

ХРОМОСОМА 2018

В августе 2018 г. в новосибирском Академгородке прошла организованная Институтом молекулярной и клеточной биологии СО РАН и Новосибирским государственным университетом международная конференция «Хромосома 2018», посвященная вопросам организации, функционирования и эволюции хромосом и геномов. Она продолжила серию конференций, начало которым было положено еще в 1968 г. Александрой Алексеевной Прокофьевой-Бельговской и которые стали своеобразной площадкой для общения цитогенетиков и молекулярных биологов. В 1990-е годы традиция хромосомных конференций была прервана, и возобновились они лишь в 2009 г., когда в Новосибирске была проведена «Хромосома 2009», а затем «Хромосома 2012» и «Хромосома 2015». Нынешняя конференция «Хромосома 2018» вновь собрала множество заинтересованных участников, что подтвердило необходимость научных встреч такого формата.

В работе конференции приняли участие 207 исследователей из 42 организаций одиннадцати стран (Россия, Казахстан, США, Великобритания, Италия, Германия, Бельгия, Швеция, Франция, и впервые ученые из Бразилии и Японии). География российских участников охватывала всю страну – от Калининграда до Владивостока. Заслушано 82 доклада, некоторые из них вошли в настоящий номер «Вавиловского журнала генетики и селекции». Для публикации были отобраны статьи по основным проблемам, обсуждавшимся на конференции.

Первый раздел посвящен проблематике организации интерфазных хромосом, хроматина и организации генома в составе хромосом других типов. В обзоре И.О. Боголюбовой с соавт. кратко обсуждаются особенности молекулярного состава гетерохроматина, ассоциированного с проядрышками эмбрионов мыши. Актуальным вопросам организации центрального гистона H3 на примере ржи, которая входит в группу экономически важных злаков, посвящено оригинальное исследование С.С. Гацкой и Е.В. Евтушенко «Паттерны нуклеотидного разнообразия различных доменов гена центрального гистона H3 (CENH3) у *Secale L.*». В обзорной статье Т.Д. Колесниковой с соавт. «Пространственно-временная организация репликации у дрозофилы и ее особенности в политенных хромосомах» анализируются последние данные о процессах репликации в интерфазных политенных хромосомах, а также рассмотрены закономерности в организации процесса репликации и состояний хроматина. Из двух докладов

об организации политенных хромосом (И.Ф. Жимулев и Т.Ю. Зыкова), а также постера Д.С. Сидоренко сформирован один общий обзор Д.С. Сидоренко с соавт. («Политенные хромосомы отражают функциональную организацию генома *Drosophila*»), в котором сведены в единую модель данные об организации генома на геномном и хромосомном уровне. В статье М.Б. Шварц (Беркаевой) с соавт. «Хроматиновые белки ADF1 и BEAF-32 влияют на позиционирование нуклеосом и упаковку ДНК междиска 61C7/C8 политенных хромосом *Drosophila melanogaster*» продолжены исследования механизмов дифференцированности структуры хроматина в интерфазных хромосомах.

В следующем разделе представлены сведения, относящиеся к наиболее активно разрабатываемой в настоящее время области эпигенетических исследований. Обзорная статья Ю.А. Ильиной и А.Ю. Конева посвящена последним данным о функциях АТФ-зависимых хроматин-ремоделирующих факторов в сборке нуклеосом, ремоделировании хроматина и обмене гистонов *in vivo*. Обсуждается роль этих белков (совместно с гипероновыми шаперонами и модифицирующими хроматин ферментами) в образовании сети факторов, обеспечивающих поддержание целостности хроматина. В обзоре Л.С. Мельниковой с соавт. «Функциональные свойства Su(Hw)-зависимого комплекса определяются его регуляторным окружением и множественными взаимодействиями на белковой платформе Su(Hw)» установлено, как множественные взаимодействия между основными компонентами Su(Hw)-зависимого комплекса (Su(Hw)/Mod(mdg4)-67.2/CP190) влияют на его активность. И.С. Осадчий с соавт. в статье «Идентификация белков, участвующих в привлечении Ttk69 к геномным сайтам *Drosophila melanogaster*» устанавливают, что белок Ttk69 способен одновременно взаимодействовать с MEPI и белками с «цинковыми пальцами». Вопросы регуляции генной активности в составе хроматина рассмотрены в работах Е.Н. Набировкиной с соавт. («Роль SAGA комплекса в транскрипции и экспорте мРНК») и А.А. Шейнова с соавт. («Функции изоформ PHF10 – субъединицы PBAF-комплекса, ремоделирующего хроматин»).

Серия статей посвящена вопросам генетической регуляции на уровне генов и геномов. В частности, Е.Н. Андреевой с соавт. впервые охарактеризована функция гена *Non3* (*Novel nucleolar protein 3*) дрозофилы, который кодирует гомолог Brix домен-содержащего белка человека Rpf2, участвующего в процессинге рибосомной РНК. В обзоре О.В. Андреевской и др. «Исследования регуляторной зоны гена *Notch* у *Drosophila melanogaster* с использованием новых подходов направленного геномного редактирования» предложены первые данные о получении хромосомных перестроек в регуляторной области гена *Notch* и обратной трансформации отредактированного фрагмента в геном организма. М.О. Лебедев с соавт. представили работу «Создание штрихкодированных плазмидных библиотек для множественного одновременного анализа эффекта по-

ложения гена», в которой они сконструировали и протестировали качество штрихкодированных плазмидных библиотек, которые можно использовать для высокопроизводительного анализа эффекта положения промоторов разных генов в клетках дрозофилы. М.Ю. Мазина и Н.Е. Воробьева подготовили обзор на тему «Механизмы регуляции транскрипции под действием экдизона». Е.С. Омелина и А.В. Пиндюрин посвятили свой обзор «Оптогенетическая регуляция транскрипции эндогенных генов млекопитающих» обсуждению преимуществ и недостатков систем, основанных на использовании белков типа «цинковый палец», TALEs и технологии CRISPR/Cas9, для оптогенетической регуляции активности генов.

В двух последних небольших разделах представлены работы, в которых затронуты отдельные аспекты эволюции геномов и медицинской генетики. В статьях Н.Г. Андреевской с соавт. «Проблемы генетического обоснования выде-

ления подвидов черного коршуна (*Milvus migrans*)» и А.П. Крюкова «Филогеография и гибридизация врановых птиц Палеарктики» рассмотрены возможности использования маркеров митохондриальной ДНК в систематике и генетике популяций у птиц. В.Г. Тамбовцева с соавт. изучили особенности мейоза у экспериментальных гибридов слепушонок *Ellobius tancrei* (Mammalia, Rodentia) и сделали предположение, что мейотический драйв является основным механизмом, обеспечивающим диверсификацию и быструю фиксацию возникающих хромосомных форм в природе.

Н.А. Скрябин с соавт. в своем оригинальном исследовании «Районы гомозиготности в тканях абортусов из семей с привычным невынашиванием беременности» рассмотрели вопросы о связи существования протяженных гомозиготных районов с этиологией привычной невынашиваемости беременности у пациенток с нормальным кариотипом и сделали предположение, что одним из механизмов реализации патологического проявления могут являться аномалии импринтинга определенных генов.

И.Ф. Жимулёв, д-р биол. наук, академик РАН,

С.А. Демаков, д-р биол. наук, директор

Института молекулярной и клеточной биологии СО РАН, Новосибирск