

Расшифровку — на поток



МОРОЗОВ Игорь Владимирович — кандидат биологических наук, руководитель Центра коллективного пользования «Секвенирование ДНК» СО РАН (Новосибирск)

Появление новых технологий секвенирования (определения нуклеотидной последовательности) ДНК — намного более быстрых и дешевых по сравнению с теми, которые использовались для расшифровки первого человеческого генома, — вызвало настоящий бум. В 2008 г. были расшифрованы митохондриальные геномы вымерших пещерных медведей и неандертальца, а также около 70 % генома мамонта. Расшифровка первых полных геномов выходцев из Азии и Африки пролила новый свет на миграции древних людей, а генома онкологического больного — позволила выявить кандидатов на роль генов, лежащих в основе предрасположенности к раковым заболеваниям. Стоимость подобных исследований снижается; по крайней мере, одна из компаний планирует довести цену за расшифровку генома человека до 5 тыс. долларов.

Прежде чем комментировать это утверждение *Science*, следует отметить, что оно во многом носит «пропагандистский» характер. Так, упомянутое определение 70 % генома мамонта подразумевает, если использовать бытовые аналогии, примерно следующее. Я возьму сторублевую купюру, изотру ее в очень мелкий порошок, на очень точных весах взвешу 70 % от получившейся бумажной массы и вручу ее вам со словами: «Вот 70 %, т. е. 70 рублей».

До цены 5 тыс. долларов за расшифровку человеческого генома сегодня тоже еще весьма далеко. Реальная стоимость нескольких расшифрованных на сегодня геномов человека составляет от сотен тысяч до нескольких миллионов долларов, причем речь идет только о стоимости реактивов без учета затрат труда высококвалифицированных специалистов, которого требуется очень много даже при использовании самых современных из доступных на сегодняшний день технологий.

В то же время не приходится сомневаться в том, что в области автоматизации и удешевления секвенирования ДНК в последнее время достигнуты впечатляющие успехи и еще более значительные достижения ожидают нас в самом ближайшем будущем. Расшифровка генома человека перестала быть единичным научным достижением, а геномы более простых организмов расшифровываются тысячами. Развитые государства вкладывают очень большие средства как в массовое внедрение уже существующих методов секвенирования ДНК, так и в разработку принципиально новых.

Россия в этой области существенно отстает от США и стран Европы. Разработка приборов для автоматизации секвенирования ДНК в мире пришла на перестроечный период в России, поэтому в создании приборной базы массового секвенирования нашей стране принять участие практически не удалось. Единственная отечественная разработка в этой области (капиллярный анализатор ДНК «Нанофор-03») существовала в единичных экземплярах и распространения не получила. Не выделялись и средства для закупки импортных приборов и создания центров их использования.

В последнее время обновление парка приборов финансируется как в системе Российской академии наук, так и ведомствами, использующими

секвенирование ДНК при решении прикладных задач: идентификации личности, определении генетически модифицированных компонентов и т. п. В РАН сегодня имеется несколько центров, в которых активно эксплуатируется достаточно широкий спектр приборов для расшифровки и анализа последовательностей ДНК. Активно работающих центров сегодня фактически три: ЦКП «Геном» Института молекулярной биологии РАН, Центр биоинженерии РАН и ЦКП «Секвенирование ДНК» СО РАН. Еще один подобный центр на базе РНЦ «Курчатовский институт» находится в стадии организации. По сравнению с сотнями подобных центров в США или Европе это совсем немного.

Достижения российской науки в области расшифровки геномов тоже пока выглядят скромно даже на фоне таких небольших стран, как Дания или Швеция, не говоря уже о Китае. Так, в Поднебесной расшифровано несколько человеческих геномов, геном риса, а счет известных геномов простейших идет на сотни и тысячи.

Самый же большой официально зарегистрированный в международной базе *GeneBank* «русский» геном принадлежит микоплазме *Acholeplasma laidlawii*. Его размер — около 1,5 млн нуклеотидных пар (для сравнения: геном человека в 2 тысячи раз больше). Этот геном был расшифрован в декабре 2007 г. коллективом исследователей из ИБХ РАН под руководством В. М. Говоруна.

В последние годы в системе РАН прилагаются немалые усилия для преодоления отставания в этой области, активно выделяются средства для закупки современных приборов, пусть и зарубежного производства.

К сожалению, само по себе наличие средств не гарантирует успеха. «Академические» управленческие стереотипы, предполагающие, в частности, долгосрочное (на 1–2 года вперед) предварительное планирование и регламентирование всех вопросов снабжения, а также абсолютное преобладание в кадровом составе центров научных работников при почти полном отсутствии инженерно-технических, препятствуют развитию геномных технологий в системе РАН даже в большей степени, чем недостаток финансирования.



Такой автоматический генный анализатор производства ABI может делать 16/48 (в зависимости от модификации) анализов последовательностей длиной 700—1000 нуклеотидов за 2,5 часа. Анализатор не является прибором нового поколения: он работает на основе обычного капиллярного электрофореза. Подобные приборы — простые «рабочие лошадки» генетиков — входят в состав оборудования «заводов» по массовому секвенированию. ЦКП «Секвенирование ДНК» СО РАН (Новосибирск)