



*Научный совет РАН по биологии развития  
Научный совет РАН по проблемам палеобиологии  
и эволюции органического мира  
Научный совет РАН по экологии биологических систем*

## *СЕМИНАР*

***«Эволюционная биология развития: онтогенетический,  
филогенетический и экологический аспекты»***

**Очередное заседание состоится 18 апреля 2018 г в 12 ч  
в конференц-зале ИПЭЭ им. А.Н. Северцова РАН (Ленинский проспект, 33)**

**Милана Анатольевна Кулакова**

**(САНКТ-ПЕТЕРБУРГСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ)**

***«Эволюционные тенденции в использовании генов  
Нох-кластера: играют ли общие гены по общим  
правилам?»***

Нох-кластер – векторный инструмент для ранней эмбриональной регионализации и последующей спецификации отделов тела билатеральных животных. Это мнение сформировалось благодаря изучению Нох-генов у модельных объектов из двух эволюционных ветвей – Deuterostomia (мышь, *Danio*, *Xenopus*) и Ecdysozoa (*Drosophila*, *Tribolium*). Общность функции Нох-кластера у первичноротых и вторичноротых животных указывает на присутствие этой функции у их последнего общего предка, жившего ~ 600 млн.л.н, а возможно и раньше, в Криогении (Dohrmann, Wörheide, 2017). Стремительное удешевление технологий секвенирования и появление новых методов функционального анализа геномов и транскриптомов (RNAi, CRISPR/Cas9) сильно расширили круг модельных объектов, в том числе за счёт животных с неоднозначной филогенетической позицией (Xenacoelomorpha, Rotifera, Chaetognata) и интересными программами развития (головоногие моллюски, полихеты, брахиоподы, тихоходки, иглокожие). Исследования последних лет выявили, насколько разными могут быть стратегии животных при использовании Нох-кластера. Оказалось, что этап ранней регионализации переднезадней оси тела за счёт колинеарной транскрипции Нох-генов не настолько универсален, как предполагалось. Надо ли пересматривать анцестральную функцию Нох-кластера? Могли ли позвоночные, членистоногие и полихеты независимым образом рекрутировать Нох-гены для работы на более высоких уровнях генной регуляторной сети (GRN), в то время, как их последний общий предок использовал эти гены для «прикладных» задач, например, для упорядоченной осевой дифференцировки отдельных клеточных линий в нервной системе? На эти фундаментальные вопросы нет однозначных ответов. И всё же есть надежда, что подробное исследование структуры GRNs у животных из разных таксонов приблизит нас к пониманию общих эволюционных тенденций в регуляции Нох-генов, что и сделает эти вопросы более конкретными, а значит, разрешимыми.