

Институт химической биологии и  
фундаментальной медицины СО РАН

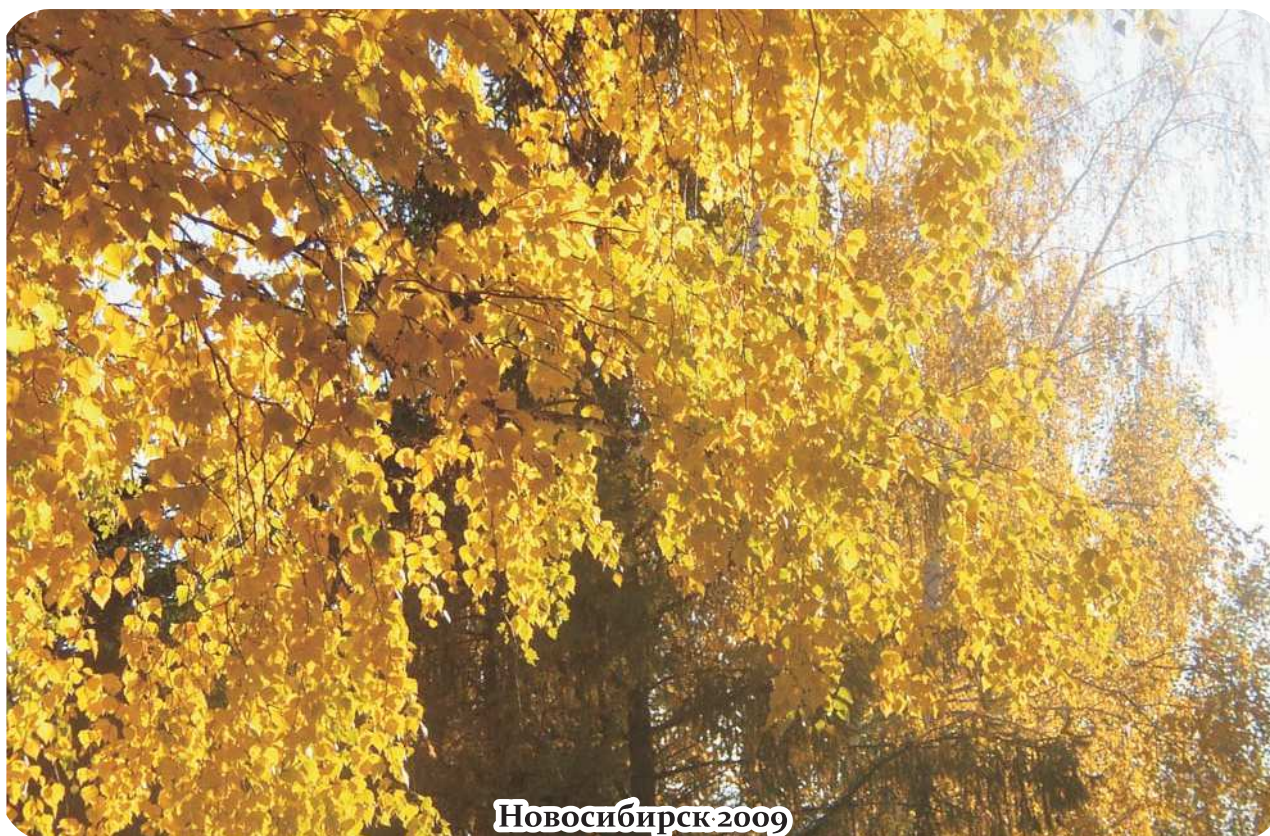


**The International Conference  
Chromosome 2009**

Novosibirsk  
August 31 – September 6, 2009

**Материалы международной  
конференции «Хромосома 2009»**

**Abstracts of the International  
Conference “Chromosome 2009”**



**Новосибирск 2009**

Институт химической биологии  
и фундаментальной медицины СО РАН

**Материалы международной  
конференции «Хромосома 2009»**

Новосибирск 2009

The Institute of Chemical Biology and Fundamental  
Medicine of SB RAS

**Abstracts of the International  
Conference “Chromosome 2009”**

Новосибирск 2009

Полученный результат свидетельствует в пользу того, что химерный белок SUUR-TAP способен взаимодействовать с теми же белками-партнерами, что и эндогенный SUUR.

В результате фракционирования по размеру (FPLC) белковых комплексов из полученной линии культуры клеток и последующей детекцией белка SUUR-TAP было показано, что SUUR-TAP находится в составе крупных белковых комплексов (>440 кДа). Нами была проведена двойная аффинная очистка комплексов SUUR-TAP из белковых экстрактов полученной линии культуры клеток. Компоненты комплекса проанализировали при помощи масс-спектрометрии и выявили ряд белков — кандидатов в партнеры SUUR.

На следующем этапе работы предстоит проверка полученных взаимодействий генетическими методами. А также будет проведена двойная аффинная очистка комплексов белка SUUR-TAP из эмбриональных экстрактов дрозофилы, так как наибольшее количество SUUR обнаружено именно в эмбрионах.

#### **ВЛИЯНИЕ СТРУКТУРЫ ХРОМАТИНА НА ОБРАЗОВАНИЕ ПРОЧНЫХ ГИСТОН H<sub>1</sub>-ДНК СШИВОК ПРИ ОБЛУЧЕНИИ ИНТЕРФАЗНЫХ ЯДЕР ВИДИМЫМ СВЕТОМ В ПРИСУТСТВИИ БРОМИСТОГО ЭТИДИЯ**

© Прусов А.Н., Смирнова Т.А., Коломийцева Г.Я., Научно-исследовательский институт физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского Московского государственного университета им. М.В. Ломоносова, электронная почта: prusov@genebee.msu.ru

Для изучения структуры высших уровней упаковки хроматина использовался метод фиксации хроматина интерфазных ядер печени крысы облучением видимым светом (400-550 nm) в присутствии бромистого этидия, приводящий к образованию белок-белковых и ДНК-белковых сшивок. При облучении изолированных в буфере с низкой ионной силой и 5 mM Mg<sup>++</sup> ядер, в конденсированном хромомерном хроматине происходит образование прочно-связанного с хроматином гистона H<sub>1</sub>, не экстрагируемого хлорной кислотой и составляющего до 1% от тотального гистона H<sub>1</sub> (в зависимости от дозы облучения). Однако после гидролиза ДНК эта фракция гистона экстрагируется.

Уменьшение концентрации Mg<sup>++</sup> до 1 mM и соответствующее разворачивание хроматина до 30 нм-вой нуклеомерной фибриллы снижает количество прочно-связанного H<sub>1</sub>. Разворачивание хроматина до растянутых нуклеосомных фибрилл в результате полного удаления Mg<sup>++</sup> с помощью ЭДТА препятствует образованию прочно-связанного H<sub>1</sub>. При последующем возврате ядер в среду с 5 mM Mg<sup>++</sup> способность к образованию прочно-связанного H<sub>1</sub> не восстанавливается. Неполное удаление Mg<sup>++</sup> однократным переводом ядер в среду 20 mM триэтаноламина без магния и последующим возвратом в 5 mM Mg<sup>++</sup> приводит к частичному восстановлению образования прочно-связанного H<sub>1</sub>. При этом разворачивании хроматин представлен не растянутой нуклеосомной фибриллой, а свернутой в кольца небольшого диаметра. Таким образом, разрушение первоначальной компактной структуры хроматина изменяет взаимодействие определенной части гистона H<sub>1</sub> с хроматином. При разворачивании и обратном сворачивании первоначальная структура конденсированного хроматина полностью не восстанавливается.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 09-04-01352а.

#### **РАЗМАХ ИЗМЕНЧИВОСТИ В-ХРОМОСОМ У ВОСТОЧНОАЗИАТСКОЙ МЫШИ *APODEMUS PENINSULAE* (RODENTIA) ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА РОССИИ**

© Рослик Г.В., Картавецова И.В., Биолого-почвенный институт ДВО РАН, Владивосток, roslik\_g@mail.ru

Восточноазиатская мышь *Apodemus peninsulae* является уникальным объектом для исследования, т.к. в ее кариотипе, помимо 48 акроцентрических хромосом основного набора, имеются добавочные (В-) хромосомы, представленными разнообразными размерно-морфологическими типами и варьирующие от 0 до 30 в числе (см. Kartavtseva, Roslik, 2004; Борисов, 2008). Для этого вида установлено также явление мозаицизма, когда число В-хромосом варьирует в разных клетках одной особи (Волобуев, 1979; Раджабли, Борисов, 1979; Bekasova et al., 1980).

При исследовании хромосомных препаратов клеток костного мозга материковых популяций восточноазиатской мыши (n = 355) из 41 точки отлова Дальнего Востока России нами выявлено, что большая

часть особей (87.9 %) оказалась полиморфной, вследствие присутствия в их кариотипах В-хромосом. Из них 61.7 % животных оказались особями-мозаиками, имеющими от 2 до 5 клеточных клонов. Вариации чисел В-хромосом у животных со стабильными кариотипами составили от 0 до 4, а у особей-мозаиков — от 0 до 7. Среднее число В-хромосом на особь (индекс хВ) в разных популяциях варьировало от 0 до 4, а в целом для мышей Дальнего Востока индекс хВ составил 1.65. Показано непостоянство частот встречаемости животных с В-хромосомами и особей-мозаиков между разными выборками. Характерной особенностью кариотипов изученных мышей является преобладание клеток, в которых имеются 1-2 метацентрические В-хромосомы мелких и средних размеров, а также клетки, в которых В-хромосомы отсутствуют. Всего найдено 78 вариантов системы В-хромосом, различающихся сочетаниями числа, размеров и морфологии В-хромосом, причем наибольшее разнообразие вариантов (до 76) отмечено в группе особей-мозаиков. Часто сочетания и соотношения В-хромосом разных размерно-морфологических классов у особей-мозаиков были уникальными.

Предполагается адаптивная роль невысоких чисел В-хромосом (1–2), а также несбалансированность системы В-хромосом для вида в целом. По-видимому, распределение мышей со сходными вариантами системы В-хромосом в дальневосточных популяциях вида имеет хаотичный характер и не связано с географической дифференциацией популяций исследованного региона.

#### **ИНВЕРСИОННЫЙ ПОЛИМОРФИЗМ МАЛЯРИЙНЫХ КОМАРОВ *ANOPHELES MESSEAE* В ЦЕНТРАЛЬНОЙ ЯКУТИИ**

© Русакова А.М.<sup>1</sup>, Артемов Г.Н.<sup>1</sup>,  
Потапова Н.К.<sup>2</sup>, Стегний В.Н.<sup>1</sup>, <sup>1</sup>Научно-  
исследовательский институт биологии и  
биофизики ТГУ center\_cu@res.tsu.ru  
<sup>2</sup>Институт биологических проблем  
криолитозоны СО РАН  
n.k.potapova@ibpc.ysn.ru

В популяциях малярийных комаров *Anopheles* широко распространено явление инверсионного полиморфизма. Инверсионный полиморфизм обеспечивает адаптивную гибкость вида и именно поэтому его можно наблюдать в популяциях, охватывающих большие ареалы как у *An.*

*gambiae* (Coluzzi, 1972), *An. atroparvus* (Frizzi, 1954), *An. arabiensis*, *An. stephensi* (Coluzzi, 1972), *An. darlingi* (Baimai, 1998) *An. messeae* (Стегний, 1976а), *An. beklemishevi* (Стегний, 1976б). Инверсионный полиморфизм в популяциях вида *An. messeae* на территории бывшего СССР всесторонне был изучен в 70-е годы. В ходе проведения этих работ было показано, что в популяциях этого вида происходят сезонное и межгодовое изменение частот инверсий, а также показана клинальная изменчивость изменения частот инверсионных вариантов (Стегний, 1991).

В настоящей работе впервые был проведен анализ инверсионного полиморфизма в популяциях Республики Саха (Якутия): п. Сангар (360 км к северу от Якутска) и трех популяций из окрестностей г. Якутска — п. Сырдах (23 км от Якутска), п. Кильдямцы (30 км от Якутска) и п. Тулагино (27 км от Якутска). Дата сбора 17–20 июля 2007. Цитогенетические препараты политенных хромосом готовили по стандартной лактоацетоорсеиновой методике (Кикнадзе, 1967; Кабанова, 1972).

В популяциях *An. messeae* распространены следующие парацентрические инверсии: две в XL хромосоме (XL<sub>1</sub>, XL<sub>2</sub>) и по одной в хромосомах 2R (2R<sub>1</sub>), 3R (3R<sub>1</sub>), 3L (3L<sub>1</sub>) (Стегний, 1991). По XL хромосоме во всех популяциях с частотой 100% преобладал генотип XL<sub>11</sub> характерный для восточносибирских популяций. По хромосоме 2R наиболее представлены особи с генотипом 2R<sub>00</sub>, однако если в смежных популяциях частота этого варианта составляла более 90%, то в более северной популяции Сангар вклад варианта 2R<sub>00</sub> был не столь значителен из-за присутствия гетерозигот 2R<sub>01</sub> (35%) и гомозигот 2R<sub>11</sub> (8%). По хромосоме 3R распределение частот было сходным во всех популяциях с преобладанием особей с генотипом 3R<sub>11</sub>. В популяции Сангар доля этих особей составила 100%, а в смежных популяциях 93–98%. Гомозиготы 3R<sub>00</sub> встречались только в популяции Сырдах с частотой 5%, а особей гетерозиготных по инверсии можно было наблюдать в популяциях Сырдах, Кильдямцы и Тулагино в виде единичных. По хромосоме 3L в северной популяции Сангар все генотипы были представлены равных долей, тогда как в популяциях Сырдах и Кильдямцы преобладали гетерозиготы 3L<sub>01</sub> с частотами соответственно 70% и 50%. В Тулагино особи