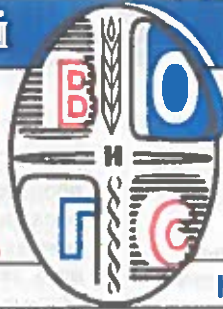


информационный

№ 18, декабрь 2001

ВЕСТНИК



ВОГИС

ВАВИЛОВСКОЕ ОБЩЕСТВО ГЕНЕТИКОВ

И СЕЛЕКЦИОНЕРОВ

Новосибирск, Россия

**ОБ ОБЪЯВЛЕНИИ КОНКУРСА РАБОТ
НА СОИСКАНИЕ ПРЕМИИ
ИМ. В.С.КИРПИЧНИКОВА
В ОБЛАСТИ ЭВОЛЮЦИОННОЙ ГЕНЕТИКИ**

Комиссия по присуждению премии им. В.С.Кирпичникова извещает о проведении очередного конкурса работ на соискание премии за 2001 г.

Условия конкурса опубликованы в журнале «Генетика» за 1994 г. (Т. 30, № 8, С. 1132-1134).

Срок выдвижения соискателей и представления документов до 1 марта 2002 г.

Адрес комиссии: 199034, Санкт-Петербург, Университетская наб., д. 7/9, кафедра генетики и селекции СПбГУ.

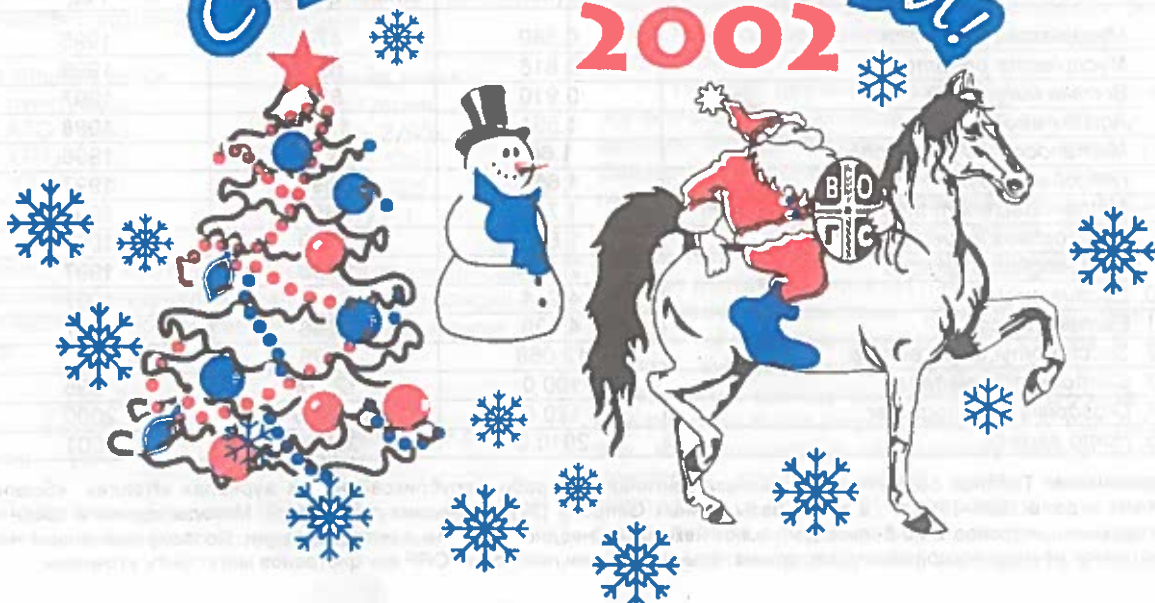
Председатель комиссии
член-корр. РАН С.Г.Инге-Вечтомов

СЕГОДНЯ В НОМЕРЕ:

1. Что содержит полный геном *Escherichia coli*?
2. Молекулярно-биологические методы исследования структуры микробных сообществ
3. Лектины посевной и дикорастущей гречихи в исследовании исходного селекционного материала и действия биорегулятора Гуми
4. К 100-летию А.Н.Луткова
5. Генетические коллекции, изогенные и аллоплазматические линии
6. Информационное письмо о XII съезде Русского энтомологического общества



С ЧЮВЫМ ТОДОМ!
2002



ЧТО СОДЕРЖИТ ПОЛНЫЙ ГЕНОМ ESCHERICHIA COLI?

В настоящее время *E. coli*, несомненно, представляет собой самую изученную клетку из всех существующих.

Г. Стент

Кишечная палочка *Escherichia coli* – классический объект молекулярной генетики, на котором исследованы наиболее принципиальные проблемы организации генетического материала. Штамм *E. coli* K12 был успешно использован Дж. Ледербергом и Э. Тейтумом в 1946 г. для доказательства существования рекомбинаций у бактерий. Позже Дж. Ледерберг построил для нее первую генетическую карту, а Ф. Жакоб и Э. Вольман – первую кольцевую карту. В 1963 г. Дж. Кернс сфотографировал кольцевой геном *E. coli* в процессе его репликации.

Лет 30 назад огромным событием в генетике было секвенирование первого гена. К концу 1970-х годов технология секвенирования упростилась и стала рутинной процедурой. После этого были секвенированы геномы ДНК и РНК сначала малых фагов (*R17*, *Q β* , *φX174* и др.), затем больших фагов и вирусов (фага λ , вирусов коровьей оспы, оспы и др.), клеточных органелл (митохондрий и хлоропластов) и плазмид (*F*-фактора и др.). Наконец, в конце 1980-х годов были начаты первые международные программы секвенирования полных клеточных геномов бактерий, грибов, растений, насекомых, млекопитающих, человека.

Зачем это нужно? Клеточный геном представляет собой сбалансированную систему генов – архив генетической информации, достаточной для контроля всего клеточного метаболизма, развития, морфогенеза, самовоспроизведения [1, 2]. В частности, геном

клетки содержит гены всех основных генетических процессов – репликации, транскрипции, трансляции, репарации, рекомбинации, сегрегации и т.д. Полное секвенирование генома позволяет сопоставить и оценить генетическую сложность тех или иных молекулярных систем и геномов, выявить ранее неизвестные гены, выполнить сравнительный анализ функционального и структурного сходства различных генов и геномов, выявить общие принципы организации сложных клеточных молекулярно-генетических систем управления.

Работа по проекту полного секвенирования генома *E. coli* K12 была начата в 1991 г. под руководством д-ра Фреда Блаттнера (лаборатория генетики, Висконсинский университет, г. Медисон, США). В январе 1997 г. основные результаты были переданы в компьютерную базу данных *GenBank* [3], а в сентябре 1997 г. в американском журнале «Science» появилась итоговая статья коллектива участников секвенирования [4]. Полная последовательность ДНК генома *E. coli* K12 стала достоянием науки. Ниже мы приведем в сводной форме основные результаты этих работ с необходимыми комментариями, имея в виду, что такой уникальный материал позволяет ответить на многие принципиальные вопросы молекулярно-генетической организации и эволюции.

Заметим также, что параллельно с *E. coli* были секвенированы многие другие клеточные геномы бактерий и эукариот. К концу 1997 г. было опубликовано 8 полных клеточных геномов, а к лету 1998 г. – уже 15 (табл. 1). Среди них геномы микоплазм, энтеробактерий, археобактерий, дрожжей, нематоды. На очереди геномы других бактерий и грибов, а также дрозофилы, арабидопсиса, пшеницы, риса, кукурузы, мыши и, наконец, человека. В целом это направление теперь называют геномикой. Это, вероятно, одна из главных точек роста современной молекулярной генетики.

Таблица 1

Общие характеристики некоторых секвенированных прокариотических и эукариотических клеточных геномов

Биологический объект, вид	L (Мб)	Число цистронов	Год
1. <i>Mycoplasma genitalium</i>	0.580	470	1995
2. <i>Mycoplasma pneumoniae</i>	0.816	677	1996
3. <i>Borrelia burgdorferi</i>	0.910	853	1997
4. <i>Aquifex aeolicus</i>	1.551	1512	1998
5. <i>Methanococcus jannaschii</i>	1.66	1738	1996
6. <i>Helicobacter pylori</i>	1.667	1590	1997
7. <i>Methanobacterium thermoautotrophicum</i>	1.751	1855	1997
8. <i>Haemophilus influenzae</i>	1.830	1743	1995
9. <i>Archaeoglobus fulgidus</i>	2.178	2436	1997
10. <i>Bacillus subtilis</i>	4.214	4100	1997
11. <i>Escherichia coli</i>	4.639	4288	1997
12. <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	12.068	5885	1996
13. <i>Caenorhabditis elegans</i>	100.0	12178	1998
14. <i>Drosophila melanogaster</i>	120.0	13600	2000
15. <i>Homo sapiens</i>	2910.0	38588	2001

Примечание. Таблица составлена по данным оригинальных работ, опубликованных в журналах «Nature», «Science», «NAR» и др. в 1995–1998 гг., а также базы данных *GenBank* [3] и последних публикаций. Методы оценки и сравнения возможных цистронов и их белков допускают некоторые неоднозначности в интерпретации. Поэтому оцененные числа цистронов не надо воспринимать как окончательные. Оценки некоторых ORF как цистронов могут быть уточнены.

Непосредственно для секвенирования была выбрана линия *E. coli* K12 MG 1655, из которой были исключены профаг λ и F-плазмида, а другие генетические манипуляции были сведены к минимуму. Длина генома этой линии L=4639221 н.п. Эта последовательность отвечает кольцевой генетической карте *E. coli* K12, калиброванной на 100 минут по времени конъюгационного переноса. Начало отсчета карты выбрано между генами *lasT* и *thrL*.

Общие характеристики последовательности ДНК генома *E. coli* K12 таковы: 87,8% генома занимают реальные и вероятные белок-кодирующие гены, или цистроны. Примерно 1/3 из них была известна ранее, а остальные выбраны среди огромного числа новых открытых рамок трансляции (возможных цистронов, или ORF) путем сложного сопоставления многих свойств, имеющих характерные различия между кодирующими и не кодирующими районами. Функции 38% этих цистронов неизвестны.

- 0,8% – гены стабильных фракций РНК (т-РНК, р-РНК и др.).
- 0,7% – некодирующие повторы.
- 11,0% генома – функциональные сайты и другие участки, выполняющие регуляторные и другие функции.

Таким образом, геном *E. coli* K12 очень плотно нагружен генами (~88,5%), а межгенные участки занимают относительно малую долю (~11%). Среди 4288 выявленных или предсказанных цистронов 1853 описаны ранее, а 2435 – новые. Самый большой цистрон содержит 7149 нп. (2383 кодона), функция его неизвестна. Средний размер цистрона 951 нп. (317 кодонов). Средний интервал между цистронами – 118 нп. Однако межгенные интервалы в большинстве своем содержат различные функциональные сайты, то есть выполняют регуляторные функции. Кроме того, цистроны не содержат интронов – внутренних некодирующих участков.

Известно, что цистроны выделяются в ДНК и м-РНК начальными и конечными знаками пунктуации. В общей форме они были известны ранее и внесены в генетический код. Однако в геноме *E. coli* они встречаются с различными частотами.

Начальные знаки	Конечные знаки
пунктуации	пунктуации
ATG – 3542	TAA – 2705
GTG – 612	TGA – 1257
TTG – 130	TAG – 326
ATT – 1	CTG – 1

Интересно, что у 405 пар смежных цистронов вообще нет межгенных интервалов: знак начала трансляции одного частично перекрывается с конечным знаком другого:

(нач)	(нач)	(нач)	(нач)
ATGA	TAATG	TGATG	GTGA, и др.
[кон][кон]	[кон]	[кон]	

По данным на январь 1998 г. [5] сложность молекулярно-генетической системы управления и мета-

болической сети *E. coli* можно охарактеризовать следующим образом:

1. Длина ДНК генома (Мб)	4.6
2. Полное число генов	4909
3. Число цистронов	4288
4. Число кодируемых ими ферментов	804
5. Число метаболических реакций	988
6. Число метаболических путей	123
7. Число химических веществ, участвующих в метаболизме	1303
8. Число фракций т-РНК (генов т-РНК)	79 (86)
9. Число регуляторных белков	60

В таких случаях специалисты говорят. «жизнь при 4909 генах». Метаболизм сложен, но не запредельно. В дальнейшем приведенные цифры могут возрасти в ходе исследований за счет новых знаний.

Более подробная классификация цистронов по 22 функциональным классам представлена в таблице 2. Здесь примерно 1/4 клеточных ресурсов связана с метаболизмом малых молекул, 1/8 – с метаболизмом макромолекул и 1/5 – с клеточными структурами и процессами. В метаболизме малых молекул ключевую роль играет синтез, распад и преобразование нуклеотидов (58 цистронов), аминокислот (131); энергетические процессы (243), транспорт (146), центральный промежуточный метаболизм (188) и другие процессы. В частности, системы, выполняющие основные генетические процессы, содержат:

- репликацию, рекомбинацию, модификацию и репарацию ДНК – 115 (2,68%);
- транскрипцию, синтез, метаболизм и модификацию РНК – 55 (1,28%);
- трансляцию и посттрансляционную модификацию белков – 182 (4,24%) + 21 ген р-РНК + 86 генов т-РНК.

Кроме того, найдено 9 цистронов, контролирующих синтез шаперонов – вспомогательных белков, способствующих формированию правильной пространственной упаковки всех остальных белков. Этот процесс называется самоорганизацией, или фолдингом белков.

Помимо различных вспомогательных функций, эти системы в совокупности образуют сайзер – универсальную систему самовоспроизведения клетки [1, 2]. Сайзер составляет сердцевину молекулярно-генетической системы управления клетки. Несмотря на внушительное число участвующих генов (~460, свыше 10% всех генов), принципиальная блок-схема сайзера достаточно проста [1, 6].

Далее рассмотрим разнообразие функциональных единиц транскрипции. Для генома *E. coli* и других энтеробактерий характерно присутствие управляемых единиц транскрипции – оперонов. Первые опероны были открыты именно у *E. coli*: *lac*-оперон, контролирующий сбраживание сахара лактозы, *trp*-оперон, контролирующий синтез аминокислоты триптофана, и др. [см. 6]. Важной особенностью оперонов является наличие обратной связи между концентрацией контролируемого метаболита и работой

Таблица 2

Распределение цистронов и белков *E. coli* по 22 функциональным классам

Функциональный класс	Число белков	%
1. Регуляторная функция	45	1.05
2. Предполагаемая регуляторная функция	133	3.10
3. Структура клетки	182	4.24
4. Предполагаемые мембранные белки	13	0.30
5. Предполагаемые структурные белки	42	0.98
6. Фаги, транспозоны, плазмиды	87	2.03
7. Транспортные и связывающие белки	281	6.55
8. Предполагаемые транспортные белки	146	3.40
9. Энергетический метаболизм	243	5.67
10. Репликация, рекомбинация, модификация и репарация ДНК	115	2.68
11. Транскрипция, синтез, метаболизм и модификация РНК	55	1.28
12. Трансляция, посттрансляционная модификация белков	182	4.24
13. Клеточные процессы, включая адаптацию и защиту	188	4.38
14. Биосинтез кофакторов, простетических групп и носителей	103	2.40
15. Предполагаемые шапероны	9	0.21
16. Биосинтез и метаболизм нуклеотидов	58	1.35
17. Биосинтез и метаболизм аминокислот	131	3.06
18. Метаболизм жирной кислоты и фосфолипидов	48	1.12
19. Катаболизм соединений углерода	130	3.03
20. Центральные промежуточные метаболизм	188	4.38
21. Предполагаемые ферменты	251	5.85
22. Другие известные гены (генные продукты и фенотипы неизвестны)	26	0.61
23. Гипотетические, неклассифицированные, неизвестные	1632	38.06
24. Всего	4288	100.00

кой ферментов его синтеза или распада. Всего в геноме *E. coli* выявлено и предсказано 2584 оперона. Среди них:

73% содержат 1 цистрон;

– 16% – 2 цистрона;

– 4,6% – 3 цистрона (в том числе *lac*-оперон);

– 6% – 4 и более цистронов (в том числе *trp*-, *his*-опероны).

Все они имеют не менее 1 промотора – начального знака транскрипции.

Опероны управляются регуляторными белками через специфические функциональные сайты управления. Например, белок-репрессор *lac*-оперона узнает его оператор – функциональный сайт и через него подавляет функцию инициации транскрипции. Иногда опероны подчинены нескольким регуляторным белкам и имеют несколько регуляторных сайтов [1, 6].

Всего по данным секвенирования выявлены 45 цистронов белков с регуляторными функциями и еще цистроны 133 предполагаемых регуляторных белков. Большинство из них, вероятно, участвует в управлении оперонами.

Так, внутри областей с предсказанными сайтами управления (в основном оперонов)

– 89,2% регулируются 1 белком (в том числе *trp*-оперон);

– 8,4% – 2 белками (в том числе *lac*-оперон);

– 2,4% – 3 и более белками.

В свою очередь эти области содержат

– 81,2% – 1 сайт управления;

– 12,2% – 2 сайта управления (в том числе *lac*-оперон);

– 6,6% – 3 и более сайтов управления.

Это значит, что большинство оперонов регулируется достаточно просто. Этим они существенно отличаются от генов эукариот, которые подвержены действию многих общих и специфических белковых факторов управления.

Геном *E. coli* содержит 2 функциональные единицы репликации. Ф.Блаттнер и др. назвали их реплихорами [4].

Общее двустороннее начало репликации (*ori*, *origin*) локализовано на участке примерно 84,5 мин конъюгационного переноса и занимает ~ 250 нп. В этой зоне иницируется двусторонняя репликация. Реплихор 1 ориентирован по часовой стрелке, реплихор 2 – против нее. Оба процесса заканчиваются на противоположном участке генетической карты, ~ 34–35 мин, где каждый из них имеет свой отдельный ориентированный терминальный знак (*ter*) – T1 и T2. Следует отметить, что традиционно участки репликации, ограниченные знаками *ori* и *ter*, называют репликонами [6].

Геном *E. coli* K12 содержит также значительное число необязательных (факультативных) включений – профагов, плазмид и транспозонов. Выявлено 87 цистронов и белков этих включений (табл. 2). Число их может быть различным, поскольку они подвижны, способны к внедрению в геном и выщеплению из него. Наилучшим образом это продемонстрировано для умеренного фага λ и полового фактора (плазмиды) F, которые в данной линии отсутствуют. Многие фаги исключаются из генома не полностью, оставляя там в качестве следа некоторые свои гены. Эти остатки, не способные к самостоятельному перемещению и развитию, называют «криптическими» фагами. Среди

факультативных включений в этой линии найдены 41 копия различных транспозонов (IS), которые участвуют в процессах внедрения и исключения плазмид.

Наконец, следует отметить, что геном *E. coli* содержит ряд функциональных и нефункциональных повторов. Октамер GCTGGTGG отвечает «горячим точкам рекомбинации» (так называемым χ -сайтам). Он встречается в сотнях позиций в обеих ориентациях и играет ключевую роль в конъюгационной рекомбинации и других генетических процессах. Найдено большое число копий (581) небольшого палиндромного повтора REP длиной ~ 40 нп. Функция их неизвестна. В сумме они занимают 0,54% ДНК генома. Известны и другие повторы. В основном они попадают в межцистронные интервалы.

Таким образом, молекулярно-генетическая система управления *E. coli* оказалась хотя и сложной, но вполне обозримой. Геном кодирует белки всех основных генетических процессов и систем: контролирует синтез и метаболизм мономеров, энергетику, транспорт, клеточные процессы, защитные реакции. Хотя функции 38% выявленных белков пока не известны, скорее всего, они пополняют уже обозначенные функциональные группы. Опероны, как управляемые единицы транскрипции, являются доминирующим вариантом организации генов *E. coli* K12 и других прокариотических клеток.

Сравнительный анализ молекулярно-генетических систем *E. coli* и других объектов (см. табл. 1) позволил выявить многие гомологичные гены, оценить степень сходства геномов, а также высказать предположения о минимальной сложности гипотетической (а может быть, первичной?) клетки. Ясно, что для организации клетки необходим некоторый минимум молекулярных структур и процессов. В таблице 1 приведены суммарные данные по числу генов и размерам первых секвенированных клеточных геномов. Минимальный геном имеет микоплазма *M. genitalium* – 0,58 Мб, 470 генов. Путем сравнения геномов выявлено, что минимальная клетка, способная к автономной жизнедеятельности и самовоспроизведению, должна была бы содержать не менее 250–300 наиболее существенных генов. Группа японских исследователей [7] показала, что можно обеспечить все основные метаболические потребности клетки, трансляцию и репликацию РНК-генома в системе со 127 генами. Правда, при этом клетка должна быть лишена архива ДНК, репарационных и других важных систем защиты и помехоустойчивости, что делает ее эволюционно беззащитной.

В заключение выражаю благодарность К.С.Макаровой, Ю.И.Вульф и А.Э.Келю за содействие в адаптации последних данных по клеточным геномам.

Литература

1. Ратнер В.А. Концепция молекулярно-генетических систем управления. Новосибирск: Наука, 1993. 120 с.
2. Ratner V.A., Zharkikh A.A., Kotchanov N.A. et al. Molecular Evolution. Berlin et al. Springer-Verlag, 1996. 433 p.

3. Сайт в INTERNET: <http://ncbi.nlm.nih.gov/genbank/genomes>
4. Blattner F.R., Plunket III.G., Bloch C.A. et al. The Complete Genome Sequence of *Escherichia coli* K12 // Science. 1997. V. 277. P. 1453–1462.
5. Karp P.D., Riley M. EcoCyc: encyclopedia of *E. coli* genes and metabolism. <http://ecocyc.PangeaSystems.com/ecocyc/ecocyc.html>
6. Ратнер В.А. Молекулярная генетика: принципы и механизмы. Новосибирск: Наука, 1983. 256 с.
7. Tomita M. et al. A virtual cell with 127 genes // Proc. 1st Intern. Conf. "Bioinformatics of Genome Regulation and Structure (BGRS'98)", Novosibirsk: Inst. Cytol. Genet., 1998. V. 1. P. 97–99

В.А.Ратнер, д.б.н., профессор, Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск

МОЛЕКУЛЯРНО-БИОЛОГИЧЕСКИЕ МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ СТРУКТУРЫ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ

Значение проблемы исследования структуры природных микробных сообществ

Исследование реакции живых организмов на изменения окружающей среды чрезвычайно важно для оценки влияния этих изменений, особенно имеющих антропогенное происхождение, на биоразнообразие, сохранение которого является важнейшей задачей человеческой цивилизации. Среди естественных компонентов биосферы значительное место занимают микроорганизмы. В силу высокой скорости эволюции микроорганизмы наиболее эффективно реагируют на изменение окружающей среды, так что исследование природных микробных сообществ позволяет наиболее оперативно оценить эффекты изменений окружающей среды на биоразнообразие. Такие исследования приобретают в последние годы важное значение в связи с широким распространением генетически модифицированных микроорганизмов и практически бесконтрольным, а все чаще и направленным попаданием их в естественные микробные сообщества. Все эти воздействия могут создать проблемы, связанные с распространением чужеродных генетических конструкций в природных сообществах, так называемым горизонтальным переносом генов, что неминуемо приведет к существенному ускорению эволюции микробных сообществ, появлению новых форм с новыми генетическими признаками. Оценка устойчивости таких форм и содержащихся в них конструкций, а также последствий их появления в природе чрезвычайно важна для разработки стратегий последующего развития общества.

Таким образом, исследования в этом направлении призваны ответить на следующие основные вопросы.

1. Какова структура микробного сообщества в исследуемом микроареале (участок суши, пресноводный бассейн или участок морской или океанической акватории и т.п.).

2. Меняется ли структура микробного сообщества в исследуемом микроареале под воздействием тех или иных причин и каким образом.
3. Меняются ли взаимоотношения между участниками микробного сообщества в процессе изменения структуры сообщества, в чем состоят эти изменения.
4. Как происходит обмен генетическим материалом между участниками экосистемы, имеет ли место так называемый горизонтальный перенос генетической информации.

Ответ на последний вопрос особенно важен в связи с широким распространением в природных сообществах генетически модифицированных микроорганизмов.

Попытки найти ответ на первый вопрос сталкиваются со значительной проблемой, важность которой исследователи начали осознавать лишь сравнительно недавно. Понятие структуры микробного сообщества, по сути дела, подразумевает установление видового разнообразия сообщества. Однако определение вида микроорганизма представляет собой серьезную проблему, поскольку само понятие вида в мире микробов не столь четко определено, как в биологии высших организмов, где основными критериями вида чаще всего являются внешние признаки. До последнего времени по той же схеме строилась и систематика микроорганизмов, однако наряду с морфологическими признаками используют и биохимические признаки. Последнее уже существенно отличает систематику микроорганизмов от таковой для высших микроорганизмов, однако, по современным представлениям, все же оказывается недостаточным. Неясно, в частности, где кончаются штаммовые различия и начинаются видовые.

Другая важная проблема исследования разнообразия природных микробных сообществ состоит в том, что подавляющее большинство находящихся (и активно развивающихся) в природных условиях микроорганизмов не удается перевести в культуру, что исключает использование фенотипических признаков в систематике этих «некультивируемых» микроорганизмов.

В связи с этими обстоятельствами в последние годы систематика и филогения микроорганизмов строятся все чаще на различиях в структуре генома и переходят в область геносистематики, основанной на новейших достижениях молекулярной биологии.

Молекулярно-биологические подходы к исследованию структуры микробных сообществ

Сущность этих подходов основана на анализе разнообразия консервативных элементов генома микроорганизмов. Наиболее распространенным является анализ, основанный на вариабельных фрагментах консервативных элементов генов рРНК. Выбор именно этих генов обусловлен, прежде всего, их повсеместной распространенностью во всем живом мире и доступностью огромных массивов данных о структуре генов рРНК у самых разнообразных микроорганизмов. Именно при сравнении структуры генов

рРНК были предложены основы современной систематики живых организмов, предусматривающей разделение всего живого на три домена: Bacteria, Archaea и Eukarya [1]. Исследование тонких различий в последовательности гена рРНК позволяет выделить более мелкие систематические единицы и в конце концов построить детальную систематику живых организмов. Следует, однако, иметь в виду, что, ограничиваясь изучением разнообразия лишь одного генетического локуса, даже весьма информативного, мы рискуем получить не вполне адекватные результаты [2]. В принципе такая методология применима к любому гену. В качестве примера могут быть приведены результаты по изучению бактерий, деградирующих ароматические углеводороды [3, 4], и микроорганизмов, устойчивых к ртути [5]. Очевидно, что при исследовании распространения в природных микробных сообществах генов, встроенных в генетически модифицированные микроорганизмы соответствующими маркерами должны служить сами эти гены или их фрагменты. В этом случае структура маркерной последовательности не является предметом тщательного выбора, поскольку последовательность встроенного гена, как правило, хорошо известна.

Схема проведения исследований

Первым этапом работы является, естественно, получение материала для исследований. Речь идет в нашем случае о нуклеиновом материале из образцов почвы, воды или придонного осадка. Поскольку извлеченного материала, как правило, недостаточно для непосредственной идентификации, следующим этапом исследования всегда является амплификация фрагментов полученного генетического материала с использованием полимеразной цепной реакции (ПЦР) с соответствующим образом подобранными праймерами. Целью амплификации является наработка материала в количестве, достаточном для последующих экспериментов по идентификации штаммов микроорганизмов, источников этого материала. Продукты амплификации далее используются для анализа либо путем прямого секвенирования, либо с помощью электрофореза в градиенте денатурирующего агента (DGGE), или для гибридизации *in situ* (FISH).

Получение и исследование образцов нуклеинового материала

Естественно, что для такого рода исследований необходимы не столько клетки микроорганизмов, сколько их генетический материал, в связи с чем разработаны подходы, основанные на извлечении из образцов окружающей среды именно нуклеиновых кислот, изучение которых и становится основным методом исследования структуры микробных сообществ. Процедура извлечения нуклеиновых кислот из образцов окружающей среды достаточно трудоемка, и на ней мы особо остановимся ниже.

Проблема здесь заключается в том, что большая часть микроорганизмов из природных образцов при попытках посева на синтетические питательные среды переходит в так называемое «некультиви-

руемое» состояние. Это обстоятельство приводит к тому, что при извлечении микроорганизмов из образцов окружающей среды мы никогда не можем быть уверены в представительности получаемой выборки. Критерии такой представительности не ясны, так что мы на самом деле никогда не знаем, насколько полна картина структуры сообщества, которую нам удастся выявить в последующих экспериментах.

В обзоре ван Эльзаса с соавторами [6] подробно проанализирована экстракция нуклеиновых кислот из образцов почвы. Были предложены два изначально различных подхода: прямой лизис *in situ* и извлечение клеток с последующим лизисом.

Прямая экстракция ДНК из почв, как показали исследования авторов, применима к различным почвам и дает выход ДНК чаще всего в диапазоне от 10 до 30 мкг/на г почвы. Следует, однако, иметь в виду, что выход колеблется в зависимости от состава почвы, так что необходимо подбирать условия эксперимента для данной конкретной почвы. В отдельных случаях отмечен на порядок меньший выход ДНК, хотя в этих случаях отмечено и более низкое содержание колониеобразующих единиц микрофлоры.

Непрямая экстракция ДНК с предварительным извлечением клеток весьма существенно зависит от способа экстракции микробных клеток из почвы.

Этой же группой исследователей [7] подробно описана процедура экстракции рРНК и геномной ДНК из образцов почвы. Сущность процедуры сводится к отделению клеток от частиц почвы с последующим разрушением клеток путем обработки шариками, детергентом, экстракцией фенолом, фенол-хлороформной смесью и далее – стандартными приемами очистки нуклеиновых кислот и разделения на фракции РНК и ДНК. Выход ДНК и рРНК составлял 15–30 и 0,25–1,0 мкг/г почвы соответственно.

В случае водных микроорганизмов проблема выделения нуклеиновых кислот решается проще: клетки выделяют фильтрованием и затем лизируют либо непосредственно на фильтре и проводят ПЦР также на фильтре, либо подвергают клетки ферментативному лизису с последующей экстракцией ДНК фенолом и хлороформом [см. обзор 8].

Анализ генетического материала

После того как образец нуклеинового материала тем или иным способом получен, дальнейшие действия исследователя обычно сводятся к одному из стандартных планов. Нуклеиновый материал подвергают амплификации со специально подобранными (сконструированными) праймерами. Выбор праймеров также требует тщательного продумывания. Очень важно осуществить оптимальное выравнивание последовательностей генов рРНК, если именно эти гены решено далее использовать в анализе природного материала. Используются, в частности, «универсальные» праймеры, сконструированные для амплификации генов рРНК из определенной группы микроорганизмов [2]. Продукт амплификации затем подвергается клонированию одним из стандартных приемов. Полученные клоны чаще всего подвергают секвенированию, хотя используются и методы гибридизации

с соответствующими зондами непосредственно на колониях клеток, в которых проводилось клонирование. Для обнаружения определенных микроорганизмов в исследуемых образцах (равно как и при исследовании распространения генетически модифицированных микроорганизмов, несущих определенные генетические встройки, в образцах из окружающей среды) используются специфические праймеры. В частности, такие исследования проводятся для выявления определенных микроорганизмов в клинических образцах [9], пищевых продуктах [10]. Подходы, основанные на применении специфических праймеров, часто оказываются высокоспецифичными и чувствительными, особенно при использовании различных модификаций, усиливающих параметры теста. Недостатком их в то же время является трудность создания системы количественной оценки содержания соответствующих микроорганизмов в исследуемом образце.

Весьма широко распространенным методом анализа продуктов амплификации на предмет выявления структуры микробного сообщества является гель-электрофорез в градиенте концентрации денатурирующего агента. Метод позволяет разделять гетерогенную смесь продуктов ПЦР в полиакриламидном геле. При этом продукты разделяются не по размеру, а по степени прочности вторичной структуры, что отражает степень гомологии последовательностей гена рРНК исследуемого и референтного штаммов, а следовательно, и степень филогенетического родства между этими штаммами.

Некоторые результаты

Применение упомянутых методов позволило решить ряд задач по установлению структуры микробных сообществ.

В группе Хэда [11, 12] подробно исследована филогения некультивируемых гигантских серных бактерий рода *Achromatium*, известных с конца 19 века и до настоящего времени не переведенных в культуру. Исследования проведены методом гибридизации *in situ* с помощью олигонуклеотидных зондов, несущих флуоресцентную метку (метод FISH). Зонды направлены на консервативные участки гена 16S рРНК.

Тем же методом на основе гомологий фрагментов гена 16S рДНК систематизированы штаммы филаментных микроорганизмов типа Eikelboom 021N рода *Thiothrix*, из них 15 выделены из активного ила впервые. Построено филогенетическое дерево [13].

Значительные результаты получены при исследовании сообществ микроорганизмов, обитающих в водной среде и придонных отложениях. В группе Хубера [14] при исследовании холодных серных источников в Баварии идентифицированы новые археи, живущие в тесной ассоциации с бактериями. Микроорганизмы образуют характерные, видимые невооруженным глазом структуры, морфологически напоминающие нити жемчуга. Исследования методом FISH показали, что внешняя часть «жемчужин» состоит в основном из бактерий с преобладанием нитевидных бактерий. Внутри преобладают археи-кокки, до 10^7 клеток в «жемчужине». По данным анализа 16S

рРНК, археи могут быть отнесены к подцарству зуриархеев. Обнаруженная новая, характерная для зуриархеев последовательность представляет глубокую филогенетическую ветвь дерева 16S рРНК и не проявляет существенной гомологии с каким-либо культивируемым археем или с последовательностью какого-либо гена 16S рРНК из окружающей природы. Построено филогенетическое дерево выделенных микроорганизмов археев и определено положение на этом дереве вновь выделенных штаммов. При исследовании морских микробных сообществ в северной области Красного моря в этой же лаборатории [15] обнаружены новые виды рода *Halanaerobium*, являющиеся первыми представителями рода, полученными из глубоководных анаэробных рассолов. Обнаруженные микроорганизмы хорошо растут в глубоководной рапе в анаэробных условиях и могут вносить существенный вклад в анаэробную деградацию органического вещества на межфазовой границе рапа/морская вода.

DeLong с соавторами [16] исследовали морские планктонные бактерии с использованием метода FISH. Для повышения чувствительности процедуры авторы предложили использовать в качестве зондов полирибонуклеотиды, меченные флуорохромом. В такой модификации метод позволяет уверенно проводить идентификацию и подсчет планктонных клеток на океанских глубинах до 3400 м. Прослежены доминирующие организмы по всей глубине столба воды. Окрашивать удается 90–100% клеток. Показано, что большинство планктонных археев содержат достаточное количество рибосом, что делает их весьма доступными для обнаружения с помощью полирибонуклеотидных зондов.

Аманн с соавторами в своих обзорах [17, 18] подробно проанализировали результаты собственных исследований и данных литературы по изучению филогенетических отношений микроорганизмов на основе метода гибридизации *in situ*. В цитируемых ими исследованиях, проведенных в том числе на микроорганизмах – симбионтах высших организмов, макроорганизм рассматривается как малая экосистема, населенная ограниченным числом видов. Последнее делает эту систему удобной для проверки и отладки различных подходов к установлению структуры микробных сообществ. Авторы отмечают, в частности, большую важность таксономически точного и количественного описания структуры микробных сообществ, причем в настоящее время именно подходы, основанные на анализе нуклеиновых кислот, дают наиболее точные ответы на оба этих вопроса. Применение этих подходов позволило в ряде случаев установить филогенетические отношения между микроорганизмами – симбионтами различных высших организмов. Исследование подобного рода симбиотических отношений в так называемых «хемоавтотрофных» беспозвоночных с помощью рРНК-анализа позволило уточнить состав микробной части этой системы. При этом микроорганизмы, составляющие микробное сообщество, в этой системе не культивируются. Аналогичные результаты получены для простейших, насекомых и высших позвоночных.

Значительные результаты получены в идентификации некультивируемых микроорганизмов, являющихся возбудителями инфекций.

Интересные результаты получены в систематике особой группы бактерий – магнетотактиков, участников сообществ морского пикопланктона, консорциумов, образующих биопленки.

Ограничения

При всех больших возможностях, которые предоставляют современные методы исследования микробных сообществ, основанные на достижениях молекулярной биологии, следует иметь в виду, что и эти методы имеют ряд ограничений, требующих дальнейшего совершенствования экспериментальной техники. Ниже мы упомянем некоторые проблемы, с которыми приходится сталкиваться и которые необходимо учитывать при интерпретации результатов экспериментов.

Экстракция НК

Проблема состоит в том, что, как мы уже упоминали, никогда нельзя сказать, насколько полно извлечены нуклеиновые кислоты из образца окружающей среды. Культивирование клеток не дает представления об этом, поскольку в культуру удается перевести по разным оценкам лишь от 1 до 20% микроорганизмов, находящихся в исследуемом образце. Широко используются методы так называемой «прямой экстракции» нуклеинового материала из образцов, при которых часто клетки подвергают (после некоторой отмывки от неклоточного материала) непосредственному разрушению комбинацией обычных процедур: замораживание-оттаивание, детергентный лизис, механическое (ударное) разрушение. При этом разрушаются и эндоспоры. Мелкие клетки более устойчивы к лизису. Считается, что такого рода обработки приводят к извлечению 96% нуклеинового материала, а длительные многократные обработки позволяют извлекать 99,8% этого материала. Однако всегда остается открытым вопрос, насколько эти оценки близки к истине, поскольку содержание нуклеотидного материала в образце неизвестно [1].

DGGE

Метод особенно полезен при оценке временной динамики популяции. Если полоса приписана точно к определенному виду микроорганизма, изменения относительной интенсивности могут быть оценены количественно. В то же время однозначное отнесение полосы к определенному виду или группе микроорганизмов часто оказывается затруднительным. В этом случае количественные оценки малодостоверны [2].

ПЦР

Частота встречаемости определенных типов последовательностей иногда принимается за характеристику распространенности данного вида.

Однако доза гена рРНК в разных геномах существенно отличается от 1 копии до 14. По этой причине соотношение продуктов амплификации может не отражать соотношение численности микроорганизмов в исследуемом сообществе. Важен также выбор праймеров. Существуют пары праймеров, дающие строгую корреляцию соотношения продуктов амплификации и количества копий генов в исследуемой популяции. Другие праймеры приводят к соотношению продуктов амплификации 1:1 независимо от соотношения копий генов в исходном образце.

При анализе структуры природных сообществ часто наблюдаются неразрешаемые очень близкородственные клоны. Эти клоны не всегда отражают реальную картину, а являются зачастую следствием накопления различных ошибок амплификации, клонирования, секвенирования. Кроме того, в процессе амплификации ДНК, содержащей фрагменты генома различных микроорганизмов, отмечается образование химерных продуктов, собранных из последовательностей различных видов [10, 17–19]. Причины образования таких продуктов могут быть различными, их выявление и исключение из рассмотрения достигается всякий раз своим путем, заключающимся, как правило, в последовательном применении ПЦР со специально сконструированными парами праймеров.

Некоторые ограничения накладывает и сам выбор генов рРНК в качестве референтного генетического материала [18]. 16S рРНК, возможно, слишком консервативна, чтобы дискриминировать популяции близкородственных видов. В подобных ситуациях, может быть, более полезной окажется 23S рРНК. Она примерно в 2 раза длиннее и содержит несколько высоковариабельных областей. Проблемой может оказаться также и обнаруживаемая в некоторых случаях гетерогенность среди оперонов рРНК в одном и том же организме. Еще одно ограничение происходит из-за того, что разнообразие рРНК описано лишь частично. В связи с этим зонд, созданный как специфичный для набора тест-организмов, может также гибридизоваться с какими-либо неизвестными организмами. С другой стороны, могут быть неизвестные организмы, являющиеся членами филогенетического семейства тестового набора микроорганизмов, но не содержащие сайта, выбранного в качестве мишени. Иными словами, никогда нельзя быть до конца уверенным в специфичности используемых зондов. Способом преодоления этой проблемы может быть использование нескольких разных зондов или маркерных генов. Особенно этот подход оказывается информативным при использовании FISH в качестве метода детекции.

Имеется также опасность не заметить малораспространенные микроорганизмы, доля геномных фрагментов которых мала по сравнению с наиболее широко представленными в исследуемом образце. В некоторых случаях эту проблему удается разрешить путем обогащения тем или иным способом этих малораспространенных геномов, иногда – путем непосредственного отбора клеток из фиксированного образца, что, безусловно, представляет собой исключительно трудоемкую процедуру. Возможно, еще одним подходом к решению такого рода задач может ока-

заться объединение анализируемого образца распространенными последовательностями, например, аффинным извлечением наиболее широко представленных последовательностей с помощью набора пептидно-нуклеиновых «скрепок» (PNP-clamps) [20].

Перспективы

Для построения новой – геномной – систематики живых организмов необходимо совершенствование методической базы исследований, создание еще более высокопроизводительных приемов, которые могли бы позволить в относительно короткие сроки осуществлять массовый анализ последовательностей генетического материала на предмет их сходства и различия. В связи с этим представляется перспективным развитие техники эксперимента в направлении создания ДНК-микрочипов с универсальными зондами, а также устройств проточного типа для микрофлуориметрической детекции и количественной характеристики комплексов зондов с фрагментами исследуемого генетического материала.

Исследование детальной структуры сообществ микроорганизмов в окружающей среде может потребовать не только генетической характеристики сообществ по маркерным генам, но и дополнительной физиолого-биохимической характеристики обнаруженных штаммов, поскольку различия между штаммами могут заключаться не только в структуре определенного участка генома, но и в его функциях, точнее, в программе их реализации. В этом смысле, возможно, важную дополнительную информацию могут дать исследования динамической протеомики, которые к тому же позволят проследить судьбу генов в интродуцированных в природную популяцию генетически измененных микроорганизмах, а также в «аборигенных» микроорганизмах, соседствующих с интродуцируемым штаммом. Правда, для проведения таких исследований необходимо перевести клетки аборигенных микроорганизмов в культивируемое состояние.

Проблема ограниченной способности к культивированию также требует своего решения. Важно, в частности, дать ответ на вопрос, являются ли микроорганизмы, которые удается перевести в культуру, не «лабораторными сорняками», а действительно участниками реальных природных сообществ. При этом ценностью попыток перевода в культуру доселе некультивируемых штаммов возрастает, поскольку это будет помогать выяснять причины невозможности культивирования микроорганизмов, которые широко распространены в природе, и, следовательно, способны размножаться.

Литература

1. Woese C.R., Kandler O., Wheelis M.L. Towards natural system of organisms: proposal for the domains Archaea, Bacteria and Eukarya // Proc. Natl Acad. Sci. USA. 1990. V. 87. P. 4576–4579.
2. Head I.M., Saungers J.R., Pickup R.W. Microbial evolution, diversity, and ecology: a decade of ribosomal RNA analysis of uncultivated microorganisms // Microb. Ecol. 1998. V. 35, № 1. P. 1–21.

3. Silva M.C., Moré M.I., Batt C.A. Development of a molecular detection method for naphthalene degrading pseudomonade // FEMS Microbiol. Ecol. 1995. V. 18. P. 225–235.
4. Master E.R., Mohn W.W. Psychrotolerant bacteria isolated from arctic soil that degrade polychlorinated biphenyls at low temperatures // Appl. Env. Microbiol. 1998. V. 64, № 12. P. 4823–4829.
5. Osborn A.M., Bruce K.D., Strike P., Ritchie D.A. Distribution, diversity and evolution of the bacterial mercury resistance (*mer*) operon // FEMS Microbiol. Rev. 1997. V. 19. P. 239–262.
6. van Elsland J.D., Duarte G.F., Rosado A.S., Smalla K. Microbiological and molecular biological methods for monitoring microbial inoculants and their effects in the soil environment // J. Microbiol. Methods. 1998. V. 32. P. 133–154.
7. Duarte G.F., Rosado A.S., Seldin L. et al. Extraction of ribosomal RNA and genomic DNA from soil for studying the diversity of the indigenous bacterial community // J. Microbiol. Methods. 1998. V. 32. P. 21–29.
8. Atlas R.M., Slayer G., Burlage R.S., Bej A.K. Molecular approaches for environmental monitoring of microorganisms // BioTechniques. 1992. V. 12, № 5. P. 706–717.
9. Drancourt M., Bollet C., Carlioz A. et al. 16S Ribosomal DNA sequence analysis of a large collection of environmental and clinical unidentifiable bacterial isolates // J. Clin. Microbiol. 2000. V. 38, № 10. P. 3623–3630.
10. Giraffa G., Neviani E. DNA-based, culture-independent strategies for evaluating microbial communities in food-associated ecosystems // Intern. J. of Food Microbiol. 2001. V. 67, № 1–2. P. 19–34.
11. Head I.M., Gray N.D., Clarke K.J. et al. The phylogenetic position and ultrastructure of the uncultured bacterium *Achromatium oxaliferum* // Microbiology. 1996. V. 142. P. 2341–2354.
12. Head I.M., Gray N.D., Babenzien H.-D., Glöckner F.O. Uncultured giant sulfur bacteria of the genus *Achromatium* // FEMS Microbiol. Ecol. 2000. V. 33. P. 171–180.
13. Kanagawa T., Kamagata Y., Aruga S. et al. Phylogenetic analysis of and oligonucleotide probe development for Eikelboom type 021N filamentous bacteria isolated from bulking activated sludge // Appl. Env. Microbiol. 2000. V. 66, № 11. P. 5043–5052.
14. Rudolph C., Wanner G., Huber R. Natural communities of novel Archaea and Bacteria growing in cold sulfurous springs with a string-of-pearls-like morphology // Appl. Env. Microbiol. 2001. V. 67, № 5. P. 2336–2344.
15. Eder W., Jahnke L.L., Schmidt M., Huber R. Microbial diversity of the brine-seawater interface of the Kebrit deep, Red Sea, studied via 16S rRNA gene sequences and cultivation methods // Appl. Env. Microbiol. 2001. V. 67, № 7. P. 3077–3085.
16. DeLong E.F., Taylor L.T., Marsh T.L., Preston C.M. Visualization and enumeration of marine planktonic Archaea and Bacteria by using polyribonucleotide

- probes and fluorescent *in situ* hybridization // Appl. Env. Microbiol. 1999. V. 65, № 12. P. 5554–5563.
17. Amann R.I., Ludwig W., Schleifer K.-H. Phylogenetic identification and *in situ* detection of individual microbial cells without cultivation // Microbiol. Rev. 1995. V. 59, № 1. P. 143–169.
18. Amann R., Ludwig W. Ribosomal RNA – targeted nucleic acid probes for studies in microbial ecology // FEMS Microbiol. Rev. 2000. V. 24. P. 555–565.
19. Speksnijder A.G.C.L., Kowalchuk G.A., De Jong S. et al. Microvariation artifacts introduced by PCR and cloning of closely related 16S rRNA gene sequences // Appl. Env. Microbiol. 2001. V. 67, № 1. P. 469–472.
20. Chandler D.L., Stults J.R., Cebula S. et al. Affinity purification of DNA and RNA from environmental samples with peptide nucleic acid clamps // Appl. Env. Microbiol. 2000. V. 66, № 8. P. 3438–3445.

С.Н.Загребельный, д.б.н., Новосибирский государственный университет

ЛЕКТИНЫ ПОСЕВНОЙ И ДИКОРАСТУЩЕЙ ГРЕЧИХИ В ИССЛЕДОВАНИИ ИСХОДНОГО СЕЛЕКЦИОННОГО МАТЕРИАЛА И ДЕЙСТВИЯ БИОРЕГУЛЯТОРА ГУМИ

Основными причинами невысокой урожайности гречихи являются гетеростилия, приводящая к illegитимному, менее результативному опылению, восприимчивость к болезням и полегамость. Достаточно полно требованиям сельского хозяйства отвечают сорта, обладающие резистентностью, высокоустойчивостью к полеганию и самосовместимостью. Большинство из этих свойств характерно для *Fagopyrum tataricum*, но, в отличие от посевной, дикорастущая гречиха имеет мелкие зерна и низкоурожайна. Гибриды, полученные путем интрогрессивных скрещиваний, могли бы обладать вышеперечисленными свойствами.

Благодаря работам, начатым А.С.Кротовым и Е.Г.Драненко [1], преодолена резко выраженная у гречихи межвидовая несовместимость и создан при использовании диких видов *Fagopyrum esculentum* и *Fagopyrum tataricum* амфидиплоид *Fagopyrum giganteum*, урожайный, но обладающий не очень высокой фертильностью. Созданные на основе редких морфобиотипов гибриды являются носителями тех признаков, использование которых обеспечивает формирование высокой урожайности. Однако при скрещивании культурных и диких видов гречихи наиболее остро стоит проблема межвидовой несовместимости, чем и объясняется сравнительно низкая фертильность полученных гибридов. В связи с этим на начальном этапе работ по отдаленной гибридизации при подборе исходных родительских пар наряду с кариологической характеристикой важное значение имеет биохимическая характеристика компонентов

растительной клетки, участвующих в межклеточном и тканевом узнавании. К числу таких биополимеров, в первую очередь, относятся углеводсвязывающие и углеводсодержащие белки – лектины, которые участвуют в образовании ферментных, полисахаридных и липополисахаридных комплексов, обуславливая тем самым совместимость. Лектины участвуют также в реакциях биоузнавания, в регуляции клеточного деления и дифференциации клеток и тканей [2]. Есть данные об участии лектинов в защитных реакциях растений к фитопатогенам [3–5]. Присутствие лектинов в составе белков эндосперма гречихи [6, 7] позволяет при использовании комплексных биохимических методов изучать их с целью подбора совместимых родительских форм среди посевной и дикорастущей гречихи.

Как известно, по многим параметрам для генетического маркирования зерновых наиболее эффективны и практичны белки семян [8]. Лектины могут быть использованы в качестве маркеров для идентификации генотипа. Сведения о природе лектинов, используемых в генетическом и филогенетическом анализе растений гречихи, в литературе практически отсутствуют.

Целью настоящей работы было изучение количественного содержания, иммунохимической специфичности и гемагглютинирующей активности лектинов посевной и дикорастущей гречихи в связи с проблемой межвидовых скрещиваний и влиянием на содержание и активность лектинов семян и хлорофилл-белковых комплексов листьев гречихи природного биорегулятора Гуми (Гуми-20 и Гуми-М).

Изучение количественного содержания лектинов методом твердофазного иммуноферментного анализа показало, что в семенах различных образцов *F. tataricum* содержание их выше, чем у *F. esculentum* (табл. 1). При выделении и фракционировании лектинов аффинной хроматографией на овогеле [9] и колонке с сефадексом G 100 нами установлено, что посевная гречиха имеет больше изоформ, чем дикорастущая.

скрещиваниях иммунологические различия, так как по характеру спектров преципитации белков можно судить о генетической близости изучаемых видов [8]. Для иммунохимического анализа лектинов были получены специфичные к ним антитела.

Иммунизацию проводили по методике Конарева и др. [10] с некоторыми модификациями. Для получения сывороток с высоким титром нами разработан новый прием иммунизации препаратами очищенных лектинов, эмульгированных в жидком гомополисахариде. Кроликов иммунизировали лектинами, выделенными последовательной экстракцией 0,2 М NaCl и 0,1 М HCl с добавлением 1% триптона X-114 и саркозилата Na с последующей очисткой на овогеле, диализом и концентрированием на фильтрах из стекловолокна. Полученные таким способом тотальные препараты, содержащие как растворимые, так и структурно связанные лектины, вводили животным подкожно трижды с недельным интервалом в виде эмульсии с жидким гомополисахаридом и с полным адьювантом Фрейнда. Такой метод иммунизации позволил получить высокоочищенные, с высоким титром антитела к лектинам.

В результате иммунохимического анализа была установлена специфичность лектиновых фракций гречихи посевной и гречихи татарской. В реакциях иммунодиффузии наибольшее число общих антигенов выявлено сывороткой на лектины гречихи посевной в следующих образцах *Fagopyrum tataricum*: к-77, к-21, к-10 и к-7 (рис. 1).

Полученные данные по гемагглютинирующей активности лектинов гречихи посевной и дикой позволили выяснить, что образцы *F. tataricum* обладают этой активностью в наибольшей степени (табл. 1). Лектины гречихи посевной агглютинируют эритроциты человека 0 (I) группы крови в концентрации, превышающей лектины *F. tataricum* в несколько раз. Высокая лектиновая активность обнаружена у образцов *F. tataricum* к-77, к-10, к-107 и к-67, из которых первые два имеют наибольшую гомологию по спектрам пре-

Таблица 1

Гемагглютинирующая активность и содержание лектинов в семенах посевной и дикорастущей гречихи

Виды, сорта, каталожные номера ВИР		Активность лектинов ЕА / мг белка	Содержание мкг/г сырой массы
<i>Fagopyrum esculentum</i>	с. Сокуровская к-4442	20,6±1,7	0,94 ± 0,07
	с. Бирская	15,4±1,5	0,73±0,05
<i>Fagopyrum sagittatum</i> Gilib		13,1±1,4	1,14±0,09
<i>Fagopyrum tataricum</i>	к-7	27,6±2,1	1,82±0,18
	к-14	22,4±1,8	1,63±0,17
	к-20	20,5±1,7	1,34±0,15
	к-10	33,4±2,3	1,28±0,14
	к-21	29,3±1,9	2,41±0,18
	к-66	26,5±1,8	1,62±0,17
	к-77	35,6±2,4	2,5±0,19
	к-107	32,3±2,1	2,7±0,20
	к-67	31,0±2,0	2,43±0,19

Наиболее полно отражают степень совместимости исходных родительских пар при межвидовых

ципитации с лектинами *F. esculentum*. В реакциях иммунодиффузии при проявлении антисывороткой на



Рис. 1. Спектры преципитации лектинов из семян гречихи посевной и гречихи дикорастущей. Проявлены антисывороткой на лектины *F. esculentum* к-4442 (Se). 1 – лектины *F. tataricum* к-7; 2 – лектины *F. esculentum* к-4442; 3 – лектины *F. tataricum* к-21; 4 – лектины *F. tataricum* к-77; 5 – лектины *F. esculentum* к-2829; 6 – лектины *F. tataricum* к-10.

лектины *F. esculentum* (к-4442) из исследованных нами образцов дикорастущей гречихи, кроме к-77 и к-10, идентичность по спектрам лектинов с посевной гречихой проявили образцы к-21 и к-7, что говорит об их генетической близости с культурной гречихой. Таким образом, на основании данных иммунохимических реакций и гемагглютинирующей активности лектинов можно провести подбор исходных совместимых форм *F. tataricum* с целью гибридизации их с гречихой посевной.

У этих же образцов были исследованы лектины из генеративных органов. Обнаружены значительные различия по гемагглютинирующей активности у лектинов пыльников и пестиков. Так, лектины пестиков у образцов *F. tataricum* к-77, к-21, к-10 и к-7 характеризуются высокой гемагглютинирующей активностью, близки по уровню активности между собой и с лектинами пыльников *F. esculentum*. Лектины из этих же органов у образцов к-107, к-67, к-14, к-20 проявляют сравнительно низкую активность. Возможно, что уровень гемагглютинирующей активности лектинов генеративных органов имеет немаловажную роль в процессе оплодотворения. Наличие эритроагглютининов в экстрактах женских генеративных органов и влияние лектинов на прорастание пыльцы показаны в экспериментах Е.П. Голынской [11].

Наряду с исследованиями по выявлению совместимых родительских форм среди диких и культурных образцов гречихи по антигенной близости нами было изучено влияние природного биорегулятора Гуми на некоторые физиолого-биохимические показатели листьев гречихи. Наиболее традиционными объектами при изучении действия биорегулято-

ров на растения являются фотосинтез и пигментные комплексы, участвующие в этом процессе. В связи с этим исследовали влияние природного биорегулятора Гуми на хлорофилл-белковые комплексы (ХБК) листьев гречихи. Обнаружены различия по гемагглютинирующей активности и содержанию лектинов в ХБК листьев между образцами диких и культурных видов гречихи. Более высокой абсорбционной активностью обладают лектины ХБК гречихи посевной, в них также выше содержание хлорофилла а. Исследование растений, подвергнутых обработке Гуми, показало, что этот биорегулятор влияет на те же этапы метаболизма растений, которые сопряжены с изменением активности лектинов протопластов, хлорофилл-белковых комплексов и оптических свойств листьев. Последние, то есть оптические параметры листьев, отражают функциональное состояние хлорофилла и позволяют определить его количество. В работе нами был использован лазерный спектрофотометр Лафот, который дает возможность измерить долю поглощения, пропускания и отражения энергии излучения без повреждения растения и нарушения функций листа [12]. Установлено, что в листьях растений гречихи после воздействия Гуми увеличивается количественное содержание хлорофилла а в хлоропластах, возрастает коэффициент поглощения (Ab%) лазерного излучения ХБК, изменяется спектр диффузного отражения (Rd%). Установлено, что чем больше хлорофилла а в листьях, тем меньше значение коэффициента отражения. Под влиянием биорегулятора Гуми меняется гемагглютинирующая активность хлоропластных лектинов (табл. 2, рис. 2). Это допускает возможность регулирования лектинами

Таблица 2

Влияние биорегулятора Гуми на гемагглютинирующую активность, содержание хлорофилла и абсорбцию света ХБК листьев гречихи

Образцы и варианты опыта		Титр РГА	Содержание хлорофилла	Абсорбция Ab%
<i>F. tataricum</i> к-77	контроль	1 : 6	6,7±0,20	81,4±0,60
	опыт*	1 : 10	8,9±0,34	83,2±0,70
<i>F. tataricum</i> к-21	контроль	1 : 5	5,8±0,18	81,0±0,50
	опыт	1 : 9	8,0±0,30	82,3±0,64
<i>F. esculentum</i> , с. Сокуровская	контроль	1 : 4	7,8±0,26	83,5±0,72
	опыт	1 : 7	10,2±0,42**	86,2±0,86
<i>A. esculentum</i> G., с. Бирская	контроль	1 : 3	7,2±0,24	82,4±0,64
	опыт	1 : 6	9,7±0,36	85,0±0,80

* Обработка растений Гуми из расчета 300 г/га; ** значимо на 5% уровне.

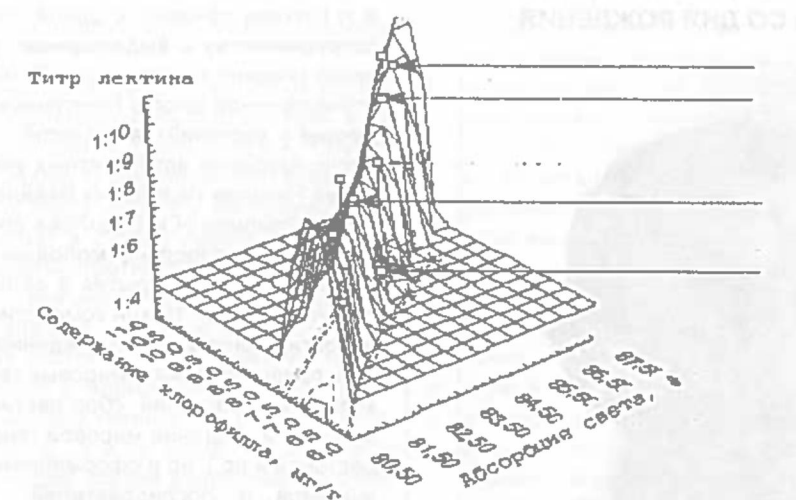


Рис. 2. Зависимость гемагглютинирующей активности лектинов, содержания хлорофилла и абсорбции света ХБК от воздействия биорегулятора Гуми. 1 – *F. esculentum* – контроль; 2 – *F. esculentum* – опыт; 3 – *F. tataricum* – контроль; 4 – *F. tataricum* – опыт.

функциональной активности хлоропластов. Известно влияние лектинов на фотофосфорилирование, которое определяется взаимодействием лектина с углеводными остатками на поверхности тилакоидов. Образование лектин-рецепторного комплекса на тилакоидах существенно влияет на процесс фотосинтеза [13].

При обработке растений Гуми происходит резкое увеличение титра гемагглютинации лектинов и улучшаются абсорбционные свойства ХБК как у посевной, так и у дикорастущей гречихи. Однако, если у *F. tataricum* резко увеличивается эритроагглютинирующая активность лектинов, то у *F. esculentum* возрастает коэффициент абсорбции.

Выявленная видовая специфичность лектин-содержащих фракций белков семян гречихи дает возможность использовать их в качестве маркеров в селекционно-генетических исследованиях. Гуминовые кислоты, являющиеся природными биорегуляторами, изменяют активность лектинов хлоропластов, что стимулирует фотосинтетическую активность листьев, влияя на оптические свойства хлорофилл-белковых комплексов.

Литература

1. Кротов А.С., Драненко Е.Т. Амфидиплоид гречихи // Бюлл. ВИР. 1973. Вып. 3. С. 41–44.
2. Королев Н.П. Функции лектинов в клетке // Общие проблемы физико-химической биологии. Итоги науки и техники. Т. 1. М.: Наука, 1984. 351 с.
3. Ямалеев А.М., Мелентьев А.И., Ямалеева А.А. О значении лектинов в защитной реакции растений пшеницы к пыльной головне // С.-х. биология. 1988. № 5. С. 43–44.
4. Milerman D., Galun E., Sharon N., Lotan R. Inhibition of fungal growth by wheat germ agglutinin // Nature. 1975. V. 256, № 1. P. 414–416.

5. Jamalejeva A.A. Lectin function in resistance of wheat to fungi diseases // 13-th Intern. Lectin Meet. Interlec 13. Berlin, 1991. P. 67.
6. Axiki C.C., Bourboure K., Luporsi C., Percheron F., 1980. Цит. по: Лахтин В.М. Лектины в исследовании белков и углеводов. М.: ВИНТИ АН СССР, 1987. Т. 2. 288 с.
7. Ямалеева А.А. Влияние природных регуляторов роста и развития на экспрессию генома хлоропластов гречихи и проса // Материалы II съезда ВОГиС. 2000. Т. 1. С. 93.
8. Конарев В.Г. Морфогенез и молекулярно-биологический анализ растений. Санкт-Петербург: ВИР, 1998. 370 с.
9. Луцик М.Д. Новый аффинный сорбент для очистки лектинов // Укр. хим. журн. 1984. Т. 56, № 4. С. 432–436.
10. Конарев В.Г., Гаврилюк И.П., Губарева Н.К. Белковые маркеры геномов пшениц и их диких сорочичей // Вестн. с.-х. науки. 1970. № 8. С. 100–114.
11. Голынская Е.П. Исследование лектинов генеративных органов примулы обратноконической // Мол. биол. Киев, 1979. № 3. С. 34–38.
12. Лискер И.С. Лазернооптические методы, устройства и системы автоматизированного исследования растений и семян: Сб. тр. АФИ. Санкт-Петербург, 1997. С. 321.
13. Филиппов В.В. Реакции узнавания и устойчивость // Ржавчина пшеницы. М.: Наука, 1989. С. 233–250.

А.А.Ямалеева, к.б.н., доцент, кафедра биохимии и биотехнологии Башкирского госуниверситета, г. Уфа

К 100-ЛЕТИЮ СО ДНЯ РОЖДЕНИЯ



Александр Николаевич Лутков
(19.12.1901 – 17.08.1970)

19 декабря 2001 года исполнилось 100 лет со дня рождения известного советского генетика и селекционера, одного из основоположников современной теории селекции растений Александра Николаевича Луткова.

Александр Николаевич родился в семье служащего в городе Могилеве (Белоруссия), где прошли годы его детства и он закончил местную гимназию. В 1920 г. он поступил в Московскую сельскохозяйственную академию им. К.А.Тимирязева и в 1925 г. закончил ее. Дипломная работа была выполнена под руководством Георгия Дмитриевича Карпеченко – в те годы молодого научного сотрудника (Георгий Дмитриевич старше Александра Николаевича на полтора года) – во Всесоюзном институте прикладной ботаники и новых культур, куда по окончании академии А.Н.Лутков был приглашен на работу Н.И.Вавиловым. С 1925 по 1941 г. Александр Николаевич – сотрудник Всесоюзного института растениеводства и ближайший коллега Г.Д.Карпеченко, с которым длительное время их связывали не только общая творческая работа, но и личная дружба, длившиеся вплоть до ареста и безвременной кончины Георгия Дмитриевича в 1940 г.

Александр Николаевич принадлежит к плеяде учеников великого биолога и генетика XX века Николая Ивановича Вавилова. Творческое становление

А.Н.Луткова обязано, с одной стороны, длительному сотрудничеству с выдающимся генетиком Г.Д.Карпеченко (именно Карпеченко и Лутков заложили основы отечественной школы генетической регуляции репродукции у растений), а с другой, – оба они входили в число наиболее авторитетных учеников и последователей Николая Ивановича Вавилова.

Феномен Н.И.Вавилова состоял в том, что он, будучи еще довольно молодым ученым, не только сделал крупные открытия в области генетики и эволюции растений (закон гомологических рядов изменчивости, центры происхождения культурных растений, представления о мировых генетических ресурсах культурных растений, сбор растений по всему земному шару и создание мировой генетической коллекции растений и пр.), но и сформировал знаменитую школу учеников и последователей. Планетарные идеи Н.И.Вавилова не утратили своего значения и поныне: его последователи (научные внуки и правнуки) работают сегодня не только в России, но и во многих странах мира.

Драгоценными свойствами, персональной особенностью личности Н.И.Вавилова были не только его высокие интеллектуальные способности и исключительная результативность проводимых исследований, но и умение привлекать на работу молодых сотрудников, в скором времени становящихся выдающимися учеными. В 1935–1937 гг. под редакцией и при личном участии Н.И.Вавилова были изданы три тома «Теоретических основ селекции растений» – классический труд на долгие времена. Выход этих книг позволил многим сотрудникам ВИРа заявить о себе как о «звездах» первой величины в биологической науке (список их имен можно найти в оглавлении трехтомника). Значение этого труда не утрачено и поныне. Среди большого авторского коллектива знаменитого трехтомника достойное место занимает и обзорная статья А.Н.Луткова по вопросам экспериментального мутагенеза у растений¹. В этой статье А.Н.Лутков подводит итоги длительных дискуссий среди биологов и генетиков о роли мутаций в эволюции и селекции и суммирует накопившиеся к этому времени факты по экспериментальному получению мутаций у растений. В основу статьи положена пионерская работа Г.Мёллера 1927 года по использованию ионизирующей радиации для экспериментального получения мутаций и последовавшие за этим открытия работы исследователей многих стран по получению мутационных изменений с помощью воздействия на геном растений различными физическими и химическими факторами. Среди специалистов, работавших в области экспериментального мутагенеза растений, был и А.Н.Лутков, получивший первые практически значимые мутанты на сельскохозяйст-

¹ Лутков А.Н. Мутации и их значение для селекции // Теоретические основы селекции растений. М.: Гос. изд-во с.-х. совхозной и колхозной лит-ры, 1935. Т. 1. С. 181–214.

венных растениях: безлигунный ячмень, озимую форму ячменя и др.^{2,3,4}

Теперь уже можно подвести некоторые итоги и оценить значение экспериментальных мутаций в селекции культурных растений, о чем писал А.Н.Лутков в середине 1930-х годов. С послевоенного времени и до середины 1960-х годов работа с экспериментальными мутациями у нас в стране практически не велась вследствие административного запрета на занятие классической генетикой, которая официально была признана псевдонаукой. Научные и околонаучные публикации тех лет пестрели названиями «о так называемом менделизме и морганизме...» и «о так называемой теории наследственности...» и «о так называемой теории генов...» и пр. Финал антигенетической вакханалии в нашей стране реализовался решениями августовской сессии ВАСХНИЛ 1948 г. Страна надолго была погружена в «социальную шизофрению». Идеологи «новой генетики» декларировали истерически невежественные мнения по вопросам наследственности и изменчивости в живом мире. Научная генетика могла как-то существовать только в условиях интеллектуального «подполья». Снятие административного запрета на занятие классической генетикой открыло возможность развития новых методов селекционного улучшения растений. С тех пор метод экспериментального мутагенеза, активным пропагандистом которого выступал А.Н.Лутков еще с середины 1930-х годов, стал чрезвычайно популярным среди селекционеров-практиков растений.

Мутагенез позволил создать большие коллекции мутантных растений, открыл новые возможности для решения многих фундаментальных проблем биологии растений. Например, благодаря созданию коллекции хлорофилльных мутаций были изучены основные стадии синтеза хлорофилла и основные пути фотосинтетических реакций. Значительные успехи были достигнуты и в практической селекции. За 20–25 лет интенсивных работ в области экспериментального мутагенеза в СССР были созданы несколько сотен сортов растений с использованием мутантных генов. Между тем с помощью индуцированных мутаций создано лишь небольшое число сортов у основных сельскохозяйственных растений – зерновых, овощных и плодовых. Более успешно метод экспериментального мутагенеза использован в декоративном цветоводстве и садоводстве для получения оригинальных форм растений. Разумеется, метод мутагенеза не мог заменить традиционные методы селекции, базирующиеся на гибридизации, рекомбинации и

отборе, или конкурировать с ними, но он был чрезвычайно важен для развития общей теории генетики и селекции растений и дополнил арсенал методов улучшения культурных растений.

Если пассионарная деятельность Н.И.Вавилова по организации мировой генетической коллекции растений и активность ряда лабораторий руководимого им института были направлены на поиск, сбор, сохранение и изучение наследственной изменчивости растительных форм, привезенных из дальних ботанико-географических экспедиций, то усилия Г.Д.Карпеченко и А.Н.Луткова были направлены на теоретическую и экспериментальную разработку новых методов репродукции и селекции растений. В частности, научные интересы А.Н.Луткова были связаны с тремя новыми генетическими методами репродукции и селекции растений: цитогенетикой отдаленных гибридов, экспериментальным мутагенезом, методами получения, изучения, размножения и использования в селекции полиплоидных растений.

Наряду с исследованиями экспериментального мутагенеза в лаборатории Г.Д.Карпеченко разрабатывался и метод экспериментальной полиплоидии растений. Работа с экспериментальными полиплоидами показала, что кратное изменение числа хромосом в клеточных ядрах приводит к радикальным изменениям как в морфологии и физиологии растений, так и в способах наследования признаков в ряду поколений. Именно работы в области экспериментальной полиплоидии принесли А.Н.Луткову заслуженную известность у нас в стране и за рубежом. Еще в довоенные годы им были разработаны методы массового получения полиплоидных растений путем удвоения числа хромосом в ядрах с использованием как физических, так и химических способов воздействия, в частности, с помощью колхицина (конец 1930-х годов)^{5,6}. Вопросам получения, изучения и использования полиплоидов льна в селекции была посвящена кандидатская диссертация А.Н.Луткова, которую он успешно защитил в мае 1941 г.

После принудительного увольнения из ВИРа в связи с гонениями на генетику и генетиков, с арестом Н.И.Вавилова и Г.Д.Карпеченко и в связи с началом войны А.Н.Луткову пришлось сменить место работы. Вскоре после начала войны он стал работать заведующим медицинской лабораторией при военном госпитале, а после демобилизации – заведующим отделом селекции во Всесоюзном НИИ эфиромасличной промышленности (1943–1955 гг.). Научный потенциал, накопленный Александром Николаевичем за время работы в ВИРе, был реализован в его исследованиях на эфиромасличных растениях. В частности, путем удвоения числа хромосом он превратил

² Лутков А.Н. Хлорофилльные мутации и другие типы наследственных изменений под влиянием X-лучей // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. Серия 2. 1937.

³ Лутков А.Н. Возникновение озимой формы ячменя под влиянием X-лучей // Там же.

⁴ Лутков А.Н. Об экспериментальном получении полиплоидных гамет под влиянием низкой температуры и хлороформа // Там же.

⁵ Лутков А.Н. Тетраплоидия у льна, вызванная действием высокой температуры на зиготу // Докл. АН СССР. 1938. Т. 19, № 1–2.

⁶ Лутков А.Н. Массовое получение тетраплоидных растений льна под действием колхицина // Докл. АН СССР. 1939. Т. 22, № 4.

бесплодную (бессемянную) форму мяты перечной (*Mentha piperita* L.) в плодovитое растение, что позволило заменить вегетативный способ репродукции мяты на семенной. Переход от вегетативной репродукции к семенной имеет принципиальное значение в селекции любой культуры. Неудивительно, что работы А.Н.Луткова по репродуктивной биологии и генетике мяты перечной открыли совершенно новые возможности в селекции. На основе отборов в семенных потомствах мяты были созданы два новых высокоментольных сорта мяты – Прилукская 6 и Кубанская 6. Это позволило медицинской и пищевой промышленности получить новое высококачественное сырье и увеличить производство эфирных масел для лекарственных и пищевых целей. Генетические методы исследования А.Н.Лутков широко использовал и на других эфиромасличных культурах^{7,8}.

В 1955 г. А.Н.Лутков перешел на работу в Ботанический институт АН СССР (г. Ленинград), а с 1958 г. по предложению директора-организатора Николая Петровича Дубинина приступил к работе в Институте цитологии и генетики СО АН СССР. Последние 12 лет жизни и работы в ИЦиГ СО АН оказались особенно продуктивными в творческом плане для Александра Николаевича. Как генетик-профессионал с большим стажем практической работы, он ясно осознавал необходимость восстановления порушенной советской генетики, необходимость подготовки новых кадров генетиков и необходимость работать над вопросами использования генетических методов в практической селекции растений. Влияние научного творчества Н.И.Вавилова оказалось очень важным в деятельности А.Н.Луткова в новом институте. Н.И.Вавилов формировал специалистов (генетиков-растениеводов) по своему разумению, умеющих сочетать глубокую теоретическую подготовку в области общей и экспериментальной генетики с проведением обширных ботанико-географических и селекционно-генетических исследований. Творческий сплав этого вавиловского триединства в одном человеке предопределил успешную деятельность Александра Николаевича в Сибири. Ему удалось с необычайной эффективностью развернуть генетические и селекционные исследования по получению и изучению полиплоидных форм сахарной свеклы, редиса, капусты, кукурузы, ржи, гороха, мяты и других растений. Особенно впечатляющими оказались его исследования по получению триплоидных (анизоплоидных) гибридов сахарной свеклы, так как от момента получения тетраплоидных форм (отцовская форма гибридов) до внедрения гибридов в производство прошло всего шесть лет, из которых три года ушли на госиспытания

⁷ Лутков А.Н. Новые сорта мяты для парфюмерной промышленности и перспективы продвижения ее культуры в новые районы // Труды Ботанического института АН СССР. 1959. Серия VI. Вып. 7.

⁸ Лутков А.Н. Полиплоидия и ее значение у эфиромасличных культур // Полиплоидия у растений. Изд-во АН СССР, 1962.

этих гибридов (в норме срок получения новых сортов и гибридов свеклы исчисляется 15–20 годами). Этой цели был подчинен весь ритм работы как самого Александра Николаевича, так и его сотрудников, осуществлявших длительные экспедиционные выезды в районы возделывания сахарной свеклы в СССР (Украина, Кубань, Киргизия, Казахстан и др.)^{9,10,11}. В настоящее время метод полиплоидии повсеместно стал основным в селекции сахарной свеклы.

В 1960-е годы три полиплоидных (анизоплоидных) гибрида сахарной свеклы – Кубанский полигибрид 9 и Первомайский полигибрид 10 – были районированы в производстве на Кубани и Киргизский полигибрид 18 – в Киргизии. Выход на поля этих и других полигибридных сортов (в их создании участвовали селекционеры Украины, России, Казахстана) стал возможен благодаря творческому содружеству и личной дружбе А.Н.Луткова с селекционерами из различных регионов СССР (М.И.Таранюк, В.А.Панин, Г.С.Степаненко, О.А.Кудрявцева, А.М.Юсубов и др.). В конце 1960-х и в 1970-е годы эти популярные и высокопродуктивные гибриды выращивались на площади более 400 тыс. гектаров (около 12% от общей посевной площади под этой культурой в СССР), увеличивая выход сахара с гектара на 10–15%.

В ВИРе, в лаборатории Г.Д.Карпеченко, где ранее работал А.Н.Лутков, первоочередное значение придавали исследованиям по репродуктивной биологии и генетике растений. Это знаменитые работы на редечно-капустных гибридах – использование метода полиплоидии для преодоления нескрещиваемости при отдаленной гибридизации. Близкую по сути работу успешно выполнил А.Н.Лутков на мяте перечной в 1960-е годы. А.Н.Лутков и А.Б.Иорданский в конце 1950-х годов первыми у нас в стране нашли пыльцестерильные растения свеклы, на основе которых были начаты исследования по генетике и цитогенетике ЦМС (Е.В.Семенова, Н.С.Леонова, В.И.Коваленко и др.)¹². Это направление исследований ныне успешно развивается с использованием современных методов молекулярной биологии и генетики (лаборатория структуры генома, Р.И.Салганик, Г.М.Дымшиц).

Первые публикации А.Н.Луткова в Новосибирске связаны с разработкой нового метода репродукции семян сахарной свеклы – партеногенеза. Этой теме были посвящены статьи А.Н.Луткова и его сотрудников (Т.Б.Добрецова, А.М.Манжос) в начале

⁹ Лутков А.Н. Экспериментальная полиплоидия и селекция сахарной свеклы // Полиплоидия и селекция. М.: Наука, 1965.

¹⁰ Лутков А.Н., Раджабли Е.П. Основные направления использования полиплоидии в селекции // С.-х. биология. 1968. № 2.

¹¹ Лутков А.Н., Малецкий С.И. Некоторые итоги и генетические принципы использования полиплоидии и гетерозиса в селекции сахарной свеклы // Генетика. 1968. № 5.

¹² Лутков А.Н., Иорданский А.Б. Цитоплазматическая мужская стерильность у сахарной свеклы // Экспериментальная полиплоидия в селекции растений. М.: Наука, 1966.

1960-х годов и касались вопросов получения гаплоидов, полигаплоидов и близнецовых растений у свеклы¹³. В настоящее время партеногенетический (апо-зиготический) способ семенной репродукции у свеклы широко используется как в генетических, так и селекционных работах в научных учреждениях многих стран. Этот метод семенной репродукции активно разрабатывается ныне у ряда сельскохозяйственных растений (сахарная свекла, земляника, рожь) в лаборатории популяционной генетики растений ИЦиГ СО РАН (новое название лаборатории А.Н.Луткова с середины 1980-х годов).

В середине 1960-х годов в лаборатории А.Н.Луткова стал активно разрабатываться метод инбридинга у перекрестноопыляемых (самонесовместимых) растений (сахарная свекла, капуста), направленный на изменение репродуктивной системы растений (замена перекрестного оплодотворения на самооплодотворение и партеногенез). Итогом многолетних исследований (1960–1990-е гг.) стало создание обширной коллекции инбредных линий сахарной свеклы на фертильной и стерильной основах. На базе этих линий были развиты исследования по частной генетике свеклы (Н.Я.Вайсман, С.Г.Вепрев, Е.В.Левитес, А.А.Лутков, Е.И.Малецкая, А.В.Мглинец, Э.Н.Малюта, Е.В.Полякова, Е.П.Раджабли и др.). Инбредные линии создали предпосылки для проведения совместных селекционно-генетических экспериментов с селекционными учреждениями СССР (Краснодарский край, Воронежская область, Украина, Казахстан, Киргизия) и с тех пор метод инбридинга стал популярным среди селекционеров, работающих на свекле.

А.Н.Луткову принадлежат наиболее фундаментальные работы, публиковавшиеся в СССР в 1960-е годы по проблемам эволюции и селекции полиплоидов у растений. А.Н.Лутков – автор более 70 научных работ, многие из которых цитируются и поныне. Им создана научная школа, его ученики и последователи работают во многих научных учреждениях России и стран СНГ (Р.Г.Беляева, Э.В.Денисова, П.А.Дьячук, В.И.Коваленко, Н.С.Леонова, С.И.Малецкий, И.С.Попова, В.Д.Рудь, В.И.Семенов, Е.В.Семенова, В.К.Шумный, Р.С.Юдина (Чукалина) и др.).

В 1966 г. А.Н.Луткову как выдающемуся советскому генетику была присуждена ученая степень доктора биологических наук без защиты диссертации, в 1967 г. ему было присвоено звание профессора. Заслуги А.Н.Луткова перед наукой и обществом не обойдены вниманием и официальных властей. За успехи в деле развития генетики и селекции растений А.Н.Лутков в 1966 году был награжден орденом Трудового Красного Знамени, трижды его работы получали золотые медали ВДНХ СССР.

¹³ Лутков А.Н., Добрецова Т.Б., Манжос Е.М. Спонтанная полиплоидия и гаплоидия у сахарной свеклы // Докл. АН СССР. 1965. Т. 160. № 2.

Александр Николаевич был милым и доброжелательным, с теплым чувством юмора человеком, любившим свою работу, семью, друзей и молодых сотрудников (его с любовью звали папашей Лутковым). Светлая память о выдающемся ученом, незаурядном человеке, учителе с большой буквы навсегда сохранится в сердцах всех тех, кто близко знал Александра Николаевича и имел счастье длительное время работать под его руководством.

С.И.Малецкий, д.б.н., профессор, действительный член РАЕН, заведующий лабораторией популяционной генетики растений ИЦиГ СО РАН, Новосибирск

Из архива Института цитологии и генетики СО РАН

В архиве Института цитологии и генетики СО РАН хранится «Научно-производственная характеристика старшего научного сотрудника лаборатории генетики ВИРа А.Н.Луткова», подписанная Г.Д.Карпеченко. Как всякая производственная характеристика, она не предназначалась для публикации. Однако годы (61 год), отделяющие нас от времени ее написания, перевели ее в разряд ценнейшего документа. На наш взгляд, по своему содержанию характеристика выходит за рамки «казенной бумаги» – в ней нашло выражение отношение Г.Д.Карпеченко к А.Н.Луткову. Текст характеристики приводится полностью, без изменений, орфография и пунктуация документа сохранены.

Редакция

НАУЧНО-ПРОИЗВОДСТВЕННАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА СТАРШЕГО НАУЧНОГО СОТРУДНИКА ЛАБОРАТОРИИ ГЕНЕТИКИ ВИРа А.Н.ЛУТКОВА

Александр Николаевич Лутков работает в лаборатории генетики Всесоюзного института растениеводства с первых дней организации ее с осени 1925 г., сначала до 1928 г. лаборантом, затем с 1928 по 1930 г. младшим научным сотрудником и, наконец, с 1931 г. старшим научным сотрудником. За все эти 15 лет он являлся фактически заместителем заведующего лабораторией, принимал участие в организации ее, организации исследовательской работы, подготовке кадров, заведя лабораторией во время командировок заведующего, один раз в течение 1 1/2 лет. Первые годы исследовательской работы А.Н.Луткова были посвящены цитологии межродовых гибридов крестоцветных. Затем, уже совершенно самостоятельно, А.Н.Лутковым были получены и детально исследованы межвидовые гибриды гороха, затем была проведена работа по изучению влияния внешних факторов на процесс образования половых клеток у гибридов, затем им изучалось действие ко-

ротковолновой энергии и температурных условий развития на процесс возникновения наследственных изменений, наконец последние работы посвящены экспериментальной полиплоидии у льнов. Им показано, что бесплодные отдаленные гибриды могут иметь нормальный мейозис, установлен ряд закономерностей возникновения мутаций под влиянием рентгенизации, показано резкое влияние температурного фактора на ход мейозиса и образования полиплоидных гамет, получены и исследованы тетраплоидные формы у 24 сортов культурного льна и у нескольких диких видов, причем показано удлинение стебля у некоторых из них, повышение выхода волокна, укрупнение семян и пр., а также увеличение плодovitости тетраплоидов при гибридизации их между собой. А.Н.Лутков опубликовано 10 печатных работ и результаты его исследований широко известны и часто приводятся как в советской, так и заграничной литературе. А.Н.Лутков провел большую работу и по подготовке кадров: он руководил подготовкой ряда аспирантов, защитивших кандидатские диссертации и ведущих в настоящее время ответственную научную работу (Г.Г.Батикян, Е.И.Юдин и др.), руководил практикой большого числа студентов-практикантов, неоднократно читал лекции различным группам учащихся: аспирантам, студентам, прикомандированным для усовершенствования, и пр. А.Н.Лутков владеет языками и хорошо знает специальную советскую и иностранную литературу.

За время работы в Пушкинских лабораториях ВИРА А.Н.Лутков принимал активное участие в общественной жизни по разным разделам общественной работы.

Дирекцией, местным комитетом и парткомом А.Н.Лутков неоднократно премировался: за хорошую постановку своей научно-исследовательской работы, за организационную работу по лаборатории, за подготовку аспирантуры и активное участие в общественной жизни института, за успешную производственную работу в области полиплоидии льна.

А.Н.Лутков опытный, весьма добросовестный и знающий исследователь, преданный своему делу, и вместе с тем активный общественник и отзывчивый товарищ. Ведущая им в настоящее время работа по тетраплоидии у льна имеет исключительный теоретический и практический интерес.

Г.Карпеченко, профессор, заведующий лабораторией генетики ВИРА

13/XI 1940 г.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ КОЛЛЕКЦИИ, ИЗОГЕННЫЕ И АЛЛОПЛАЗМАТИЧЕСКИЕ ЛИНИИ

Международная научная конференция
г. Новосибирск, Институт цитологии и генетики СО РАН
30.07–3.08.2001 г.

Организаторы:
Научный совет по генетике и селекции РАН (Москва)
Институт цитологии и генетики СО РАН (Новосибирск)

Международная конференция «Генетические коллекции, изогенные и аллоплазматические линии» (<http://www.bionet.nsc.ru/meeting/gcial2001/>) продолжила традицию проведения в Институте цитологии и генетики СО РАН совещаний по проблемам изучения и сохранения биологического разнообразия.

1. Первое Всесоюзное совещание «Использование изогенных линий в селекционно-генетических экспериментах» (март 1990 г.).
2. Международное совещание «Изогенные линии и генетические коллекции» (март 1993 г.).
3. Международная конференция «Биоразнообразие и динамика экосистем Северной Евразии» (август 2000 г.).
4. Первое международное рабочее совещание «Биоразнообразие и динамика экосистем Северной Евразии: информационные технологии и моделирование» (WITA'2001) (июль 2001 г.).

Необходимость новой встречи определялась тем, что значение генетических коллекций в качестве объекта для биологических исследований непрерывно возрастает. Любые виды генетических коллекций представляют большую ценность не только в плане сохранения генофонда, но и как модельные объекты для изучения взаимодействий ген-генотип, плазмонт-геном. Изогенные линии используются в работах по молекулярному картированию и в качестве тестеров при генетическом анализе. Замещенные и аллоплазматические линии стали незаменимым инструментом в изучении филогении и систематики, накопились сведения об изменении фенотипического проявления ядерных генов под влиянием плазмона. В то же время многие методологические вопросы формирования, сохранения и использования генетических коллекций (в том числе изо- и аллолиний) недостаточно проработаны. Отсутствуют мировые банки компьютерных данных и постоянно сохраняемых генотипов тестерных, замещенных, изогенных и аллоплазматических линий. Существующий материал разобщен и находится в международных и национальных генофондах и остается не известным исследователям других стран. Эти и многие другие нерешенные вопросы предопределили организацию этой конференции, на которой собрались заинтересованные в таком материале исследователи.

Сопредседателями конференции были: академики РАН В.К.Шумный и С.В.Шестаков. В состав оргкомитета конференции вошли: профессор Koichiro Tsunewaki и д-р Nobuyoshi Watanabe (Япония), д-р Andreas Boerner (Германия), профессор Атанасов

Атанасов (Болгария), д.б.н. Н.П.Гончаров, к.б.н. С.Ф.Коваль и к.б.н. В.С.Коваль (Россия).

Во время конференции работа проводилась по четырем секциям: 1) генетические коллекции – сопредседатели А.Boerner (Германия) и Н.П.Гончаров (Россия); 2) изогенные и замещенные линии – председатель N.Watanabe (Япония); 3) аллоплазматические линии – председатель проф. О.Г.Давыденко (Беларусь); 4) базы данных – председатель В.С.Коваль (Россия).

Рабочими языками конференции были русский и английский, но программа и труды опубликованы только на английском языке. Сборник текстов докладов и стендовых сообщений (до 5 стр. текста с рисунками, таблицами и списком цитированной литературы) издан к открытию конференции (Genetic collections, isogenic and alloplasmic lines. Novosibirsk, Russia. July 30 – August 3, 2001 // Novosibirsk, IC&G SB RAS. 2001. 297 p.).

В работе конференции приняли участие более 50 ученых из различных стран, в том числе из Германии – Andreas Boerner, Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Gatersleben; Японии – Nobuaki Asakura, Laboratory of Biology Faculty of Engineering, Kanagawa University; Chiharu Nakamura, Faculty of Agriculture, Kobe University; Shigeo Takumi, Faculty of Agriculture, Kobe University; Nobuyoshi Watanabe, Faculty of Agriculture, Gifu University; Китая – Aimin Zhang, Institute of Genetics, Chinese Academy of Sciences, Beijing; Беларуси – О.Г.Давыденко, Институт генетики и цитологии БАН, Минск; Казахстана – Е.Д.Богданова, Институт физиологии растений, генетики и биотехнологии, Алматы; России – Л.А.Першина, ИЦиГ СО РАН, Новосибирск; Т.М.Золотова и Н.Н.Круглова, Институт биологии УНЦ РАН, Уфа и др.

Во время работы конференции были обсуждены многие актуальные вопросы современной генетики растений. Перспективным представляется направление использования генетически маркированных коллекций. Вопросы изучения систематики и эволюции злаков с использованием генетически маркированных образцов рассматривались в докладах Н.П.Гончарова, N.Watanabe, N.Asakura, Е.Я.Кондратенко и в стендовом сообщении Е.А.Моисеевой.

Генетические коллекции изогенных и замещенных линий, серии анеуплоидов нашли широкое применение в картировании генов (Хлесткина с соавторами, Boerner, Korzun; Корзун и др. – Германия, Щапова, Кравцова; Арбузова с соавторами – ИЦиГ СО РАН). В настоящее время успех молекулярного картирования генов растений настолько зависит от наличия специальных маркированных линий, что их создание превращается в весьма актуальную проблему. На эту тему на конференции был представлен доклад А.Ю.Кравченко (ИЦиГ СО РАН) о коллекции межродовых гибридов *Triticum aestivum/Thinopyrum intermedium*.

На базе коллекций широко изучаются устойчивость сорго к злаковой тле (Е.Е.Радченко – ВИР, Санкт-Петербург); эффективность культуры пыльников *in vitro* (Н.Н.Золотова, Н.Н.Круглова – Институт биологии УНЦ РАН, Уфа); устойчивость к болезням (С.В.Рабинович). Такие сообщения были интересны не столько приводимыми в них фактическими результа-

тами, сколько методологией целенаправленного изучения полиморфизма растений и создания тематических коллекций. В некоторых случаях формирование и изучение коллекций преследовало чисто практические селекционные цели: доклады Е.Д.Богдановой и К.Х.Махмудовой (Казахстан) о линиях пшеницы – носителях признака «опускающийся лист»; В.Н.Сорокопудовой (Бердская зональная плодово-ягодная опытная станция, Новосибирская обл.) об устойчивости сортов смородины к почковому клещу *Cecidophyes ribis* Westw.; стендовые сообщения Р.С.Martinek с соавторами (Чехия), посвященные параметрам колоса и зерна у пшеницы.

Традиционно большинство генетически или фенотипически маркированных коллекций создается на «удобных» для генетика видах растений – горохе, ржи, ячмене, арабидопсисе. На конференции были представлены сообщения о создании признаковых коллекций других объектов: тритикале (П.И.Степочкин – СибНИИРС СО РАСХН); интрогрессивных линий мягкой пшеницы (Е.Б.Будашкина – ИЦиГ СО РАН); диплоидных пшениц (Е.Я.Кондратенко, А.А.Коновалов – ИЦиГ СО РАН); коллекций соматоклонов (Л.Г.Тырышкин – ВИР, Санкт-Петербург); коллекций видов рода *Lilium* L. в Сибири и пионов (О.А.Сорокопудова, Г.А.Разумова – Бердская зональная плодово-ягодная опытная станция, Новосибирская обл.).

В отличие от микроорганизмов и культур изолированных клеток, коллекции растений и животных требуют частого репродуцирования, что приводит к их механическому, гибридогенному или мутационному загрязнению. Тематика докладов и стендовых сообщений подтверждает, что исследователи обращают мало внимания на вопросы сохранения и поддержания генетических коллекций. Данный вопрос затронут только в двух докладах. Б.И.Иванов с соавторами (Якутия) сообщил об опыте длительного хранения семян при отрицательной температуре (24–26 лет) в вечной мерзлоте Якутии. Учитывая экономичность и надежность такого метода, следует ввести его в мировую практику хранения генофондов. С.Ф.Коваль (ИЦиГ СО РАН) предложил классификацию сохраняемых коллекционных образцов в зависимости от их возможного засорения.

В ряде докладов были изложены результаты создания серий изогенных линий (С.Ф.Коваль – Россия, N.Watanabe – Япония), а также их использования для молекулярного картирования генов (Е.А.Салина – ИЦиГ СО РАН). При этом N.Watanabe использует символы и номенклатуру изогенных линий, ранее предложенные в нашем институте. Особо стоит отметить прекрасный доклад Shigeo Takumi с соавторами (Япония) по молекулярно-генетическому картированию мутации *Hooded* у пшеницы, выполненному с использованием мутантных и почти изогенных линий, с применением методов цитологии, электронной микроскопии и молекулярной биологии.

Высокий уровень исследований был показан на секции «Аллоплазматические линии». Белорусская школа исследователей была представлена учениками доктора О.Г.Давыденко из Института генетики и цитологии БАН. И.М.Гоповенко с соавторами доложи-

ла о ядерно-цитоплазматических взаимодействиях у ячменя; М.Синяевская с соавторами – об особенностях органелльного генома у аллоплазматических линий пшеницы с цитоплазмой ржи. Созданию и характеристике аллоплазматических линий пшеницы *Triticum aestivum* L. с цитоплазмой ячменя был посвящен обстоятельный доклад Л.А.Першиной с соавторами (ИЦиГ СО РАН). В докладах С.Накатига и N.Asakura приведены данные по сравнительному изучению цитоплазм *Aegilops* и пшеницы. Интересный доклад о влиянии чужеродной цитоплазмы на проявления Fe-зависимого хлороза у пшеницы представил Zhang Aimin из Китая. Можно отметить слабый интерес исследователей к цитоплазматической мужской стерильности. Вопросы, касающиеся этой проблемы, рассматривались только в стендовом сообщении Н.А.Хайленко (Казахстан) в связи с проблемой гибридной пшеницы. Прослеживается концентрация усилий ученых разных стран на молекулярном изучении митохондриального и хлоропластного геномов.

Громадные объемы изучаемых ресурсов требуют разработки методов сохранения и анализа баз данных. Доклады на секции «Базы данных» показали, что данная проблема находится только в стадии первичной разработки. Общие положения к построению баз данных для биологических ресурсов изложил А.М.Федотов (ИВТ СО РАН, Новосибирск). Но пока это, скорее, перспектива, чем возможность немедленного использования результатов. Более успешными оказались некоторые частные подходы к данной проблеме. Г.Скуридин и Н.В.Багинская (ИЦиГ СО РАН) посвятили свое выступление оригинальному способу корреляционного анализа базы данных с использованием метода факторных поправок. Этот способ успешно использован ими при анализе биоразнообразия облепихи. Построение генной сети как осмысление существующих экспериментальных данных было продемонстрировано Н.А.Омельянчук с соавторами на примере генетических систем формирования цветов у арабидопсиса. О реально существующей базе данных по изогенным линиям пшеницы серии АНК доложил В.С.Коваль (ИЦиГ). Эта база данных выставлена в Интернет и доступна для всех пользователей по адресу <http://www.sbras.nsc.ru/win/elbib/>.

При заключительном обсуждении участники приняли решение провести следующую конференцию в 2004 году снова в Новосибирске.

С.Ф.Коваль, к.б.н., В.С.Коваль, к.б.н.
Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск

ИНФОРМАЦИОННОЕ ПИСЬМО О XII СЪЕЗДЕ РУССКОГО ЭНТОМОЛОГИЧЕСКОГО ОБЩЕСТВА

Российская Академия наук
Отделение общей биологии
Русское энтомологическое общество

Зоологический институт РАН
Санкт-Петербургский государственный университет
Санкт-Петербургская лесотехническая академия
Всероссийский институт защиты растений
Санкт-Петербург, 19–24 августа 2002 г.

Центральный совет Русского энтомологического общества принял решение о проведении XII съезда РЭО 19–24 августа 2002 г. в Санкт-Петербурге (Россия).

Оргкомитет

Председатель – Г.С.Медведев; заместитель председателя – В.И.Тобиас; ученый секретарь – В.А.Кривохатский; заместитель ученого секретаря – О.Г.Овчинникова. Члены оргкомитета: А.Ф.Алимов, Ю.С.Балашов, С.А.Белокобыльский, В.Н.Буров, В.Ф.Зайцев, О.А.Катаев, В.Е.Кипятков, А.Н.Князев, А.И.Корзеев, В.Г.Кузнецова, А.Л.Лобанов, А.Л.Львовский, С.Г.Медведев, Э.П.Нарчук, К.В.Новожилов, В.А.Павлюшин, А.В.Селиховкин, В.П.Семьянов, С.Ю.Синёв, А.А.Стекольников, В.Б.Чернышев.

Адрес оргкомитета

Россия, 199034, Санкт-Петербург, Университетская наб., 1, ЗИН РАН. Тел.: (812) 328-12-12; FAX: (812) 328-29-41, 114-04-44; e-mail: res@zin.ru. Интернет: www.zin.ru/conferences/cres12 или www.zin.ru/societies/res

Тезисы докладов

Языки съезда: русский, английский.

Тезисы на русском или английском языке с указанием мест работы авторов и их контактных электронных адресов подаются в электронном виде (предпочтительно из сайта съезда со специальной страницы http://www.zin.ru/conferences/cres12/cres_abs.htm или в форме *attachment* по электронной почте в форматах *txt*, *doc*, *rtf* без архивации и кодировок) объемом не более одной машинописной страницы (30 строк, кегль 12) и в виде распечатки. В названиях тезисов русские названия таксонов обязательно сопровождаются латинскими названиями. Для русскоязыч-

ных публикаций обязательно приводятся английские переводы названий и транскрипции фамилий авторов. Авторам необходимо указать предпочтительную форму участия (доклад, стендовое сообщение).

Тезисы принимаются только от членов РЭО. Названия принятых тезисов докладов по мере поступления в Оргкомитет будут размещены на сайте съезда в Интернете. Оргкомитет оставляет за собой право редактировать все поступившие тезисы, включая их названия.

Тезисы и регистрационный взнос, необходимый для их публикации, принимаются оргкомитетом до 25 марта 2002 г., после чего всем участникам будут разосланы именные приглашения с указанием времени проведения доклада.

Программа съезда и сборники всех принятых тезисов докладов будут опубликованы к открытию съезда.

Регламент выступлений: продолжительность докладов на пленарных заседаниях – 20–25 минут, на общесекционных заседаниях – 15–20 минут, на симпозиумах – 10–15 минут. Предполагается выделение специального времени для свободного обсуждения стендовых сообщений.

После проведения съезда планируется отдельное издание избранных докладов в расширенном виде в Трудях РЭО.

Регистрационный взнос в размере 200 рублей (для студентов и аспирантов – 100 рублей) следует высылать по адресу: 199034, Санкт-Петербург, Университетская наб., 1, ЗИН РАН, Мязкиви Наталья Васильевна.

Всем членам Общества, не платившим взносы в последние годы, просьба подтвердить свое членство в РЭО. Для перерегистрации членов Общества в целях налаживания оперативной связи между оргкомитетом и всеми участниками съезда просим предоставить также следующую информацию:

- фамилия, имя, отчество (русс./англ.);
- дата и место рождения;
- звание, место работы, должность;
- подробные домашний и рабочий адреса (с индексами), телефоны и факсы (с кодами), адрес электронной почты;
- год вступления в РЭО (ВЭО);
- область интересов в энтомологии.

По вопросам перерегистрации и ликвидации задолженности по членским взносам обращаться в Оргкомитет съезда.

Структура заседаний съезда

19 августа 2002 г. (понедельник) – прибытие и регистрация участников. 20–24 августа – заседания съезда.

На съезде будут заслушаны отчеты Совета, Президиума и Ревизионной комиссии о работе Общества, будут проведены переборы всех руководящих структур; предусмотрено проведение пленарных заседаний, секционных заседаний и заседаний симпозиумов внутри секций.

Предполагается проведение следующих секций и симпозиумов:

Секция МОРФОЛОГИЯ, СИСТЕМАТИКА И ФИЛОГЕНИЯ ЧЛЕНИСТОНОГИХ

Симпозиумы:

1. Первичнообескрылые
2. Амфибионтные насекомые
3. Ортоптероидные насекомые
4. Хоботные насекомые
5. Жесткокрылые насекомые
6. Чешуекрылые насекомые
7. Двукрылые насекомые
8. Перепончатокрылые насекомые
9. Небольшие отряды насекомых
10. Хелицерные
11. Паукообразные
12. Клещи

Секция ОБЩЕСТВЕННЫЕ НАСЕКОМЫЕ

Секция ПАЛЕОНТОЛОГИЯ НАСЕКОМЫХ

Секция КАРИОСИСТЕМАТИКА НАСЕКОМЫХ

Секция ЭКОЛОГИЯ И ФАУНИСТИКА

Симпозиумы:

1. Биоценология и экология насекомых
2. Фаунистика и охрана насекомых
3. Антропогенные воздействия на энтомофауну
4. Зоогеография насекомых
5. Фауна урбанизированных территорий
6. Насекомые в биомониторинге и биоиндикации

Секция ФИЗИОЛОГИЯ И БИОХИМИЯ НАСЕКОМЫХ

Симпозиумы:

1. Экологическая физиология насекомых и клещей
2. Иммунология и патологическая физиология насекомых
3. Регуляторные белки и пептиды насекомых
4. Сенсорная физиология насекомых
5. Молекулярная генетика насекомых

Секция МЕДИЦИНСКАЯ И ВЕТЕРИНАРНАЯ ЭНТОМОЛОГИЯ

Симпозиумы:

1. Паразитоценозы и паразитарные системы
2. Природная очаговость инфекций
3. Функциональная морфология, экология и физиология паразитов
4. Механизмы передачи инфекций

Секция СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ ЭНТОМОЛОГИЯ

Симпозиумы:

1. Членистоногие как компоненты агроценозов
2. Экология вредных насекомых
3. Экология энтомофагов и паразитов
4. Биологический прогноз и методы контроля
5. Интегрированные методы защиты растений
6. Биологический метод борьбы с вредителями в защищенном грунте
7. Разведение полезных организмов

8. Устойчивость сортов к вредителям
9. Интродукция полезных организмов

Секция ЛЕСНАЯ ЭНТОМОЛОГИЯ

Симпозиумы:

1. Сообщества лесных фитофагов и их динамика
2. Экология вредителей лесного хозяйства
3. Экология энтомофагов и патогенов
4. Биологические и интегрированные методы борьбы с вредными насекомыми

Секция ИНФОРМАТИКА И ЭНТОМОЛОГИЯ

Секция МЕНЕДЖМЕНТ И ПЛАНИРОВАНИЕ В ЭНТОМОЛОГИИ

Стеновые доклады по всем темам.

000

Материалы в «Информационный вестник»
630090, Новосибирск-90, просп.
Институт цитологии и генетики, ВОГиС
Тел.: (383-2) 33-33-33
Факс: (383-2) 33-33-33
e-mails: vogis@cgi.nsk.su, kov

При перепечатке материалов ссыл

Гл. редактор

В.К.Шумный, академик
(Новосибирск)
Тел.: (3832) 333526
Факс: (3832) 331278
E-mail: shumny@bionet.nsc.ru

Зам. главного редактора

И.К.Захаров
(Новосибирск)
Тел.: (3832) 332906
Факс: (3832) 331278
E-mail: zakharov@bionet.nsc.ru

Редколлегия:

С.Г.Инге-Вечтомов,
член-корр. РАН (С.-Петербург)
Тел.: (812) 2133016
Факс: (812) 2133025
E-mail: inge@bfc.bio.pu.ru

Ю.П.Алтухов,
академик РАН
(Москва)
Тел.: (095) 1356213
E-mail: yuall@vigg.ru

Н.А.Колчанов,
(Новосибирск)
Тел.: (3832) 333468
Факс: (3832) 331278
E-mail: kol@bionet.nsc.ru

С.В.Шестаков,
член-корр. РАН
(Москва)
Тел.: (095) 9393512

В.Н.Стегний,
(Томск)
Тел.: (3822) 234261
Факс: (3822) 415616

Л.А.Джапаридзе,
(С.-Петербург)
Тел.: (812) 2182411
Факс: (812) 2133025
E-mail: flora@ecol.spb.ru

В.С.Коваль,
секретарь редакции
(Новосибирск)
Тел.: (3832) 333462
Факс: (3832) 331278
E-mail: kovalvs@bionet.nsc.ru

Е.А.Боровских,
выпускающий редактор
(Новосибирск)
Тел.: (3832) 333911
Факс: (3832) 331278
E-mail: borovskiy@bionet.nsc.ru

Содержание!