Hankeln T. Johannes Gutenberg University, Institute of Molecular Genetics, J.J. Becherweg 32, D-55099 Mainz, GERMANY
- Ilkova J. Institute of Zoology, BAS, Tsar Osvoboditel blvd 1, 1000 Sofia, BULGARIA
juliailkova@yahoo.com
- Isaev V.A. Ivanovo State University, Lenin Ave. 136, 153002 Ivanovo, RUSSIA
viam_e@mail.ru

- Istomina A.G. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician
Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
aist@bionet.nsc.ru
- Ivankina E.A. Department of molecular and cellular biology, Institute of Chemical
Biology and Fundamental Medicine, SB, RAS, Academician
Lavrentiev Ave. 8, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
zotkevich@mcb.nsc.ru
- Jetybayev I.E. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician
Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk; Institute of Systematics
and Ecology of Animals, SB, RAS, Frunze St. 11, 630091
Novosibirsk, RUSSIA
jetybayev@mail.ru
- Karagyan G. H. Institute of Zoology of Scientific Center of Zoology and
Hydroecology, NASA, P.Sevak St.7, 0014 Yerevan, ARMENIA
gaykaragyan@yahoo.com
- Karamysheva T.V. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician
Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
kary@bionet.nsc.ru
- Karmokov M.C. Kabardino-Balkar State University, Naltchik, RUSSIA
karmokov_muha@mail.ru
- Katokhin A.V. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician
Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
- Khatukhov A.M. Kabardino-Balkar State University, Naltchik, RUSSIA
- Kiknadze I.I. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician
Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
kiknadze@bionet.nsc.ru
- Kintsurashvili N. T. Institute of Zoology, Ilia State University, Chavchavadze Ave. 31,
0179 Tbilisi, GEORGIA
kintsurashvilinunu@yahoo.com
- Kokhanenko A.A. Scientific Research Institute of Biology and Biophysics, Tomsk State
University, Lenin Ave. 36, 634050 Tomsk, RUSSIA
center_cu@res.tsu.ru
- Kolchanov N.A. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician
Lavrentiev Ave. 10; Novosibirsk State University, Pirogov St. 2,
630090 Novosibirsk, RUSSIA
kol@bionet.nsc.ru
- Konstantinova A.V. Prokhorov General Physics Institute, RAS, Vavilov St. 38, Moscow,
RUSSIA
- Kornienko O.S. Novosibirsk State University, Pirogov St. 2, 630090 Novosibirsk,
RUSSIA
olfa@mail.ru
- Kotsuba I.Yu. Ivan Franko Zhytomyr State University, Velika Berdychevska St.

- 40, 10008 Zhytomyr, UKRAINE
saguaroklub@mail.ru
- Kraemer Ch. Johannes Gutenberg University, Institute of Molecular Genetics, J.J. Becherweg 32, D-55099 Mainz, GERMANY
- Krastanov B. Institute of Zoology, BAS, Tsar Osvoboditel blvd 1, 1000 Sofia, BULGARIA
- Kravtsova L.S. Limnological Institute, SB,RAS, Ulan-Batorskaya St. 3, 664033 Irkutsk, RUSSIA
- Kulemzina A.I. Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine, SB, RAS, Academician Lavrentiev Ave. 8, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
- Kuznetsova V.G. Zoological Institute, RAS, Universitetskaya nab. 1, 199034 St. Petersburg, RUSSIA
karyo@zin.ru
- Laktionov P.P. Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine, SB, RAS, Academician Lavrentiev Ave. 8, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
- Loseva E.M. Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine, SB, RAS, Academician Lavrentiev Ave. 8, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
- Lukhtanov V. A. Zoological institute, RAS, Universitetskaya nab.1; Faculty of Biology and Soil Science, St. Petersburg State University, Universitetskaya nab.7/9, 199034 St.Petersburg, RUSSIA
lukhtanov@mail.ru
- Marshak T.L. Koltzov Institute of Developmental Biology, RAS, Vavilov St. 26, 117808 Moscow, RUSSIA
- Michailova P. Institute of Zoology, BAS, Tsar Osvoboditel blvd 1, 1000 Sofia, BULGARIA
michailova@zoology.bas.bg
- Mikhailov K.V. Belozersky Institute for Physico-Chemical Biology, Lomonosov Woscow State University, 119991 Moscow, RUSSIA
- Miroshnichenko L.A. Institute of Mathematics SB RAS, Academician Koptyug Ave., 4, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
- Mordvinov V.A. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
mordvin@bionet.nsc.ru
- Morozkin E.S. Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine, SB, RAS, Academician Lavrentiev Ave. 8, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
- Mukha D.V. Vavilov Institute of General Genetics, RAS, Gubkin St. 3, 119991 Moscow, RUSSIA
- Mezhzherin S.V. Schmalhausen Institute of Zoology, NAS of Ukraine, B.

- Khmelnitsky St.15, 01601 Kiev, UKRAINE
mezha@izan.kiev.ua
- Natyaganova A.V. Limnological Institute, SB, RAS, Ulan-Batorskaya St. 3, 664033 Irkutsk, RUSSIA
avn61@mail.ru
- Nekrasova, I.V. St. Petersburg State University. Universitetskaya nab.7/9, 199034 St.Petersburg, RUSSIA
- Nemirovich-Danchenko N.M. Tomsk State University, Lenin Ave. 36, 634050 Tomsk, RUSSIA
center_cu@res.tsu.ru
- Nikitin M.A. Belozersky Institute for Physico-Chemical Biology, Lomonosov Woscow State University, 119991 Moscow, RUSSIA
- Onichuk I.P. Ivan Franko Zhytomyr State University, Velika Berdychevska St. 40, 10008 Zhytomyr, UKRAINE
saguaroklub@mail.ru
- Perepelkina M.P. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
- Peretolchina T.E. Limnological Institute, SB, RAS, Ulan-Batorskaya St. 3, 664033 Irkutsk, RUSSIA
- Petrova N.A. Institute of zoology, RAS, Universitetskaya nab., 1, St. Petersburg 199034, RUSSIA
chironom@zin.ru
- Pischelko A.O. Scientific Research Institute of Biology and Biophysics, Tomsk State University, Lenin Ave. 36, 634050 Tomsk, RUSSIA
gene@res.tsu.ru, sao_bio@ngs.ru
- Polukonova N.W. Saratov State Medical University, Bolshaya Kazachya St. 112, 410012 Saratov, RUSSIA
ecoton@rambler.ru
- Polyakov A.V. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
polyakov@bionet.nsc.ru
- Potekhin A.A. St. Petersburg State University. Universitetskaya nab.7/9, 199034 St.Petersburg, RUSSIA
- Proviz V.I. Limnological Institute, SB, RAS, Ulan-Batorskaya St. 3, 664033 Irkutsk, RUSSIA
proviz@lin.irk.ru
- Rautian M.S. St. Petersburg State University. Universitetskaya nab.7/9, 199034 St.Petersburg, RUSSIA
mrautian@mail.ru
- Rubtsov N.B. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician

- Lavrentiev Ave. 10; Novosibirsk State University, Pirogov St. 2,
630090 Novosibirsk, RUSSIA
rubt@bionet.nsc.ru
- Rusakova A.M. Scientific Research Institute of Biology and Biophysics, Tomsk State
University, Lenin Ave. 36, 634050 Tomsk, RUSSIA
center_cu@res.tsu.ru
- Saifitdinova A.F. Department of Entomology, St.Petersburg State University;
St.Petersburg Branch of Vavilov Institute of General Genetics,
RAS, Universitetskaya nab. 7/9, St.Petersburg, 199034, RUSSIA
saifitdinova@mail.ru
- Sakaeva G.R. Novosibirsk State University, Pirogov St. 2, 630090 Novosibirsk,
RUSSIA
- Schmidt E. Johannes Gutenberg University, Institute of Molecular Genetics, J.J.
Becherweg 32, D-55099 Mainz, GERMANY
- Sella G. Department of Animal and Human Biology, University of Turin,
Via Accademia Albertina 13, 10123 Turin, ITALY
- Sergeev M. G. Novosibirsk State University, Pirogov St., 2, 630090 Novosibirsk
and Institute of Systematics and Ecology of Animals, SB, RAS,
Frunze St. 11, 630091 Novosibirsk, RUSSIA
mgs@fen.nsu.ru
- Shapoval N.A. Zoological Institute, RAS, St. Petersburg, 199034, Universitetskaya
nab. 1; Faculty of Biology and Soil Science, St. Petersburg State
University, St. Petersburg, 199034, Universitetskaya nab. 7/9
nazaret@bk.ru
- Sharton A.Yu. Kant State University of Russia, University St. 2, 236000
Kaliningrad, RUSSIA
aidaspost@mail.ru
- Shelkovnikova T.A. Scientific Research Institute of Biology and Biophysics, Tomsk State
University, Lenin Ave. 36, 634050 Tomsk, RUSSIA
gene@res.tsu.ru
- Sherbakov D.Yu. Limnological Institute, SB,RAS, Ulan-Batorskaya St. 3, 664033
Irkutsk; Irkutsk State University, RUSSIA
sherb@lin.irk.ru
- Shevchuk T.A. Kant State University of Russia, University St. 2, 236000
Kaliningrad, RUSSIA
aidaspost@mail.ru
- Sheveleva N.G. Limnological Institute, SB,RAS, Ulan-Batorskaya St. 3, 664033
Irkutsk, RUSSIA
- Stegniy V.N. Tomsk State University, Lenin Ave. 36, 634050 Tomsk, RUSSIA
stegniy@res.tsu.ru
- Tarasova Y.V. Ivan Franko Zhytomyr State University, Velika Berdychevska St.

- 40, 10008 Zhytomyr, UKRAINE
saguaroklub@mail.ru
- Torgasheva A.A. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician
Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
- Trifonov V.A. Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine, SB,
RAS, Academician Lavrentiev Ave. 8, 630090 Novosibirsk,
RUSSIA
vlad@mcb.nsc.ru
- Usov K.E. Scientific Research Institute of Biology and Biophysics, Tomsk State
University, Lenin Ave. 36, 634050 Tomsk, RUSSIA
gene@res.tsu.ru
- Vedernikov A.E. Scientific Research Institute of Biology and Biophysics, Tomsk State
University, Lenin Ave. 36, 634050 Tomsk, RUSSIA
center_cu@res.tsu.ru
- Vershinin A.V. Department of Molecular and Cellular Biology, Institute of
Chemical Biology and Fundamental Medicine, SB, RAS,
Academician Lavrentiev Ave. 8, 630090 Novosibirsk, RUSSIA
vershinin@mcb.nsc.ru
- Vershinina A. O. Zoological Institute, RAS, Universitetskaya nab. 1, 199034 St.
Petersburg, RUSSIA
vershinina.alice@gmail.com
- Vinokurova N.V. Kant State University of Russia, University St. 2, 236000
Kaliningrad, RUSSIA
aidaspost@mail.ru
- Vishnevskaya M.S. Department of Entomology, St. Petersburg State University,
Universitetskaya nab. 7/9, 199034 St. Petersburg, RUSSIA
wishm@yandex.ru
- Vlasenko R.P. Ivan Franko Zhytomyr State University, Velika Berdychevska St.
40, 10008 Zhytomyr, UKRAINE
saguaroklub@mail.ru
- Vysotskaya L.V. Novosibirsk State University, Pirogov St. 2, 630090 Novosibirsk,
RUSSIA
visot@fen.nsu.ru
- Warchalowska-
Sliwa E. Department of Experimental Zoology, Institute of Systematics and
Evolution of Animals, PAS, Sławkowska St.17, 31-016 Kraków,
POLAND
warchalowska@isez.pan.krakow.pl
- Wasserlauf I.E. Scientific Research Institute of Biology and Biophysics, Tomsk State
University, Lenin Ave. 36, 634050 Tomsk, RUSSIA
gene@res.tsu.ru
- White K. School of Biological Sciences, University of Manchester, Oxford

Road, Manchester M13 9 PT, UK

Wülker W. F. Zur Bitzenmatte 9, D79249 Merzhausen, GERMANY

wolfgang.wuelker@biologie.uni-freiburg.de

Zadesenets K.S. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician
Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk, RUSSIA

kira_z@bionet.nsc.ru

Zagoskin M.V. Vavilov Institute of General Genetics, RAS, Gubkin St. 3, 119991
Moscow, RUSSIA

Zakharenko L.P. Institute of Cytology and Genetics, SB, RAS, Academician
Lavrentiev Ave. 10, 630090 Novosibirsk, RUSSIA

zakharlp@bionet.nsc.ru

Zhimulev I.F. Department of Molecular and Cellular Biology, Institute of
Chemical Biology and Fundamental Medicine, SB, RAS,
Academician Lavrentiev Ave. 8, 630090 Novosibirsk, RUSSIA

zhimulev@mcb.nsc.ru

Zhukovskaya N. A. Institute of Zoology, Ilia State University, Chavchavadze Ave. 31,
0179 Tbilisi, GEORGIA

natakvr@rambler.ru

ИМЕННОЙ УКАЗАТЕЛЬ

- | | | |
|------------------------------|-----------------------------------|---|
| Алёшин В.В., 13 | Дзюбенко В.В., 44,46 | Некрасова И.В., 68 |
| Ананьина Т.В., 14,15,25 | Дурнова Н.А., 20,65 | Немирович-Данченко Н.М., 17 |
| Анохин Б. А., 16,38 | Елисафенко Е.А., 64 | Никитин М.А., 13 |
| Артемов Г.Н., 17,71 | Ермолаева О.В., 47 | Онищук И.П., 33 |
| Бады-Хоо М.С., 41 | Жимулёв И.Ф., 51 | Перепёлкина М.П., 50 |
| Барджадзе Ш.З., 18 | Жуковская Н.А., 18 | Перетолчина Т.Е., 78 |
| Бахтадзе Г. И., 18 | Загоскин М.В., 48 | Петрова Н.А., 52,63 |
| Бахтадзе Н. Г., 18 | Задесенец К.С., 49 | Пищелко А.О., 64 |
| Башева Е.А., 22 | Захаренко Л.П., 50 | Полуконова Н.В., 55,65,75 |
| Белянина С.И., 19,20 | Иванкина Е.А., 51 | Поляков А.В., 66 |
| Боверо С., 63 | Илкова Ю., 52 | Потехин А.А., 68 |
| Богданов Ю.Ф., 21 | Исаев В.А., 53 | Провиз В.И., 67 |
| Бородин П.М., 22 | Истомина А.Г., 31 | Раутиан М.С., 68 |
| Брошков А.Д., 23, 36 | Карагян Г.А., 54 | Рубцов Н.Б., 24,36,43,44,45,
46,49,69,70 |
| Бугров А.Г., 24,43,44,45,46 | Карамышева Т.В.,24,36,44,45,46,49 | Русакова А.М., 71 |
| Букин Ю.С.,62 | Кармоков М.Х., 55 | Сайфитдинова А.Ф., 30 |
| Вархаловска-Слива Э., 24 | Катохин А.В., 49 | Сакаева Г.Р., 22 |
| Вассерлауф И.Э. ,25 | Кикнадзе И.И., 23,31,36 | Селла Г., 52,63 |
| Ведерников А.Е., 26 | Кинцурашвили Н.Т., 18 | Сергеев М. Г., 72 |
| Вершинин А.В., 27 | Константинова А.В., 13 | Стегний В.Н., 14,15,17,25,
26,64,71,74 |
| Вершинина А.О., 28 | Корниенко О.С., 40,41,56 | Тарасова Ю.В.,34 |
| Винокурова Н.В., 29 | Коханенко А.А., 14 | Торгашева А.А., 22 |
| Вишневская М.С., 30 | Коцюба И.Ю., 33 | Трифонов В.А., 51,56,73 |
| Власенко Р.П., 33 | Кравцова Л.С., 78 | Уайт К., 52 |
| Высоцкая Л.В., 41,56 | Кремер К., 59 | Усов К.Е., 74 |
| Вюлккер В., 31 | Кръстанов Б., 59 | Фёдорова И.А., 75 |
| Гаврилов И.А., 32 | Кузнецова В.Г., 16,38, 57, 58 | Филинкова Т.Н., 76 |
| Гарбар А.В., 33,34,35 | Кулемзина А.И., 56 | Ханкелн Т., 52, 59 |
| Гарбар Д.А., 35 | Лактионов П.П., 43 | Хатухов А.М., 55 |
| Голыгина В.В., 36,39 | Лосева Е.М., 43 | Чакветадзе Н.Л., 18 |
| Гохман В.Е., 37 | Лухтанов, В.А., 28,30,57,58,77 | Чернышова Т.М., 35 |
| Гришанин А.К., 48 | Маршак Т.Л., 48 | Шаповал Н.А., 77 |
| Грозева С., 38 | Межжерин С.В., 33 | Шартон А.Ю., 29 |
| Гундерина Л.И., 39 | Мирошниченко Л.А., 23 | Шевелёва Н.Г., 51 |
| Гусаченко А.М., 40,41 | Михайлов К.В., 13 | Шевчук Т.А., 29 |
| Гусев В.Д., 23 | Михайлова П., 52,59,63 | Шелковникова Т.А., 74 |
| Дашкевич О.А., 22 | Мордвинов В.А., 33,49,60 | Шмидт Е., 52,59 |
| Дементьева Е.В., 42 | Морозкин Е.С., 43 | Щербаков Д.Ю., 78 |
| Демин А.Г., 65 | Муха Д.В., 48 | |
| Джетыбаев И.Е., 43,44, 45,46 | Натяганова А.В., 61,62 | |

Author index

- | | | |
|-------------------------|--------------------------------------|--|
| Aleoshin V.V., 13 | Istomina A.G., 31 | Polyakov A.V., 66 |
| Anan'ina T.V., 14,15,25 | Ivankina E.A., 51 | Potekhin A.A., 68 |
| Anokhin B.A., 16,38 | Jetybayev I.E., 43,44,45,46 | Proviz V.I.67 |
| Artemov G.N., 17,71 | Karagyan G.H., 54 | Rautian M.S., 68 |
| Bady-Khoo M.S., 41 | Karamysheva T.V., 24,36,44, 45,46,49 | Rubtsov N.B., 24,36,43,44,45,
46,49.69.70 |
| Bakhtadze G. I., 18 | Karmokov M.C., 55 | Rusakova A.M., 71 |
| Bakhtadze N.G., 18 | Katokhin A.V., 49 | Saifitdinova A.F., 30 |
| Barjadze Sh.Z., 18 | Khatukhov A.M., 55 | Sakaeva G.R., 22 |
| Basheva E.A., 22 | Kiknadze I.I., 23,31,36 | Schmidt E., 52,59 |
| Belyanina S.I., 19,20 | Kintsurashvili N.T., 18 | Sella G., 52,63 |
| Bogdanov, Yu.F., 21 | Kokhanenko A.A., 14 | Sergeev M.G., 72 |
| Borodin P.M., 22 | Konstantinova A.V., 13 | Shapoval N.A., 77 |
| Bovero S., 63 | Kornienko O.S., 40,41,56 | Sharton A.Yu., 29 |
| Broshkov A.D., 23, 36 | Kotsuba I.Yu., 33 | Shelkovnikova T.A., 74 |
| Bugrov A.G., 24,43-46 | Kraemer Ch., 59 | Sherbakov D.Yu., 78 |
| Bukin Yu. S., 62 | Krastanov B., 59 | Shevchuk T.A., 29 |
| Chakvetadze N. L., 18 | Kravtsova L.S., 78 | Sheveleva N.G., 51 |
| Chernyshova T.M., 35 | Kulemzina A.I., 56 | Stegniy V.N., 14,15,17,25,
26,64,71,74 |
| Dashkevich O.A., 22 | Kuznetsova V.G., 16,38,57,58 | Tarasova Y.V., 34 |
| Dementyeva E.V., 42 | Laktionov P.P., 43 | Torgasheva A.A., 23 |
| Demin A.G., 65 | Loseva E.M., 43 | Trifonov V.A., 51,56,73 |
| Durnova N.A., 20,65 | Lukhtanov V.A., 28,30,57,58,77 | Usov K.E., 74 |
| Dzyubenko V.V., 44,46 | Marshak T.L., 48 | Vedernikov A.E., 26 |
| Elisaphenko E.A., 64 | Mezhzherin S.V., 33 | Vershinin A.V., 27 |
| Ermolaeva O.V., 47 | Michailova P., 52,59,63 | Vershinina A.O., 28 |
| Filinkova T.N., 76 | Mikhailov K.V., 13 | Vinokurova N.V., 29 |
| Fyodorova I.A., 75 | Miroshnichenko L.A., 23 | Vishnevskaya M.S., 30 |
| Garbar A.V., 33,34,35 | Mordvinov V.A., 33, 49,60 | Vlasenko R.P., 33 |
| Garbar D.A., 35 | Morozkin E.S., 43 | Vysotskaya L.V., 41,56 |
| Gavrilov I.A., 32 | Mukha D.V., 48 | Warchalowska-Sliwa E., 24 |
| Gokhman V.E., 37 | Natyaganova A.V., 61,62 | Wasserlauf I.E., 25 |
| Golygina V.V., 36,39 | Nekrasova, I.V., 68 | White K., 52 |
| Grishanin A.K., 48 | Nemirovich-Danchenko N.M., 17 | Wülker W.F.,31 |
| Grozeva S., 38 | Nikitin M.A., 13 | Zadesenets K.S., 49 |
| Gunderina L.I., 39 | Onichuk I.P., 33 | Zagoskin M.V., 48 |
| Gusachenko A.M, 40, 41 | Perepelkina M.P., 50 | Zakharenko L.P., 50 |
| Gusev V.D., 23 | Peretolchina T.E., 78 | Zhimulev I.F., 51 |
| Hankeln T., 52, 59 | Petrova N.A., 52,63 | Zhukovskaya N.A., 18 |
| Ilkova J., 52 | Pischelko A.O., 64 | |
| Isaev V.A., 53 | Polukonova N.W., 55,65,75 | |

Содержание

<i>Организаторы конференции</i>	
<i>Программа конференции</i>	4
<i>Тезисы</i>	6
<i>Алёшин В.В., Михайлов К.В., Никитин М.А., Константинова А.В.</i>	12
Филогеномика как новая филогенетика: новые перспективы и старые проблемы...	
<i>Ананьина Т.В., Коханенко А.А., Стегний В.Н.</i> Морфология и степень политенизации хроматина трофоцитов в фолликулах яичников <i>Calliphora</i> <i>erythrocephala</i> Mg. (Diptera: Calliphoridae).....	13
<i>Ананьина Т.В., Стегний В.Н.</i> Геометрия цист в овариолах политрофных яичников на ранних стадиях оогенеза у <i>Calliphora erythrocephala</i> Mg. <i>Drosophila melanogaster</i> Mg. (Diptera)	14
<i>Анохин Б.А., Кузнецова В.Г.</i> Новые данные по молекулярной цитогенетике модельного вида <i>Hydra magnipapillata</i> (Cnidaria, Hydrozoa)	15
<i>Артемьев Г.Н., Немирович-Данченко Н.М., Стегний В.Н.</i> Пространственное положение района прикрепления хромосомы XL в системе ядер трофоцитов фолликулов малярийного комара (<i>Anopheles messeae</i> Fall.)	16
<i>Бахтадзе Н. Г., Кинцурашвили Н. Т., Барджадзе Ш. З., Бахтадзе Г. И.,</i> <i>Жуковская Н. А., Чакевадзе Н. Л.</i> Кариотипы тлей Грузии рода <i>Aphis</i> (Hemiptera, Aphididae)	17
<i>Белянина С.И.</i> Кариотипы хирономид (Diptera, Chironomidae) речного прибрежья	18
<i>Белянина С.И., Дурнова Н.А.</i> Проблемы кариосистематического исследования рода <i>Polyredilum</i> Kieffer, 1913 (Chironomidae, Diptera)	19
<i>Богданов Ю.Ф.</i> Параллельные пути эволюции и консервации мейоза	20
<i>Бородин П.М., Торгашева А.А., Башева Е.А., Дашкевич О. А., Сакаева Г.Р.</i>	21
Жизнь по правилам в ненормальных обстоятельствах: синапсис и рекомбинация хромосом у гетерозигот по хромосомным перестройкам	
<i>Брошков А. Д., Кикнадзе И. И., Мирошниченко Л. А., Гусев В. Д.</i> Специфика локализации частот инверсионных разрывов в геномах видов <i>Chironomus</i> в цитоконкомплексах <i>thummi</i> и <i>pseudothummi</i>	22
<i>Бугров А.Г., Вархаловска-Слива Е., Карамышева Т.В., Рубцов Н.Б.</i> Эволюция кариотипа саранчовых подсемейства Podisminae (Orthoptera, Acrididae)	23
<i>Вассерлауф И.Э., Ананьина Т.В., Стегний В.Н.</i> Изменение структурной организации хромосом в ядрах трофоцитов у видов группы <i>D. virilis</i> при видообразовании	24
<i>Ведерников А.Е., Стегний В.Н.</i> Видовые особенности реорганизации хромосом трофоцитов в ходе политенизации у представителей надсемейства Oestroidae (Diptera)	25
<i>Вершинин А.В.</i> ЦУП (Центр Управления Поведением) хромосом: структурная организация и эволюция	26
<i>Вершинина А. О., Лухтанов В. А.</i> Географическое распространение видов-двойников <i>Agrodiaetus alcestitis</i> и <i>A. demavendi</i> (Lepidoptera, Lycaenidae) по данным цитогенетического анализа	27
<i>Винокурова Н.В., Шартон А.Ю., Шевчук Т.А.</i> Кариотипические характеристики ряда популяций хирономид (Diptera: Chironomidae) водоемов Калининграда	28
<i>Вишневецкая М.С., Лухтанов В.А., Сайфитдинова А.Ф.</i> Кариосистематика и молекулярная филогенетика бабочек-голубянок рода <i>Agrodiaetus</i> (Lepidoptera, Lycaenidae) Балканского полуострова	29
<i>Вюлкер В. Ф., Кикнадзе И.И., Истомина А.Г.</i> Кариотипы видов <i>Chironomus</i> из Африки	30
	31

<i>Гаврилов И.А.</i> Таксономическое значение кариологических признаков кокцид (Homoptera: Coccinea)	32
<i>Гарбар А.В., Межжерин С.В., Коцюба И.Ю., Власенко Р.П., Онищук И.П.</i> Аллозимная изменчивость и полиплоидные расы дождевых червей (Oligochaeta: Lumbricidae) фауны Украины	33
<i>Гарбар А. В., Тарасова Ю. В.</i> Кариотипы моллюсков рода <i>Theodoxus</i> (Mollusca, Gastropoda) фауны Украины	34
<i>Гарбар А.В., Чернышова Т.М., Гарбар Д.А.</i> Кариотипы слизней (Mollusca, Gastropoda) фауны Украины	35
<i>Голыгина В.В., Брошков А.Д., Кикнадзе И.И., Карамышева Т.В., Рубцов Н.Б.</i> Молекулярная и цитогенетическая структура центромерных районов у хирономид (Hymenoptera): морфологические типы, пути и механизмы преобразования	36
<i>Гохман В.Е.</i> Хромосомные наборы паразитических перепончатокрылых (Hymenoptera): морфологические типы, пути и механизмы преобразования	37
<i>Грозева С., Кузнецова В.Г., Анохин Б.</i> Уникальные цитогенетические особенности клопов инфраотряда Cimicomorpha (Insecta, Heteroptera)	38
<i>Гундерина Л.И., Голыгина В.В.</i> Использование маркерных ДНК в сравнительной цитогенетике хирономид	39
<i>Гусаченко А.М., Корниенко О.С.</i> Добавочные хромосомы у саранчового <i>Psophus stridulus</i> L.	40
<i>Гусаченко А.М., Корниенко О.С., Бады-Хоо М.С., Высоцкая Л.В.</i> Поиск AT/GC-богатых районов ДНК в хромосомах у прямокрылообразных насекомых	41
<i>Дементьева Е.В.</i> Дозовая компенсация генов половых хромосом у эукариот	42
<i>Джеттыбаев И. Е., Лосева Е.М., Морозкин Е.С., Лактионов П.П., Бугров А.Г., Рубцов Н.Б.</i> Гибридизация <i>in situ</i> и LA-PCR – новый метод получения микродиссекционных ДНК-проб хромосом саранчовых	43
<i>Джеттыбаев И. Е., Карамышева Т.В., Дзюбенко В.В., Бугров А.Г., Рубцов Н.Б.</i> Возможности и ограничения молекулярно-цитогенетических методов в исследовании хромосом саранчовых	44
<i>Джеттыбаев И. Е., Карамышева Т.В., Бугров А.Г., Рубцов Н.Б.</i> Молекулярные маркеры в сравнительной цитогенетике саранчовых подсемейства Gomphocerinae (Acrididae, Orthoptera)	45
<i>Дзюбенко В.В., Бугров А.Г., Джеттыбаев И.Е., Карамышева Т.В., Рубцов Н.Б.</i> Флуоресцентная гибридизация <i>in situ</i> оригинальных микродиссекционных ДНК-проб с А- и В-хромосомами плавучей кобылки <i>Euprepocnemis plorans</i> Charp. (Orthoptera, Acrididae)	46
<i>Ермолаева О.В.</i> Сравнительный кариологический анализ видов близких родов <i>Pseudodiamesa</i> и <i>Pagastia</i> (Diptera, Chironomidae, Diamesinae)	47
<i>Загоскин М.В., Маршак Т.Л., Муха Д.В., Гришанин А.К.</i> Элиминация генов рРНК в результате диминуции хроматина у <i>Cyclops kolensis</i> Lill.	48
<i>Задесенец К.С., Карамышева Т.В., Рубцов Н.Б., Катохин А.В., Мордвинов В.А.</i> Хромосомы описторхид (Trematoda, Opisthorchiidae)	49
<i>Захаренко Л.П., Перепелкина М.П.</i> Вклад мобильных генетических элементов в эволюцию дрозофилы по данным <i>in silico</i>	50
<i>Иванкина Е.А., Трифонов В.А., Шевелёва Н.Г., Жимулёв И.Ф.</i> Цитогенетические особенности процесса диминуции хроматина у циклопов	51
<i>Илкова Ю., Михайлова П., Петрова Н., Уайт К., Селла Г., Ханкелн Т., Шмид Е.</i> Ответ генома видов разного филогенетического возраста семейства Chironomidae (Diptera)	52
<i>Исаев В.А.</i> Кариотипы и эволюция кровососущих насекомых	53
<i>Караган Г. А.</i> Кариотипы златок: новые данные и обзор подсемейств Chrysochroinae, Vuprestinae и Agrilinae (Coleoptera, Vuprestidae)	54

<i>Кармоков М.Х., Хатухов А.М., Полуконова Н.В.</i> Кариотипические особенности кабардино-балкарских популяций видов-двойников <i>Chironomus</i> группы <i>plumosus</i> (Chironomidae, Diptera)	55
<i>Корниенко О.С., Трифонов В.А., Кулемзина А.И., Высоцкая Л.В.</i> Локализация теломерной ДНК на хромосомах саранчовых семейства Acrididae с разным типом мейотического синапсиса	56
<i>Кузнецова В.Г., Лухтанов В.А.</i> Голокинетические хромосомы: распространение, характерные особенности, преобразования в эволюции	57
<i>Лухтанов В.А., Кузнецова В.Г.</i> Эволюция митохондриальной хромосомы и систематика беспозвоночных животных	58
<i>Михайлова, П., Кръстанов Б., Ханкелн Т., Шмидт Е., Кремер К.</i> <i>In situ</i> гибридизационный анализ хромосомной гомологии среди видов из разных родов подсемейства Chironominae (Diptera, Chironomidae)	59
<i>Мордвинов В.А.</i> От кариотипа к полногеномному секвенированию: методические аспекты	60
<i>Натяганова А.В.</i> Диминуция хроматина у байкальской эндемичной амфиподы <i>Polyacanthisca calceolata</i> Vazikalova, 1937 (Crustacea, Amphipoda), обитающей вблизи участков дна с интенсивным выходом углеводородных газов	61
<i>Натяганова А.В., Букин Ю.С.</i> «KARYOSTATANALYSIS» — удобная программа для обработки морфометрических данных хромосомных наборов	62
<i>Петрова Н.А., Михайлова П., Боверо С., Селла Г.</i> Кариологическое и морфологическое изучение некоторых видов хирономид Северной Италии (Diptera, Chironomidae)	63
<i>Пицелко А.О., Елисафенко Е.А., Стегний В.Н.</i> Молекулярная структура прицентромерного гетерохроматина хромосом <i>Anopheles</i>	64
<i>Полуконова Н.В., Дурнова Н.А., Демин А.Г.</i> Направления эволюции личинок хирономид (Diptera) на основе анализа политенных хромосом и частичной аминокислотной последовательности первой субъединицы цитохром С оксидазы (COI)	65
<i>Поляков А.В.</i> Перспективы кариотипической диагностики для изучения структуры видов дождевых червей (Oligochaeta, Lumbricidae) в Западной Сибири	66
<i>Провиз В.И.</i> Кариофонд хирономид рода <i>Sergentia</i> Kieff. (Diptera, Chironomidae)	67
<i>Раутиан М.С., Потехин А.А., Некрасова И.В.</i> Возможности использования электрокариотипов в систематике и идентификации видов и внутривидовых групп у парамеций (<i>Paramecium</i> : Ciliophora, Protozoa)	68
<i>Рубцов Н.Б.</i> Современные методы микроскопии: возможности и ограничения	69
<i>Рубцов Н.Б.</i> Сравнительная цитогенетика беспозвоночных животных: методические аспекты	70
<i>Русакова А.М., Артемов Г.Н., Стегний В.Н.</i> Цитогенетический анализ полиморфизма прицентромерного гетерохроматина природной популяции малярийных комаров <i>Anopheles messeae</i> Fall. (Diptera, Culicidae)	71
<i>Сергеев М. Г.</i> Филогеография: вперед в прошлое?	72
<i>Трифонов В.А.</i> Современные представления об организации теломерных районов хромосом эукариот	73
<i>Усов К.Е., Шелковникова Т.А., Стегний В.Н.</i> Тандемные повторы в составе ДНК хромосомы трофоцитов <i>Drosophila oreana</i> (Diptera, Drosophilidae)	74
<i>Фёдорова И.А., Полуконова Н.В.</i> Изменение работы активных участков политенных хромосом <i>Chironomus</i> (Diptera) под действием холинотропных препаратов	75
<i>Филинкова Т.Н.</i> Хромосомный полиморфизм видов рода <i>Chironomus</i> группы <i>plumosus</i> (Diptera, Chironomidae) уральских популяций	76

<i>Шановал Н.А., Лухтанов В.А.</i> Филогеография бабочек-голубянок группы <i>Agrodiaetus cyaneus</i> (Lepidoptera, Lycaenidae) по данным молекулярно-генетического и цитогенетического анализа	77
<i>Щербаков Д.Ю., Кравцова Л.С., Перетолчина Т.Е.</i> Особенности видообразования в букетах видов с точки зрения геносистематики	78
<i>Список участников конференции (русск.)</i>	79
<i>Список участников конференции (англ.)</i>	88
<i>Именной указатель (русск.)</i>	97
<i>Именной указатель (англ.)</i>	98

CONTENT

<i>Conference organizers</i>	4
<i>The conference program</i>	6
<i>Abstracts</i>	12
<i>Aleoshin V.V., Mikhailov K.V., Nikitin M.A., Konstantinova A.V.</i> Phylogenomics as a modern phylogenetics: new horizons and old pitfalls	13
<i>Anan'ina T.V., Kokhanenko A.A., Stegny V.N.</i> Morphology and polytenisation degree of nurse cells' chromatin in the ovarian follicles of <i>Calliphora erythrocephala</i> Mg. (Diptera: Calliphoridae)	14
<i>Anan'ina T.V., Stegny V.N.</i> Geometry of germline cysts in polytrophic ovaries on the early stages of the oogenesis in <i>Calliphora erythrocephala</i> Mg. and <i>Drosophila melanogaster</i> Mg. (Diptera)	15
<i>Anokhin B.A., Kuznetsova V.G.</i> New data on molecular cytogenetics of the model species <i>Hydra magnipapillata</i> (Cnidaria, Hydrozoa)	16
<i>Artemov G.N., Nemirovich-Danchenko N.M., Stegny V.N.</i> Spatial position of the XL chromosome attachment region in the system of the nurse cell nuclei in the follicles of the malaria mosquitoes (<i>Anopheles messeae</i> Fall.)	17
<i>Bakhtadze N. G., Kintsurashvili N. T., Barjadze Sh. Z., Bakhtadze G. I., Zhukovskaya N. A., Chakvetadze N. L.</i> Karyotypes of Georgian aphids of the genus <i>Aphis</i> (Hemiptera, Aphididae)	18
<i>Belyanina S.I.</i> Karyotypes of midges (Diptera, Chironomidae) of riversides	19
<i>Belyanina S.I., Durnova N.A.</i> Problems of karyosystematic studies of the genus <i>Polypedilum</i> Kieffer, 1913 (Chironomidae, Diptera)	20
<i>Bogdanov, Yu.F.</i> Parallel pathways of evolution and conservation of meiosis	21
<i>Borodin P.M., Torgasheva A.A., Basheva E.A., Dashkevich O.A., Sakaeva G.R.</i> Rightful life in abnormal circumstances: chromosome pairing and recombination in heterozygotes for chromosome rearrangements	22
<i>Broshkov A.D., Kiknadze I.I., Miroshnichenko L.A., Gusev V.D.</i> Specificity of localization and frequency of inversion break points in genomes of the <i>Chironomus</i> species in <i>thummi</i> and <i>pseudothummi</i> cytocomplexes	23
<i>Bugrov A.G., Warchalowska-Sliwa E., Karamysheva T.V., Rubtsov N.B.</i> Karyotype evolution in the Podisminae grasshoppers (Orthoptera, Acrididae)	24
<i>Wasserlauf I.E., Anan'ina T.V., Stegny V.N.</i> Change of chromosome structural organization in nurse cell nuclei in the <i>D. virilis</i> species group under speciation	25
<i>Vedernikov A.E., Stegny V.N.</i> Specific differences of reorganization of nurse cell chromosomes during polytenization in the superfamily Oestroidae (Diptera)	26
<i>Vershinin A.V.</i> Control centre of the chromosomes behaviour: structural organization and evolution	27
<i>Vershinina A. O., Lukhtanov V. A.</i> Geographical distribution of the sibling species <i>Agrodiaetus alcestis</i> and <i>A. demavendi</i> (Lepidoptera, Lycaenidae) revealed by cytogenetic analysis	28
<i>Vinokurova N.V., Sharton A.Yu., Shevchuk T.A.</i> Karyotypical characteristics of some populations of midges (Diptera: Chironomidae) from reservoirs of Kaliningrad	29
<i>Vishnevskaya M.S., Lukhtanov V.A., Saifitdinova A.F.</i> Karyosystematics and molecular phylogenetics of the blue butterflies (Lepidoptera, Lycaenidae, <i>Agrodiaetus</i>) of Balkan peninsula	30
<i>Wülker W. F., Kiknadze I.I., Istomina A.G.</i> Karyotypes of <i>Chironomus</i> species from Africa	31
<i>Gavrilov I.A.</i> Taxonomic significance of karyological traits of scale insects (Homoptera: Coccinea)	32

Garbar A.V., Mezherin S.V., Kotsuba I.Yu., Vlasenko R.P., Onichuk I.P. Allozyme variability and polyploid races of earthworms (Oligochaeta: Lumbricidae) of the Ukraine fauna	33
Garbar A.V., Chernyshova T.M., Garbar D.A. Karyotypes of slugs (<i>Mollusca</i> , <i>Gastropoda</i>) of the Ukraine fauna	34
Garbar A.V., Tarasova Yu.V. Karyotypes of snails of the genus <i>Theodoxus</i> (<i>Mollusca</i> , <i>Gastropoda</i>) of the Ukraine fauna	35
Golygina V.V., Broshkov A.D., Kiknadze I.I., Karamysheva T.V., Rubtsov N.B. Molecular and cytogenetic structure of the centromeric regions in Chironomidae	36
Gokhman V.E. Chromosome sets of parasitic Hymenoptera: morphotypes, pathways and mechanisms of transformation	37
Grozeva S., Kuznetsova V., Anokhin B. The unique cytogenetic characters of the bugs' infraorder Cimicomorpha (Insecta, Heteroptera)	38
Gunderina L.I., Golygina V.V. DNA markers in comparative cytogenetics of Chironomidae	39
Gusachenko A.M., Kornienko O.S. Accessory chromosomes in the grasshopper <i>Psophus stridulus</i> L.	40
Gusachenko A.M., Kornienko O.S., Bady-Khoo M.S., Vysotskaya L.V. Searching of AT/GC-rich regions of DNA in Orthopteroidea	41
Demytyeva E.V. Dosage compensation of sex chromosome genes in eucaryotes.....	42
Jetybayev I.E., Loseva E.M., Morozkin E.S., Laktionov P.P., Bugrov A.G., Rubtsov N.B. <i>In situ</i> hybridization and LA-PCR – new technique for microdissected DNA probe generation in the grasshopper chromosomes	43
Jetybayev I.E., Karamysheva T.V., Dzyubenko V.V., Bugrov A.G., Rubtsov N.B. Potential and limitations of molecular cytogenetic techniques in the grasshoppers' chromosome research	44
Jetybayev I.E., Karamysheva T.V., Bugrov A.G., Rubtsov N.B. Molecular markers in comparative cytogenetics of the subfamily Gomphocerinae (Acrididae, Orthoptera)	45
Dzyubenko V.V., Bugrov A.G., Jetybayev I.E., Karamysheva T.V., Rubtsov N.B. Fluorescent <i>in situ</i> hybridisation of original microdissection DNA probes on the A and B chromosomes of the grasshopper <i>Eyprepocnemis plorans</i> Charp. (Orthoptera, Acrididae)	46
Ermolaeva O.V. A comparative karyological analysis of the species of the genera <i>Pseudodiamesa</i> and <i>Pagastia</i> (Diptera, Chironomidae, Diamesinae)	47
Zagoskin M.V., Marshak T.L., Mukha D.V., Grishanin A.K. Ribosomal RNA gene elimination during chromatine diminution of <i>Cyclops kolensis</i> Lill.	48
Zadesenets K.S., Karamysheva T.V., Rubtsov N.B., Katokhin A.V., Mordvinov V.A. Chromosomes of opisthorchiid liver flukes (Trematoda, Opisthorchiidae)	49
Zakharenko L.P., Perpelkina M.P. Contribution of transposable elements to <i>Drosophila</i> evolution according <i>in silico</i> analysis	50
Ivankina E.A., Trifonov V.A., Sheveleva N.G., Zhimulev I.F. Cytogenetics peculiarities of chromatin diminution in cyclops	51
Ilkova J., Michailova P., Petrova N., White K., Sella G., Hankeln T., Schmidt E. Genome response of phylogenetically different species of the family Chironomidae (Diptera)	52
Isaev V.A. Karyotypes and evolution of the blood-sucking insects	53
Karagyan G. Karyotypes of jewel-beetles: new data and review of the subfamilies Chrysochroinae, Buprestinae and Agrilinae (Coleoptera, Buprestidae)	54
Karmokov M.C., Khatukhov A.M., Polukonova N.V. Karyotype peculiarities of the sibling species of the <i>Chironomus plumosus</i> (Chironomidae, Diptera) from Kabardino-Balkaria	55

<i>Kornienko O.S., Trifonov V.A., Kulemzina A.I., Vysotskaya L.V.</i> The localization of the telomeric DNA on chromosomes of grasshoppers from the family Acrididae with different meiotic chromosome synapsis	56
<i>Kuznetsova V.G., Lukhtanov V.A.</i> Holokinetic chromosomes: distribution, characteristic features, evolutionary rearrangements	57
<i>Lukhtanov V.A., Kuznetsova V.G.</i> Evolution of mitochondrial chromosome and systematics of invertebrates	58
<i>Michailova P., Krastanov B., Hankeln T., Schmidt E., Kraemer Ch.</i> In situ hybridization analysis of chromosomal homologies among species of different genera of the subfamily Chironominae (Diptera, Chironomidae)	59
<i>Mordvinov V.A.</i> From a karyotype to full genome sequencing: methodological aspects	60
<i>Natyaganova A.V.</i> Chromatin diminution in the Baikal endemic amphipod <i>Polyacanthisca calceolata</i> Bazikalova, 1937 (Crustacea, Amphipoda) inhabiting bottom sites near intensive gas seeps	61
<i>Natyaganova A. V., Bukin Yu. S.</i> «KARYOSTATANALYSIS» — a convenient computer program for processing morphometric parameters of the chromosomal complements	62
<i>Petrova N.A., Michailova P., Bovero S., Sella G.</i> Karyological and morphological studies of some chironomid species from northern Italy (Diptera, Chironomidae)	63
<i>Pischelko A.O., Elisaphenko E.A., Stegny V.N.</i> Molecular structure of pericentromeric heterochromatin of the <i>Anopheles</i> chromosomes	64
<i>Polukonova N.W., Durnova N.A., Demin A.G.</i> Evolutionary trends in midge larvae (Diptera, Chironomidae) based on the analysis of polytene chromosomes and partial COI sequencing	65
<i>Polyakov A.V.</i> Prospective of karyotype diagnosis for investigation of the earthworms' (Oligochaeta, Lumbricidae) species structure in West Siberia	66
<i>Proviz V.I.</i> The karyofund of chironomids of the genus <i>Sergentia</i> Kieff. (Diptera, Chironomidae)	67
<i>Rautian M.S., Potekhin A.A., Nekrasova, I.V.</i> Electrokaryotypes as a tool in systematics and identification of species and intraspecies groups of <i>Paramecium</i> (Ciliophora, Protozoa)	68
<i>Rubtsov N.B.</i> Modern technology in microscopy: potential and limitations	69
<i>Rubtsov N.B.</i> Comparative cytogenetics of the invertebrates: technical approaches ...	70
<i>Rusakova A.M., Artemov G.N., Stegny V.N.</i> The cytogenetic analysis of pericentromeric heterochromatin polymorphism in the natural population of <i>Anopheles messeae</i> Fall. (Diptera, Culicidae)	71
<i>Sergeev M. G.</i> Phylogeography: forwards to the past?	72
<i>Trifonov V.A.</i> Modern concepts of eucaryote telomere organization	73
<i>Usov K.E., Shelkovnikova T.A., Stegny V.N.</i> Tandem repeats in the DNA of the nurse cell chromocenter of <i>Drosophila oreana</i> (Diptera, Drosophilidae)	74
<i>Fyodorova I.A., Polukonova N.V.</i> Functioning change of the <i>Chironomus</i> (Diptera) polytene chromosomes active sites under the influence of cholinotropic preparations	75
<i>Filinkova T.N.</i> Chromosomal polymorphism of the <i>plumosus</i> group of the genus <i>Chironomus</i> (Diptera, Chironomidae) in the populations of Ural	76
<i>Shapoval N.A., Lukhtanov V. A.</i> Phylogeography of the <i>Agrodiaetus cyaneus</i> complex (Lepidoptera, Lycaenidae) revealed by molecular and cytogenetic analysis	77
<i>Sherbakov, D.Yu., Kravtsova, L.S., Peretolchina, T.E.</i> Peculiarities of speciation in species bouquets from the viewpoint of genosystematics	78
<i>List of participants (Russian)</i>	79
<i>List of participants (English)</i>	88
<i>Author index (Russian)</i>	97

Author index (English) 98

БЛАГОДАРНОСТИ

Организация и проведение V Международной конференции по кариосистематике беспозвоночных животных (Karyo V) были поддержаны Российским фондом фундаментальных исследований (грант №10-04-06079), ООО «ОПТЭК» и Программой «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» (контракт 02.740.11.0277).

Оргкомитет Конференции выражает благодарность администрации Новосибирского государственного университета и Института цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук за помощь и поддержку в проведении конференции.

ASKNOWLEDGMENTS

The organization of the V International Conference on Karyosystematics of the Invertebrates (Karyo V) was supported by Russian Foundation for Basic Research (grant No 10-04-06079), «OPTEC» LLC and Russian State Program «Scientific and Scientific-Pedagogical Staff of Innovative Russia» (02.740.11.0277).

Special thanks are expressed to the administration of Novosibirsk State University and the Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch, Russian Academy of Science.