

**ГЕНЫ, КОДИРУЮЩИЕ РИБОСОМНЫЙ БЕЛОК RPL11 И 5,8S  
РИБОСОМНУЮ РНК У ВИДОВ РОДА *CHIRONOMUS*:  
НУКЛЕОТИДНАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ, ДИВЕРГЕНЦИЯ  
И ХРОМОСОМНАЯ ЛОКАЛИЗАЦИЯ**

© Л. И. Гундерина,<sup>1,\*</sup> А. Д. Брошков,<sup>1,2</sup> О. В. Ермолаева,<sup>1,2</sup> В. В. Голыгина<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, 630090,

<sup>1,2</sup> Кафедра цитологии и генетики Новосибирского государственного университета, Новосибирск, 630090;

\* электронный адрес: gund@bionet.nsc.ru

В состав цитоплазматических рибосом эукариотических клеток входят четыре рибосомных РНК (28S, 18S, 5,8S и 5S) и около 80 рибосомных белков (RP). Тогда как закономерности эволюции и хромосомной локализации генов рРНК изучены достаточно подробно во многих таксономических группах, сведений об особенностях эволюции генов, кодирующих рибосомные белки, немного. Для исследования этой проблемы проведено изучение нуклеотидных последовательностей гена, кодирующего рибосомный белок RPL11, и его хромосомной локализации у 12 видов рода *Chironomus*. Охарактеризован уровень межвидовой и межвидовой изменчивости и установлен высокий процент идентичности нуклеотидных последовательностей гена рибосомного белка *rpl11* среди видов рода *Chironomus*. С использованием FISH установлено, что ген *rpl11* локализуется в единственном сайте — в плече В, вблизи центромеры, в районе 25f. Не обнаружено вариации числа мест локализации этого гена и их расположения в хромосомах у изученных видов хирономид, что свидетельствует об эволюционной консервативности района хромосомы, в котором размещен ген *rpl11*. Сравнение показало, что число и локализация генов *rpl11* и 5,8S rRNA в хромосомах кариотипов изученных видов рода *Chironomus* не совпадают. Полученные результаты позволяют заключить, что эволюция нуклеотидных последовательностей и хромосомной организации генов, кодирующих рибосомный белок *rpl11* и рибосомную 5,8S rRNA, в геномах видов рода *Chironomus* осуществляется независимо.

**Ключевые слова:** *Chironomus*, рибосомные гены, 5,8S rRNA, *rpl11*, политечные хромосомы, картирование генов, FISH.

**Принятые сокращения:** п. н. — пары нуклеотидов, FISH — флуоресцентная *in situ*-гибридизация (fluorescence *in situ* hybridization), RP — рибосомный белок (ribosomal protein), RPL — белок большой субъединицы рибосомы (protein of large ribosomal subunit).

Рибосомы — клеточные органеллы, ответственные за синтез белка во всех клетках живых организмов. Структура эукариотических рибосом формируется ансамблем из 4 рибосомных РНК (18S, 5,8S, 28S и 5S) и примерно 80 рибосомных белков. Рибосомные белки невелики по размеру по сравнению с рибосомными РНК, присутствуют в рибосомах в единичных копиях и кодируются единичными генами. Значительная часть рибосомных белков консервативна и представлена у всех изученных организмов, начиная от бактерий и архей и заканчивая человеком. Сборка рибосом, в которой участвуют как рибосомные белки, так и рибосомные РНК, осуществляется в ядрашках (Yoshihama et al., 2002; Marygold et al., 2007; Klinge et al., 2011; Коробейникова и др., 2012; Kressler et al., 2012; Yutin et al., 2012; Anger et al., 2013). Отмеченные свойства рибосомных белков показывают, что результаты изучения закономерностей эволюции генов, кодирующих как рибосомные белки, так и рибосомные РНК, могут быть использованы в филогенетических исследованиях.

Анализ локализации гена, кодирующего 5,8S рРНК, в кариотипах видов рода *Chironomus* позволил показать су-

ществование межвидовой и внутривидовой вариабельности числа и хромосомной локализации сайтов рРНК у хирономид, обусловленной хромосомными перестройками (инверсиями, делециями и транслокациями), внутри- и межхромосомными рекомбинациями и внедрением мобильных элементов, и установить тем самым основные закономерности эволюционных преобразований хромосомной организации генов рибосомных РНК этой группы двукрылых насекомых (Gunderina et al., 2015).

Что касается генов, кодирующих рибосомные белки у видов рода *Chironomus*, то сведения об особенностях эволюции их нуклеотидных последовательностей и об их организации в геноме малочисленны (Galli, Wieslander, 1992; Martinez-Guitarte et al., 2007; Nair, Choi, 2011; Park, Kwak, 2011), а сопоставление с особенностями эволюции генов рибосомных РНК у этих видов не проводилось вовсе.

Цель настоящей работы состоит в том, чтобы охарактеризовать и сравнить особенности эволюции и хромосомной локализации генов, кодирующих рибосомный белок RPL11 и рибосомную 5,8S РНК, у видов рода *Chironomus*.

## Материал и методика

В работе использовали виды рода *Chironomus* из двух подродов — *Chironomus* (*Ch. agilis* Schobanov et Djomin, 1988, *Ch. balaticus* Devai, Wuelker et Scholl, 1983, *Ch. entis* Schobanov, 1989, *Ch. muratensis* Ryser, Scholl et Wuelker, 1983, *Ch. nudiventris* Ryser, Scholl et Wuelker, 1983, *Ch. plumosus* (Linnaeus), 1758, *Ch. riparius* Meigen, 1804, *Ch. sororius* Wuelker, 1973, *Ch. dorsalis* Meigen, 1818, *Ch. melanescens* Keyl, 1961) и *Camptochironomus* (*C. setivalva* Shilova, 1957, *C. tentans* Fabricius, 1805).

Личинок фиксировали в 96%-ном этаноле (для последующего выделения ДНК) или в смеси 96%-ного этанола и ледяной уксусной кислоты (3 : 1) (для изготовления препаратов политетенных хромосом из клеток слюнных желез для последующего анализа методом FISH) и хранили при  $-20^{\circ}\text{C}$ . Идентификацию видов проводили по морфологическим признакам личинок и путем цитогенетического анализа последовательностей дисков в политетенных хромосомах слюнных желез личинок хирономид (Кикнадзе и др., 1991).

Локализацию изучаемых генов на хромосомах проводили, используя метод флуоресцентной *in situ*-гибридизации (FISH).

Геномную ДНК изолировали из индивидуальных личинок, используя набор DNeasy Blood and Tissue Kit (QIAGEN) по прописи производителя. ДНК-зонды получали путем полимеразной цепной реакции (ПЦР) со специфическими праймерами для гена, кодирующего RPL11, — 5'-AGATCCCGTAAGCTTGCC-3' (RPL11F) и 5'-CAT-CTTCTGTTGGAACC-3' (RPL11R) (Martinez-Guitarte et al., 2007) и для последовательностей рpPHK — 5'-GTAA-CAAGGTTCCGTAGG-3' (chir5F) и 5'-CGACACTCAAC-CATATGTACC-3' (chir5R) (Gunderina, Katokhin, 2011; Гундерина, 2013). В качестве матрицы использовали геномную ДНК. Продукты амплификации очищали с помощью набора для выделения ДНК из агарозного геля MinElute Gel Extraction Kit (QIAGEN). Очищенные продукты секвенировали в обоих направлениях на приборе ABI PRISM 3100 analyzer с помощью набора BigDye Terminator kit. Секвенирование ДНК проводили с использованием ресурсов ЦКП «Геномика» СО РАН, Новосибирск (<http://sequest.niboch.nsc.ru>).

Нуклеотидные последовательности, использованные в качестве ДНК-зондов, выравнивали для характеристики межвидовых различий, применяя программу MUSCLE (Edgar, 2004) (<http://www.ebi.ac.uk>). Молекулярно-генетический анализ этих последовательностей осуществлялся с помощью пакета программ MEGA 6 (Tamura et al., 2013). Для молекулярно-генетической характеристики фрагментов рpPHK использовали последовательности, депонированные нами в базу данных GenBank под номерами GU053586, GU053590, GU053597 и GU053603.

Метод изготовления препаратов политетенных хромосом слюнных желез личинок хирономид для FISH и протокол проведения FISH описаны ранее (Gunderina et al., 2015). ДНК-зонды метили, применяя биотин-11-dUTP или дигоксигенин-11-dUTP (Roche). Осаждение ДНК-зондов проводили по стандартной методике с использованием фрагментированной ДНК лосося в качестве ДНК-носителя. Анализ препаратов проводили с помощью оборудования ЦКП микроскопического анализа биологических объектов СО РАН (<http://www.bionet.nsc.ru/labs/viv/index.php?id=113>) : микроскопа AxioP-

lan2 Imaging, CCD-камеры Axio Cam HRc и пакета программ Isis 4 (Zeiss).

Картирование политетенных хромосом проводили по системе Кайла—Деваи (Keyl, 1962; Devai et al., 1989) для видов хирономид из подрода *Chironomus* и по системе Бермана (Beermann, 1955) для видов из подрода *Camptochironomus*.

## Результаты и обсуждение

В полимеразной цепной реакции были получены фрагменты гена, кодирующего рибосомный белок RPL11, у 12 изученных видов рода *Chironomus*. Нуклеотидные последовательности фрагментов этого гена были секвенированы у четырех видов — *Ch. balaticus*, *Ch. plumosus*, *Ch. dorsalis* и *Ch. riparius* (рис. 1).

Анализ показывает, что межвидовая эволюционная дивергенция гена, кодирующего рибосомный белок RPL11, выше, чем у гена, кодирующего 5,8S pPHK, но значительно ниже, чем дивергенция последовательностей из сайта pPHK, включающих в себя наряду с геном 5,8S rRNA последовательность ITS1 (внутренний транскрибуируемый спейсер 1, разделяющий 18S и 5,8S pPHK в локусе pPHK). Напротив, доля идентичности нуклеотидных последовательностей разных видов, характеризующая степень консервативности гена, у видов рода *Chironomus* достигает наибольших значений для гена, кодирующего 5,8S pPHK. Несколько ниже доля идентичности нуклеотидных последовательностей генов, кодирующих рибосомный белок RPL11. Наиболее сильные межвидовые различия демонстрируют объединенные последовательности ITS1 и 5,8S pPHK (см. таблицу). Высокая консервативность нуклеотидных последовательностей гена, кодирующего 5,8S pPHK, сопровождается их низкой межвидовой изменчивостью, поэтому этот ген является малоэффективным для исследований молекулярной эволюции видов рода *Chironomus*. Вместе с тем ген рибосомного белка RPL11, демонстрируя высокую долю идентичности среди видов рода *Chironomus*, проявляет и достаточно высокий уровень внутривидовой и межвидовой изменчивости нуклеотидных последовательностей (рис. 1; см. таблицу). Это создает хорошие предпосылки для использования гена, кодирующего рибосомный белок RPL11, при исследовании закономерностей эволюции геномов видов рода *Chironomus*.

Построение деревьев филогенетических связей между изученными видами хирономид для генов, кодирующих рибосомную РНК и рибосомный белок RPL11, и их анализ показывают, что они имеют одинаковую топологию (рис. 2). На каждом из деревьев представлено два дискретных кластера. Один образован видами *Ch. balaticus* и *Ch. plumosus* из группы видов-двойников *Ch. plumosus*. Во второй кластер входят *Ch. dorsalis* и *Ch. riparius*. Вид *Ch. dorsalis* — представитель цитокомплекса *pseudothummi*, характеризующегося сочетанием плеч в хромосомах AE, BF, CD и G. Вид *Ch. riparius* входит в состав цитокомплекса *thummi* с сочетанием плеч AB, CD, EF и G. Однако по всем молекулярно-генетическим характеристикам, кроме сочетания плеч в хромосомах, *Ch. riparius* соответствует цитокомплексу *pseudothummi*. Согласно гипотезе Кайла (Keyl, 1962), это является результатом транслокации плеч первой и третьей хромосом, произошедшей у этого вида относительно недавно в эволюции рода *Chironomus*. Совпадение топологии дерев-



Рис. 1. Множественное выравнивание нуклеотидных последовательностей фрагмента гена *rpl11* четырех видов рода *Chironomus* (*Ch. balatonicus*, *Ch. plumosus*, *Ch. dorsalis* и *Ch. riparius*).

вьев свидетельствует о том, что в ходе эволюции видов рода *Chironomus* гены, кодирующие рибосомный белок RPL11 и рибосомную РНК, дивергируют сходным образом.

FISH ДНК *rpl11* с картиотипами видов подрода *Chironomus* показал, что у всех двенадцати видов наблюдается только один сайт гибридизации этой ДНК с хромосомами, расположенный в прицентромерном районе (25f) плеча B (рис. 3, а, в, г). Ни у одного из этих видов локализация гена *rpl11* в хромосомах не совпадает с локализацией гена 5,8S rRNA. Число сайтов гена рибосомной РНК и их локализация в хромосомах у изученных видов хирономид варьируют в широких пределах (Gunderina et al., 2015).

#### Изменчивость нуклеотидных последовательностей генов, кодирующих рибосомный белок RPL11 и рибосомную РНК, у четырех видов рода *Chironomus* (*Ch. balatonicus*, *Ch. plumosus*, *Ch. dorsalis* и *Ch. riparius*)

Ген	Длина изученного фрагмента, п. н.	Эволюционная дивергенция	Доля идентичности нуклеотидных последовательностей, %
<i>rpl11</i>	429	0.046	93—99
5,8S rRNA+ITS1	411	0.175	82—96
5,8S rRNA	123	0.003	98—100

Примечание. Эволюционная дивергенция — средняя дистанция между нуклеотидными последовательностями четырех видов хирономид (среднее число замен нуклеотидов на сайт); в графе «Доля идентичности нуклеотидных последовательностей» представлены соответствующие минимальное и максимальное значения для четырех видов хирономид.

У *Ch. plumosus* и пяти других видов подрода *Chironomus* (*Ch. entis*, *Ch. riparius*, *Ch. sororius*, *Ch. dorsalis* и *Ch. melanescens*) ген 5,8S rRNA всегда расположен в единственном сайте в плече G (рис. 3, б). В картиотипах *Ch. agilis*, *Ch. balatonicus* и *Ch. nudiventris* насчитывается два или три сайта локализации гена 5,8S rRNA в плечах G и D. У *C. muratensis* найдено 6 сайтов локализации гена РНК в 5 плечах хромосом картиотипа (B, C, D, F и G), различающихся по интенсивности сигнала гибридизации (рис. 3, в). Однако, несмотря на межвидовое разнообразие локализации гена 5,8S rRNA в хромосомах хирономид, ген *rpl11* у всех этих видов расположен в одном и том же месте — в прицентромерном районе B-плеча. Причем его местоположение в

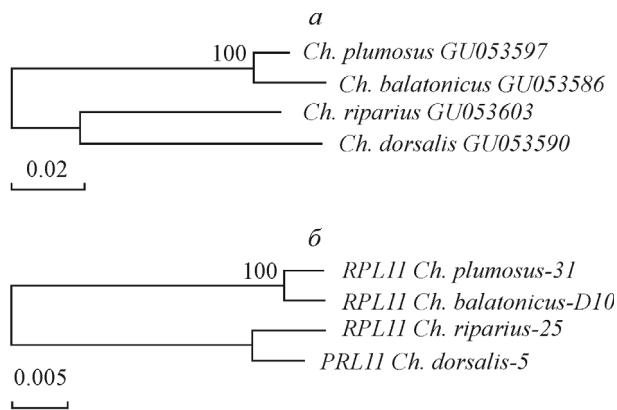


Рис. 2. Дерево филогенетических связей (Neighbor-Joining) между видами рода *Chironomus* для нуклеотидных последовательностей фрагментов генов *rRNA* (а) и *rpl11* (б).

Величина бутстрепа (1000 репликаций) указана над ветвями.

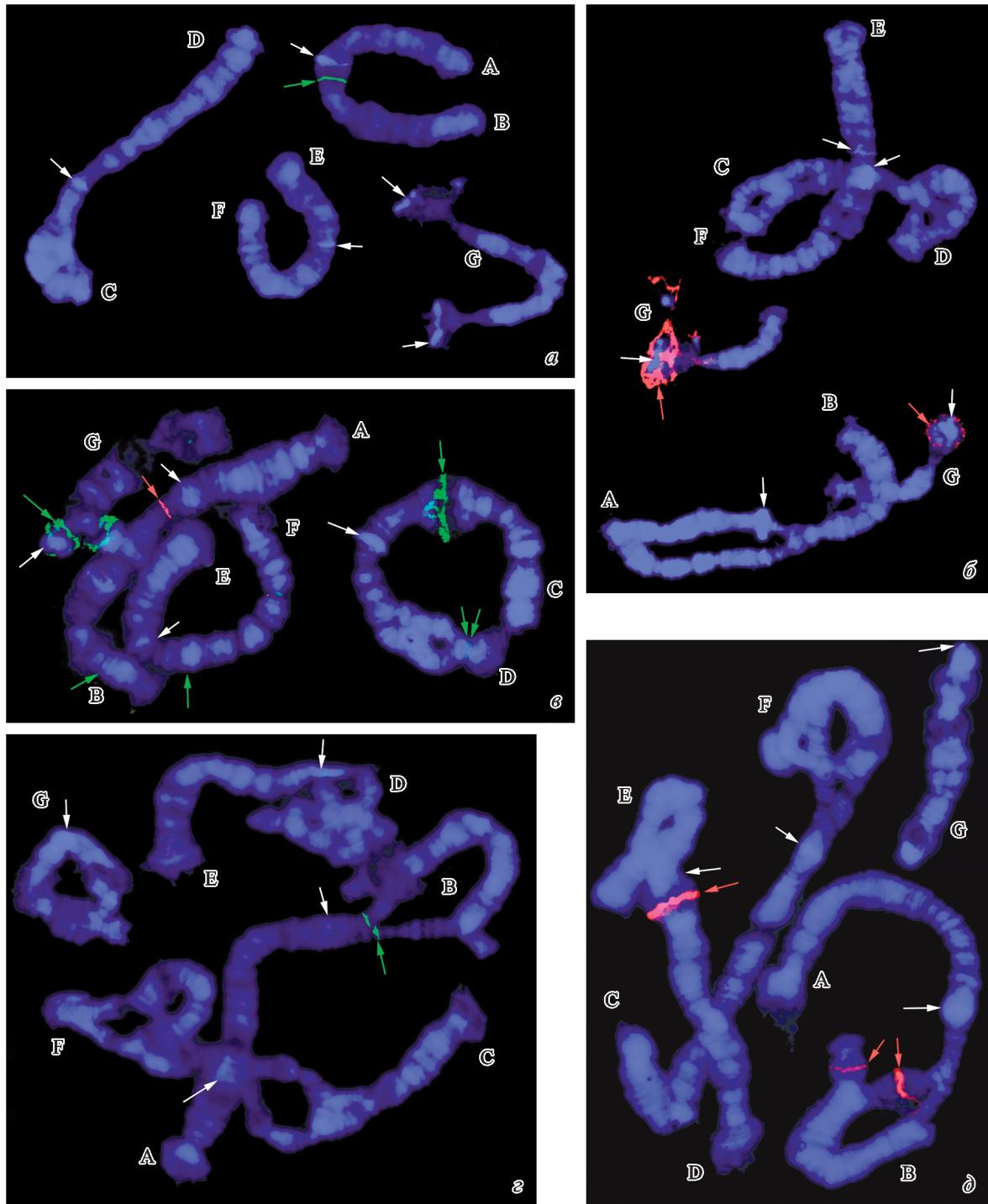


Рис. 3. Флуоресцентная *in situ*-гибридизация ДНК-зондов  $5,8S\text{ }pPHK$  и  $rpl11$  с политечными хромосомами видов рода *Chironomus*.

*a* — гибридизация ДНК-зонда  $rpl11$  (зеленый сигнал) с хромосомами *Ch. plumosus*; *b* — гибридизация ДНК-зонда  $5,8S\text{ }pPHK$  (красный сигнал) с хромосомами *Ch. plumosus*; *c* — гибридизация ДНК-зондов  $5,8S\text{ }pPHK$  (зеленый сигнал) и  $rpl11$  (красный сигнал) с хромосомами *Ch. muratensis*; *d* — гибридизация ДНК-зонда  $rpl11$  (зеленый сигнал) с хромосомами *Ch. tentans*; *e* — гибридизация ДНК-зонда  $5,8S\text{ }pPHK$  (красный сигнал) с хромосомами *Ch. tentans*. Прописными буквами обозначены плечи хромосом, белыми стрелками — центромерные районы, красными и зелеными стрелками — места локализации ДНК-зондов. Об. 40 $\times$ .

плече В (25f) не совпадает с позицией гена  $5,8S\text{ }rRNA$  в этом плече (24i-j) у *Ch. muratensis* (рис. 3, *e*).

У видов из подрода *Camptochironomus* ген  $5,8S\text{ }rRNA$  может быть локализован в одном сайте — в плече В (в районе 9a—b), как у *C. setivalva*, или в двух сайтах —

в районе 9a—b плеча В и в плече D, как у *C. tentans* (Gunderina et al., 2015). Однако ген  $rpl11$  у этих видов локализован только в одном сайте — в плече В, в районе 10C, не совпадающем с районом расположения гена  $5,8S\text{ }rRNA$  (9a—b) (рис. 3, *c*, *d*). Следует отметить, что район 10C

В-плеча хромосом видов подрода *Camptochironomus*, картированных по Беерману (Beermann, 1955), гомологичен району 25f В-плеча хромосом видов подрода *Chironomus*, картированных по Девай с соавторами (Devai et al., 1989).

До настоящего времени сведения о локализации гена *rpl11* в хромосомах хирономид имелись только для *Ch. riparius* (Martinez-Guitarte et al., 2007). Сравнение показывает полное совпадение локализации гена *rpl11* в хромосомах этого вида в обеих работах.

Полученные данные позволяют заключить, что у видов рода *Chironomus* нуклеотидные и аминокислотные последовательности генов, кодирующих рибосомный белок RPL11, демонстрируют высокую степень гомологии между видами. Нуклеотидные последовательности гена *rpl11* более вариабельны, чем нуклеотидные последовательности гена 5,8S rRNA. Ген *rpl11* локализован в районе 25f хромосомного плеча В у видов подрода *Chironomus* и в гомологичном ему районе 10C В-плеча у видов подрода *Camptochironomus*. Сайт локализации гена *rpl11* не совпадает ни с одной из позиций в хромосомах, в которых обнаружен ген, кодирующий рРНК.

Полученные данные позволяют полагать, что ген *rpl11* является перспективным маркером для исследования эволюции генома в роде *Chironomus*.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (проект 14-04-01126), а также бюджетного проекта VI.53.1.4.

### Список литературы

- Гундерина Л. И. 2013. Конструирование молекулярных маркеров для идентификации видов рода *Chironomus* (Diptera, Chironomidae). Зоол. журн. 92 (7) : 849—858. (Gunderina L. I. 2014. Design of molecular markers for identification of species of the genus *Chironomus* (Diptera, Chironomidae). Entomol. Rev. 94 : 140—148.)
- Кикнадзе И. И., Шилова А. И., Керкис И. Е., Шобанов Н. А., Зеленцов Н. И., Гребенок Л. П., Истомина А. Г., Прасолов В. А. 1991. Кариотипы и морфология личинок трибы Chironomini. Атлас. Новосибирск: Наука. 115 с. (Kiknadze I. I., Shilova A. I., Kerkis I. E., Shobanov N. A., Zelentsov N. I., Grebenjuk L. P., Istomina A. G., Prasolov V. A. 1991. Karyotypes and larval morphology in the tribe Chironomini. Atlas. Novosibirsk: Nauka. 115 p.)
- Коробейникова А. В., Гарбер М. Б., Гонгадзе Г. М. 2012. Рибосомные белки: структура, функция и эволюция. Биохимия. 77 (6) : 686—700. (Korobeinikova A. V., Garber M. B., Gonagadze G. M. 2012. Ribosomal proteins: structure, function, and evolution. Biochemistry (Moscow). 77 (6) : 562—574.)
- Anger A. M., Armache J. P., Berninghausen O., Habeck M., Subklewe M., Wilson D. N., Beckmann R. 2013. Structures of the human and *Drosophila* 80S ribosome. Nature. 497 : 80—85.
- Beermann W. 1955. Cytologische Analyse eines *Camptochironomus*-Artbastards. I. Kreuzungsergebnisse und die Evolution des Karyotypus. Chromosoma. 7 : 198—259.
- Devai G., Miskolci M., Wulker W. 1989. Standardization of chromosome arms B, C and D in *Chironomus* (Diptera, Chironomidae). Advances in chironomidology. Part I. Acta biol. Debr. Oecol. Hung. 21 : 79—92.
- Edgar R. C. 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. Nucl. Acids Res. 32 : 1792—1797.
- Galli J., Wieslander L. 1992. Structure of a gene in the dipteran *Chironomus tentans* encoding a yeast ribosomal YL10 protein homologue. Nucl. Acids Res. 20 : 5473.
- Gunderina L., Golygina V., Broshkov A. 2015. Chromosomal organization of the ribosomal RNA genes in the genus *Chironomus* (Diptera, Chironomidae). Comp. Cytogenet. 9 : 201—220.
- Gunderina L. I., Katokhin A. V. 2011. Variation and divergence of the rDNA ITS-1 region in species of the genus *Chironomus* (Diptera: Chironomidae). In: Contemporary Chironomid Studies. Proc. of the XVII International Symposium on Chironomidae July 6—9, 2009, Nankai University, China: Nankai Univ. Press. 22—35.
- Keyl H.-G. 1962. Chromosomenrevolution bei *Chironomus*. II. Chromosomenumbauten und phylogenetische Beziehungen der Arten. Chromosoma. 13 : 464—514.
- Klinge S., Voigts-Hoffmann F., Leibundgut M., Arpagaus S., Ban N. 2011. Crystal structure of the eukaryotic 60S ribosomal subunit in complex with initiation factor 6. Science. 334 : 941—948.
- Kressler D., Bange G., Ogawa Y., Stjepanovic G., Bradtach B., Pratte D., Amlacher S., Strauß D., Yoneda Y., Katahira J., Sinning I., Hurt E. 2012. Synchronizing nuclear import of ribosomal proteins with ribosome assembly. Science. 338 : 666—671.
- Martinez-Guitarte J. L., Planelló R., Morcillo G. 2007. Characterization and expression during development and under environmental stress of the genes encoding ribosomal proteins L11 and L13 in *Chironomus riparius*. Comp. Biochem. Physiol. B, Biochem. Mol. Biol. 147 : 590—596.
- Marygold S. J., Roote J., Reuter G., Lambertsson A., Ashburner M., Millburn G. H., Harrison P. M., Yu Z., Kenmochi N., Kaufman T. C., Leevers S. J., Cook K. R. 2007. The ribosomal protein genes and *Minute* loci of *Drosophila melanogaster*. Genome Biol. 8 : R216.
- Nair P. M. G., Choi J. 2011. Characterization of a ribosomal protein L15 cDNA from *Chironomus riparius* (Diptera; Chironomidae): transcriptional regulation by cadmium and silver nanoparticles. Comp. Biochem. Physiol. B, Biochem. Mol. Biol. 159 : 157—162.
- Park K., Kwak I.-S. 2011. Ribosomal protein S3 gene expression of *Chironomus riparius* under cadmium, copper and lead stress. J. Toxicol. Environ. Health Sci. 3 : 347—355.
- Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A., Kumar S. 2013. MEGA6 : Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. Mol. Biol. Evol. 30 : 2725—2729.
- Yoshihama M., Uechi T., Asakawa S., Kawasaki K., Kato S., Higa S., Maeda N., Minoshima S., Tanaka T., Shimizu N., Kenmochi N. 2002. The human ribosomal protein genes: sequencing and comparative analysis of 73 genes. Genome Res. 12 : 379—390.
- Yutin N., Puigbò P., Koonin E. V., Wolf Y. I. 2012. Phylogenomics of prokaryotic ribosomal proteins. PLoS ONE. 7 : e36972.

Поступила 1 XII 2015

GENES CODING RIBOSOMAL PROTEIN RPL11 AND 5,8S RIBOSOMAL RNA  
IN SPECIES OF GENUS *CHIRONOMUS*: NUCLEOTIDE VARIABILITY,  
DIVERGENCE AND CHROMOSOMAL LOCATION

*L. I. Gunderina*<sup>1,\*</sup> *A. D. Broshkov*<sup>1,2</sup> *O. V. Ermolaeva*<sup>1,2</sup> *V. V. Golygina*<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Institute of cytology and genetics, Siberian Branch of RAS, Novosibirsk, 630090,  
and <sup>2</sup> Novosibirsk State University, Chair of Cytology and Genetics, Novosibirsk, 630090;

\* e-mail: gund@bionet.nsc.ru

Ribosomes of eukaryotic cells contain four rRNA's (28S, 18S, 5,8S and 5S) and about 80 ribosomal proteins (RP). Whereas the patterns of evolution and chromosomal location of rRNA genes are studied rather extensively in many taxonomic groups, there is only scarce information about evolution of genes coding ribosomal proteins. To obtain more information about evolution of ribosomal protein genes, the study of the nucleotide sequences and chromosomal location of *rp111* gene was carried out in 12 species of the genus *Chironomus*. Characteristics of intra- and interspecific variability of this gene have been obtained and a high percentage of identity has been shown between nucleotide sequences of different species from the *Chironomus*. FISH analysis has shown that ribosomal protein gene *rp111* is located in a single site (region 25f), near centromere of the arm B. No variations in the number of sites and chromosomal position of the gene were observed in the karyotypes of the studied chironomid species indicating the evolutionary conservation of the chromosomal region where *rp111* is located. We have established that the number and location of *rp111* gene in chromosomal karyotypes of studied chironomid species do not coincide with the number and positions of 5,8S rRNA gene. The data obtained allow to conclude that the evolution of nucleotide sequences and chromosomal location of *rp111* and 5,8S rRNA genes in genomes of *Chironomus* species occurred independently.

**Key words:** *Chironomus*, ribosomal genes, 5,8S rRNA, *rp111*, polytene chromosomes, gene mapping, FISH.