

Юбилей Вавиловского общества генетиков и генетика в нашем обществе

В Москве 8-10 ноября прошел съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров в формате Всероссийской конференции «50 лет ВОГиС: успехи и перспективы».

Краткая справка: Всесоюзное общество генетиков и селекционеров им. Н.И.Вавилова (ВОГиС) как научное общество было создано в 1966 г., обозначив преодоление темной полосы лысенковщины и возрождение генетических исследований в СССР. Первым президентом ВОГиС был акад. Б.Л.Астауров (1966-1972). В годы расцвета в обществе насчитывалось до 10 тысяч членов. В пост-советской России в 1992 г. его преемником стало Вавиловское общество генетиков и селекционеров (с той же аббревиатурой ВОГиС), имеющее статус межрегиональной общественной организации.

Истории ВОГиС и шире – драматической истории отечественной генетики, разгромленной в период лысенковщины, было посвящено выступление академика РАН Сергея Георгиевича Инге-Вечтомова (*в ближайшее время можно посмотреть его видеозапись на сайте ИОГен РАН*).



Одним из центральных пленарных выступлений стал тройной доклад академика РАН Игоря Анатольевича Тихоновича (президент ВОГиС), академика РАН Николая Александровича Колчанова и академика РАН Николая Казимировича Янковского под названием «Успехи генетики». Собственно, это был не один, а три доклада, объединенные одной глобальной темой.

Генетические карты и метагеномика

Академик И.А.Тихонович начал с обращения к первому съезду ВОГиС в 1966 г., приведя высказывание акад. В.Н. Столетова в контексте того, что целью общества является научный приоритет советских ученых в области генетики: «Нам не нужны какие-то самобытные, только для советских людей значимые научные открытия, а открытия, признаваемые всем миром, то

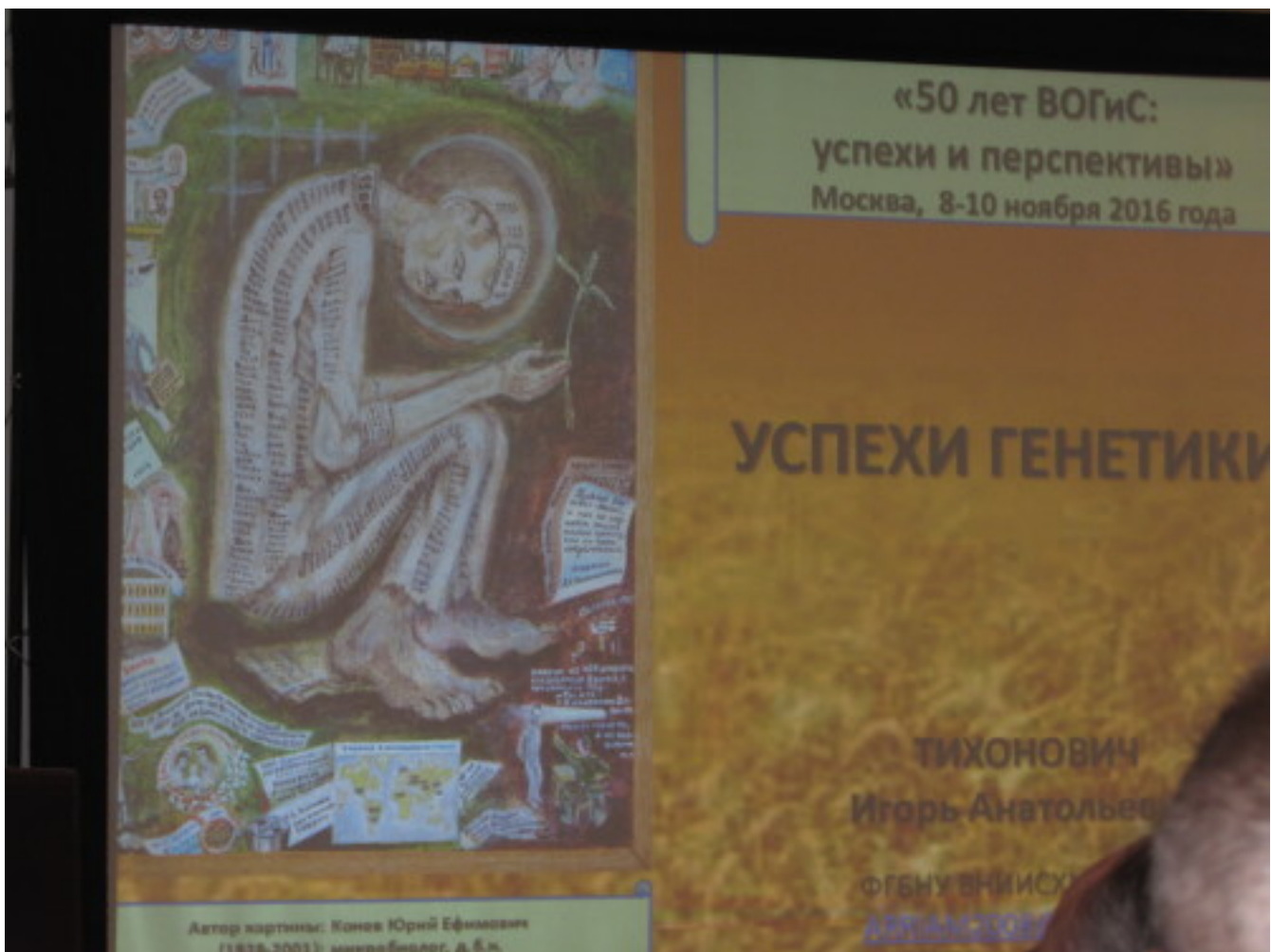
есть истинные научные открытия». Эту концепцию открытости фундаментальной науки И.А.Тихонович продолжил выводами о необходимости публикации фундаментальных работ в мировых рецензируемых научных журналах, оставив для публикации в российских журналах работы, носящие прикладной характер. Он также обратился к классикам отечественной генетики – Б.Л. Астаурову, Г.В.Лопашеву, Н.П.Дубинину, которые в совместной статье сформулировали задачи генетики на ближайшие 50 лет: структура и функция гена в системах генотипов; ядерно-плазменное соотношение в клетке и удельный вес цитоплазматической наследственности; изменения или комбинация генов и системный контроль генетических процессов.

Обзор успехов современной генетики И.А.Тихонович построил в соответствии с этими сформулированными задачами. Он рассказал о расширении возможностей генетического анализа с внедрением в него компонентов, не привязанных к структуре гена, — в первую очередь, это эндонуклеазы рестрикции. О развитии системы ДНК-маркеров, при помощи которых можно, например, построить генетическую карту сельхозкультуры и связать молекулярные маркеры с хозяйственно ценными признаками. О развитии обратной генетики (от гена к признаку), когда, имея полное описание всех аллелей, можно задавать фенотип растения или животного. Рассказал про изучение белок-белковых взаимодействий на примере исследований прионов (Санкт-Петербургский университет) и шире — про «омики» (протеомика, транскриптомика и т.д.) как разные грани исследования разнообразия. Наконец, про метод редактирования генома CRISPR — пик развития молекулярно-генетических технологий.

В докладе прозвучала и такая концепция, что некоторые полезные признаки (у растений) возникают как продукт не только его собственного генома, но взаимодействия генома растения и почвенных микроорганизмов: «Многие признаки, за которыми охотятся селекционеры, это гены «хостинга», которые размещают гены микроорганизма в нужных местах». Это метагеномика. В рамках которой появился и проект «Метагеном России», который сейчас находится на стадии подготовке к представлению.

И.А.Тихонович упомянул о и о двух правительственных инициативах, которые нуждаются в проработке со стороны ВОГиС. Первая — это федеральный закон о генетических коллекциях, «который бы поставил эту область на прочную финансовую основу». И вторая – подготовка к организации конкурса по поддержке высокотехнологичных генетических лабораторий. Правительство готово его организовать, сказал он, от нас ждут предложений по показателям деятельности лабораторий.

Академик закончил свое выступление заглавной картинкой своей презентации, на которой изображен стилизованный иконописный портрет Н.И.Вавилова (автор микробиолог Ю.Е.Конев). Прокомментировав ее такими словами: «На достижения классиков науки не надо молиться, надо подвергать их критическому анализу, но брать пример с их жизненного подвига – совершенно необходимо».



Эпигенетика и редактирование генома

Вторая часть тройного доклада – выступление академика Н.А.Колчанова, была посвящена роли новых современных методов в изменении наших знаний о геноме. Методы секвенирования нового поколения позволили гораздо эффективнее накапливать информацию о генетическом разнообразии и продвинуться в понимании того, как работает геном. Появилась возможность экспериментально исследовать работу белков – транскрипционных факторов и даже предсказывать места сайтов их связывания. Система из множества транскрипционных факторов определяет, какие белки должны в данный момент синтезироваться в той или иной клетке. Благодаря пространственной перестройке хроматина какие-то участки ДНК открываются для экспрессии генов, какие-то закрываются.

Эти модификации состояния хроматина – один из механизмов эпигенетики – могут передаваться в поколениях. Экспериментально показано, что такие модификации возникают под действием разных факторов (в том числе алкоголь, наркотики, стресс) в период раннего развития и передаются на ограниченное число поколений. (Эпигенетика сегодня зачастую служит козырем у апологетов Лысенко, тогда как она не имеет к нему никакого отношения, и необходимо предостеречь от ее вульгарного понимания – об этом сказал акад. В.А.Гвоздев при вручении ему медали ВОГиС).

Н.А.Колчанов рассказал про исследование трехмерной укладки ДНК, которое показало, что это очень консервативный признак у млекопитающих; про реконструкцию работы генов в интерфазном ядре. Упомянул о понятии хромоперона – это территория хромосом, которая обслуживается общими ферментами и транскрипционными факторами. При хромосомных перестройках – транслокациях – хромопероны нарушаются, и это приводит к большим изменениям, хотя набор генов остается тем же.

Развитие метода широкогеномного исследования ассоциаций (GWAS) помимо стремительного накопления данных по локусам, связанным со сложными признаками и с болезнями, привело к открытию «феномена потерянной наследуемости». Пример – все генетические вариации, которые связаны с ростом человека, суммарно определяют всего лишь 10% его изменчивости. Остальное зависит от взаимодействия генов: экспрессия одного гена может изменять экспрессию другого гена, на другой хромосоме. Система положительных и отрицательных обратных связей формирует сложные генные сети взаимодействий, которые и регулируют активность генов в каждой клетке.

Н.А.Колчанов также уделил внимание методам редактирования генома – CRISPR – которые уже опробованы на многих сельскохозяйственных культурах и сегодня стали вполне реальной альтернативой ГМО.

Зачем стране генетика

Академик Н.К.Янковский в своем выступлении убедительно показал, как фундаментальные генетические знания – пусть не сразу, а через много лет — становятся востребованными обществом и государством.

Он продемонстрировал это на примере работ двух выдающихся генетиков – Юрия Петровича Алтухова и Юрия Григорьевича Рычкова, которые были очень разными, хотя иногда работали вместе, «не всегда гладко, но всегда продуктивно». Результат их совместного труда – это обоснование системной, иерархически структурированной организации популяций в природе, обеспечивающей способность к устойчивому длительному существованию.

Академик Ю.П.Алтухов (в течение 10 лет возглавлявший Институт общей генетики), работая с самыми разными видами, предложил новую модель видообразования, подходы к генетическому мониторингу популяций, понятие об оптимуме генетического разнообразия, обнаружил связь гетерозиготности генома, скорости роста, созревания и продолжительности жизни. Он основал отечественную научную школу биохимической генетики популяций и сравнительной генетики вида. Из этих работ в 90-е годы родилась Программа фундаментальных исследований президиума РАН «Динамика генофондов», которая была и остается направляющей и консолидирующей основой для десятков биологических институтов, сказал Н.К.Янковский.

Исследования профессора Ю.Г.Рычкова, начатые на каф. антропологии и продолженные в ИОГен РАН, отличались междисциплинарностью. Вот несколько направлений, которые были им охвачены: этническая антропология и расоведение, генетическая адаптация человека к экстремальным условиям, теория и методы этнической генетики, проблемы генофонда народонаселения, теория и методы геногеографии, демографическая генетика.

Как отмечает Н.К.Янковский, Ю.Г.Рычков все время дистанцировался от конъюнктуры и от того, что может принести практическую пользу. Однако, как он сам писал про генетику народонаселения «Через эту новую область знания установились... множественные связи с обществом, которое проявило и проявляет обостренный интерес к проблеме генофонда народонаселения». Это стало очевидным, когда исследования Ю.Г.Рычкова продолжились его сыном (к.б.н. С.Ю. Рычков) и его учениками (д.б.н. Е.В.Балановская, д.б.н. О.П.Балановский, д.б.н. О.В.Жукова), что нашло отражение в многочисленных статьях (в том числе в Nature) и в книгах («Русский генофонд на Русской равнине» и «Генофонд Европы»).

По словам Н.К.Янковского, «Ю.Г.Рычков опередил свое время и не был нужен «передовым направлениям» лет тридцать. Ну зачем финансировать десятки лет ни на что не влияющую наследственную изменчивость человека в географическом пространстве?» Но в 2011 году «работы школы Рычкова стали нужны всем силовикам сразу». Террорист-смертник произвел взрыв в Домодедово, и к генетикам обратились из Следственного комитета с просьбой узнать что-либо по его ДНК, оставшейся на месте взрыва. Никаких сведений о террористе в базах данных не было. Но его Y-хромосома принадлежала к редкой гаплогруппе, которая распространена на ограниченной территории. Генетики (группа д.б.н. Е.В.Балановской и д.б.н. О.П.Балановского) описали район происхождения террориста, и криминалисты за пару недель обследовали этот район, установив личность преступника. Второй пример – в 2013 году специалисты НИИ медицинской генетики в Томске (под руководством д.б.н. В.А.Степанова) по ДНК установили регион происхождения новосибирского маньяка-педофила, которого не могли поймать почти 10 лет. После этого, сузив по исследованию ДНК преступника круг поиска до одной национальной группы, весьма малочисленной в Новосибирске, силовики нашли его в течение нескольких недель.

На развитие таких исследований направлена Программа Союзного государства по ДНК-идентификации. Ее цель – сделать всю территорию России и Белоруссии информативной для определения региона происхождения.

Н.К.Янковский остановился и на другом направлении, которое также является развитием работ Ю.Г. Рычкова. Это исследования д.б.н. О.Л.Курбатовой по демографической генетике. Они позволяют объективно оценить интенсивность миграций в стране. Это важно не только с социальной, но и с медицинской точки зрения, поскольку в разных популяциях различается частота аллелей, ассоциированных с заболеваниями. Поэтому, например, миграции из Африки и Юго-Восточной Азии приводят к снижению в Европе доли устойчивых к ВИЧ генотипов, к повышению частоты некоторых других заболеваний. Зная динамику миграций, можно прогнозировать изменение эпидемиологической обстановки.

В заключение Н.К.Янковский особо подчеркнул «использование генетики как нового инструмента для изучения материальной и духовной культуры человека через проверку существующих и создание новых знаний; и применение генетических технологий в социальных практиках государственной значимости (таких как проект ДНК-идентификации)». И подытожил: «Мы можем и должны предъявлять свои знания и умения в фундаментальных областях как нужные государству».

Полные видеозаписи докладов И.А.Тихоновича, Н.А.Колчанова и Н.К.Янковского в ближайшее время можно будет посмотреть на сайте ИОГ ен РАН.

текст Надежды Маркиной