

НАУЧНЫЕ СБОРЫ

Раскрывая тайны хромосом

Начало первого осеннего месяца было отмечено значимым для научного сообщества событием: со 2 по 7 сентября в Новосибирске проходила Международная научная конференция «Хромосома-2012», подготовленная Сибирским отделением РАН, в частности Институтом молекулярной и клеточной биологии. Об этом — наш разговор с директором ИМКБ академиком И.Ф. Жимулёвым.

— Игорь Федорович, как вы пришли к проведению такой конференции, долги ли был путь от идеи до реализации?

— Надо сказать, что в России исследование хромосом (цитогенетика) всегда было на самом высоком уровне с 20-х годов прошлого века. Тогда их изучением занималась С.Л. Фролова, публикуя результаты в «Nature». Можно назвать и много других имён, да что там — в этой области пальма первенства во все времена принадлежала русским учёным. Несмотря на гонения, российская школа цитогенетики всегда была самой сильной и пользовалась уважением в мире. Американцы шутят — «не каждый русский — цитогенетик, но каждый цитогенетик — русский». Даже одно из ключевых понятий — карิโอ-тип, что означает набор хромосом — предложил в 1924 году советский генетик Г.И. Левинский. А инициатором и идейным вдохновителем организации первой конференции подобного типа в 1968 году (тогда это был, скорее, научный семинар) стала А.А. Прокофьева-Бельговская — одна из создателей отечественной школы медицинской цитогенетики, известная своими исследованиями организации эукариотической хромосомы. Участниками тогда были многие специалисты в разных молекулярно-биологических областях. На протяжении ряда лет прошло несколько удачных конференций, которые сыграли огромную роль в возрождении всей советской генетики.



Однако с начала 90-х в силу известных причин они прекратились. И после почти двух десятилетий затишья мы совместно с д.б.н. А.С. Графодатским решили возобновить этот научный форум, который проводится теперь в память А.А. Прокофьевой-Бельговской. Первая возрождённая после длительного перерыва конференция прошла в 2009 году. Она следовала старым традициям объединения молекулярно-генетических, генетических и цитологических исследований; в программу были включены как геномные, так и чисто цитологические работы. Таким образом, только что завершившаяся конференция — вторая. Принято решение сделать её регулярной и проводить раз в два года — будет своего рода научное биеннале, как это делается в других областях, что очень полезно для наработки данных.

— Насколько я понимаю, вы придаете данному событию большое значение. Почему конференция «Хромосома» так важна?

— Для ответа на этот вопрос следует прежде всего обратиться к определению хромосом, понять, почему их необходимо изучать. Ведь что такое хромосома? Это специальная структура клетки, в которую укладываются геном, своего рода огромная фабрика, только в ней работают гены. А когда их надо поделить между двумя вновь образуемыми клетками, всю эту фабрику «складывают в чемодан», а потом его раскрывают и всё вытаскивают. Так вот, хромосома выглядит как этот самый чемодан. Причем в обычный чемодан на один человек так не уложит

свои вещи: в организме тысячи делений, и всегда в одном порядке. Порядок укладки хромосом фантастический, и никто не знает, как это происходит.

А масштаб! К примеру, от Академгородка до Бердска около пяти-шести километров. И нить такой длины надо уложить в структуру длиной в метр, да так, чтобы она не перепуталась. Должен существовать особый механизм. ДНК генома человека имеет как раз такую длину и укладывается в структуру в 5—6 тысяч раз компактнее. А потом уже подобная компактная структура переносится, причем если бы она порвалась, перепуталась, испортилась, то клетка бы погибла. Таким образом, хромосома — это структура, в которой гены расположены так, чтобы было удобно их активировать (а при клеточных делениях инактивировать), затем упаковать, раздать совершенно одинаковые копии в две нарождающиеся клетки, а потом всё повторить в другом направлении: распаковать и нужные гены заставить работать. Так что изучение хромосом — основа основ, у нас они даже на эмблеме института изображены.

— На кого в основном была ориентирована «Хромосома-2012»? Много ли человек приняли участие в конференции, откуда они?

— Эту конференцию мы провели ещё лучше, чем первую, при этом её сильно «сжали» — было примерно по 25 сообщений в день, а всего — 86 докладов, 40 постеров. Большое внимание уделяли молодым учёным, до тридцати пяти лет — они сделали 32 доклада. Уже отобрано 60 докладов для публикации в журнале «Цитология». География широкая: как Россия (Владивосток, Грозный, Иркутск, Новосибирск, Москва, Санкт-Петербург, Омск, Томск, Уфа), так и зарубежные страны (Великобритания, Германия, Италия, Нидерланды, США). Старались пригласить как можно больше наших соотечественников, проживающих в Европе и Америке (все цитогенетики и «хромосомники» там русские, своих у них нет).

Я уже сказал, что исследование хромосом находилось в России на очень высоком уровне, поэтому, когда в 90-х открыли «железный занавес», оказалось, что наши учёные в этой области имеют на западе высокую «рыночную стоимость», и многие рванули туда. Так что эта область у нас понесла самые тяжёлые потери — состав только моей лаборатории три раза обновлялся, приходилось вновь и вновь готовить смену. И вот, чтобы восстановить уровень исследований, мы начали собирать людей. Я очень доволен тем, что было так много наших бывших соотечественников. Ведь конференции проводят в том числе и для того, чтобы посмотреть, куда движется наука, обменяться информацией, идеями, опытом на всех уровнях. Зарубежные гости, приехавшие из первоклассных лабораторий, приносят своё, мы — своё (если бы нам ещё их финансирование!), они делятся с нами, общаются с людьми. Это необходимо, нельзя разрывать отношения. Ну и, конечно, конференция — это учёба, особенно для молодых.

— Что можете сказать по докладам? Были ли находки, открытия, особо интересные выступления?

— Как я уже сказал, конференция посвящена изучению хромосом, исследованию функционирования геномов в структуре ДНК, в том числе и сравнительной геномике (от хромосом к геномам и обратно). Так что одна из обсуждаемых тематик — организация работы генома. Корифеи по этому направлению есть и у нас, и за рубежом. В Институте молекулярной и клеточной биологии — это д.б.н. А.С. Графодатский, который изучает разные типы хромосом, а среди зарубежных гостей — С.Д. О'Брайен.

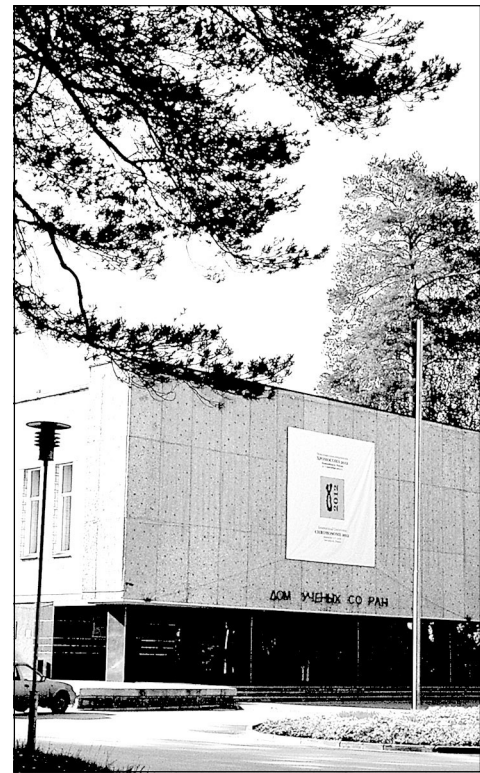
Профессор Стивен О'Брайен — многолетний руководитель лаборатории разнообразия геномов в Национальном институте рака (Фредерик, США), основатель программы по секвенированию геномов 10 тысяч видов позвоночных, руководитель центра имени Феодосия Григорьевича Добржанского в Санкт-Петербурге, открытого в этом году на средства мегагранта в размере 150 млн рублей. В своем пленарном докладе он рассказал о путях развития сравнительной геномики и возможностях развития этого направления в России и прежде всего — в кооперации с ИМКБ СО РАН.

Дело в том, что объекты живой природы информативны в разной степени. Мы почти всю генетику построили на дрозофиле, объект оказался «разговорчивым», передал нам всю информацию. Млекопитающие же «разговорчивы» в разной степени. Предположим, существует какая-то болезнь, и ген, который её контролирует, оказался хорош у мыши, так что можно на ней это заболевание изучать, а потом применить к человеку. Те же онкологические заболевания, возникающие в результате нарушения глобальных геномных функций — если что-то нарушено, начинает развиваться болезнь. Всё это очень значимо с точки зрения организации генома: когда объектов исследования много, вы можете найти особые системы, которые можно применить к человеку.

Итак, первое направление — это геномная организация. Обсуждали также организацию ядра. Важно найти как можно больше геномов, чтобы потом посмотреть, чем они похожи на те, которые имеются в человеческом организме, как эволюционировали, как влияют на клеточные функции, а потом использовать во благо человека. Кроме того, делались сообщения по медицинской тематике, по эволюции. В целом, конференция делилась на четыре секции: «Эволюция и сравнительный анализ геномов и хромосом», «Хромосомы и геном человека. Хромосомы при патологиях», «Интерфазные хромосомы и хроматин дрозофилы», «Гетерохроматин. Специализированные структуры хромосом. Половые и мейотические хромосомы. Клеточное деление».

На конференции были также представлены доклады других видных зарубежных гостей. Так, например, доклад профессора Аллы Лапидус (Раковый центр Фокс Чейза, Филадельфия, США), ранее принявшей участие в работах по секвенированию геномов более 400 видов, был посвящён особенностям и возможностям анализа геномов раковых клеток и развитию этого направления в различных странах мира. Профессор Роско Стэнион (Университет Флоренции, Италия) рассказал об особенностях эволюции хромосом и геномов гиббонов — наиболее древнего ответвления от основного ствола человекообразных обезьян. Время конференции было отмечено радостным событием — выходом в издательстве «Каргер» монографии под редакцией проф. Р. Стэниона и А. Графодатского «Evolutionary Dynamics of Mammalian Karyotypes». Профессор Томас Лир из Института генетики человека и антропологии (Иена, Германия) рассказал о необычных и загадочных элементах генома человека, микрохромосомах.

Большой доклад «Подходы к генетической хирургии рака» представил наш выдающийся учёный академик Е.Д. Свердлов из московского Института молекулярной генетики РАН — он доложил новый метод диагностики. Такой же направленности был и доклад Н.Н. Колесникова из нашего института — «Рак, микроРНК и эволюция». Им предложен метод молекулярной диагностики рака с помощью микроРНК. Первая часть выступления была посвящена механизмам действия микроРНК и хромосомному распределению этих генов, а потом он показал около 300 анализов онкологических больных и рассказал о том, как данная диагностика сочетается с теми, которые используют врачи в настоя-



щее время. Оказалось, что она более чувствительна, а это очень важно — ведь если рак вовремя диагностировать, то его можно лечить как хирургическими, так и медикаментозными методами. Т.А. Гайнер из Центра новых медицинских технологий выступила с сообщением «Цитогенетическая лаборатория ЦНМТ: результаты работы и перспективы развития».

Интереснейший доклад представил профессор М. Гатти из Римского университета. Он работал на дрозофиле и применил совершенно уникальный метод отбора мутантов. Его исследования связаны с теломерой — концевой частью хромосомы (за её открытие два года назад была присуждена Нобелевская премия). Это не простая частичка: если она теряется, то запирает, «запечатывает» хромосому с каждого конца, в результате чего та не меняется в длине. Мало того, начинает укорачиваться, и чем сильнее, тем больше люди умирают от различных заболеваний. Словом, хромосому нельзя трогать, укорачивать, и теломера как раз «стоит на страже». Было несколько сообщений по механизмам клеточного деления: Маргарет Хек (Эдинбург, Великобритания), Ю.Ф. Богданов из Института общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН (Москва). Юрий Фёдорович — настоящий корифей российской хромосомной науки, с 1968 года он участвует во всех конференциях такого типа. На этот раз его доклад касался архитектуры мейотической хромосомы и её связи с функцией хромосомы. В целом было очень много интересных и значимых выступлений.

— Как оцениваете проведённое мероприятие? Всё ли прошло удачно, какие планы на будущее?

— Я считаю эту конференцию очень полезной, достойной продолжения. Мы увидели, что наша наука ещё жива, хотя понесла гигантские потери, что она хорошо развивается. Для обсуждения научных проблем приезжают учёные, а это, вероятно, означает, что в нашей области существует некая национальная элита.

Ю. Александрова, «НВС»
На снимках: — организаторы конференции «Хромосома-2012» д.б.н. А.С. Графодатский и ак. И.Ф. Жимулёв; — участники конференции. Фото В. Новикова

