

К 60-ЛЕТНЕМУ ЮБИЛЕЮ ПРОФЕССОРА В.И. ГЛАЗКО.
ОСНОВНЫЕ НАПРАВЛЕНИЯ РАБОТЫ

Глазко Валерий Иванович — профессор, докт. с-х. наук, академик РАСХН (иностраный член), РАЕН; автор более 700 научных публикаций, 40 монографий, учебников, словарей; специалист в области биотехнологии, генетики и селекции, ДНК-технологий, природоохранной генетики. Предложил ряд новых методов в генетике и селекции животных и растений. Его основные научные исследования посвящены изучению эволюционной и популяционной генетики, экологической генетики, генетических основ формообразования и доместикации, биотехнологии, использования ДНК-технологий в генетике домашних и диких видов, а также козволюции генофондов человека и доместичированных видов. Опубликован цикл работ В.И. Глазко в области использования ДНК-технологий для мониторинга генофондов разных видов в меняющихся средовых условиях.

В работах В.И. Глазко можно выделить 7 следующих основных направлений.

1. Разработка методов сокращения времени селекционного процесса. Это одна из самых важных проблем генетики и селекции. В.И. Глазко в реальной селекционной работе по выведению новой породы овец путем многопородных скрещиваний предложил способ уменьшения количества промежуточных вариантов скрещиваний на основании анализа близости генетических структур, оцениваемых по комплексу молекулярно-генетических маркеров, к желательному многопородному варианту. Он впервые предложил

использовать анализ генетических структур групп животных по комплексам молекулярно-генетических маркеров для оценок генетического сходства в целях контроля и коррекции пороодообразовательного процесса. Эти разработки внедрены в практику при выведении новой кроссбредной породной группы мясо-шерстных овец, приспособленных к условиям Западной Сибири. В результате сокращено время создания породы в два раза. Благодаря использованию этих методов получены, прошли государственные испытания и утверждены не только сибирская мясо-шерстная порода, но и закарпатская украинская мясо-шерстная порода овец. Предложен принципиально новый метод определения и поиска гетерозисных комбинаций при селекционной работе. Метод широко применяется при работе с разными видами с.-х. животных.

Ряд генетических систем и приемов был описан В.И. Глазко впервые в мире и вошел в арсенал мировых генетических исследований. В своем развитии это направление привело к изучению популяционно-генетических основ формообразовательных процессов у с.-х. видов. Отсутствие информации о закономерностях формообразовательных процессов при искусственном отборе обуславливает трудоемкость, длительность и непрогнозируемость селекционной работы. Незаработанными остаются вопросы наличия универсальных и уникальных компонентов вариантов формообразовательных процессов у доместичированных и диких видов.

2. Полученные на овцах данные о непосредственном вовлечении отдельных генетико-биохимических систем в процессы селекционной работы, проводимой по комплексам морфо-физиологических характеристик, были расширены и продолжены путем сравнения генетических структур domesticiрованных видов и их внутривидового разнообразия (крупный рогатый скот, лошади, свиньи) с близкородственными дикими видами. Установлено, что при близких значениях уровней генетической изменчивости группы видов отличаются по полиморфизму разных функциональных групп белков и ферментов. У domesticiрованных видов выше полиморфизм транспортных белков и ферментов метаболизма экзогенных субстратов (связывающих внешнюю и внутреннюю среду), у диких — ферментов внутриклеточного энергетического метаболизма. В дальнейшем эти наблюдения нашли свое подтверждение и в исследованиях культурных и близкородственных диких видов растений — в частности, сои. В результате была сформулирована гипотеза о наличии «субгенома», изменчивость которого лежит в основе фенотипической пластичности domesticiрованных и культурных видов и обусловлена процессами адаптации к потокам экзогенных субстратов.

3. В области экологической генетики В.И. Глазко на разных моделях действия биотических и абиотических факторов экологического стресса у с.-х. видов показал наличие универсальных популяционно-генетических изменений, связанных со сдвигом генетических структур в поколениях, испытывающих влияние таких факторов, в сторону внутривидовых более древних, менее специализированных форм. Обнаружено, что успешная селекция (отбор) на высокую продуктивность животных возможна только в благоприятных для данной группы экологических условиях.

Разные факторы экологического стресса (биотические и абиотические) приводят к сходной внутривидовой дифференциации. Это открывает возможность в дальнейшем путем генетического анализа для представителей различных видов млекопитающих (в том числе и для человека) по генетическому паспорту давать индивидуальные рекомендации для выживания и воспроизводства в зонах экологического стресса либо повышенной опасности нахождения в генотоксических условиях.

В.И. Глазко были получены новые данные о популяционно-генетических последствиях экологических катастроф на примере последствий Чернобыльской аварии. Установлено, что повышение ионизирующего излучения не индуцирует новые генетические повреждения, а усиливает потенциально имеющиеся, специфичные для отдельных генотипов (разные линии мышей) и для отдельных видов (разные виды мышевидных грызунов). Обнаружено, что в поколениях крупного рогатого скота наблюдается нарушение равновероятной передачи аллельных вариантов по различным типам молекулярно-генетических маркеров, как по структурным генам, так и по фрагментам ДНК, фланкированным различными микросателлитными повторами. Выявлен сдвиг генофонда экспериментального стада, исходно принадлежащего специализированной молочной породе, в сторону древней и примитивной предковой породы — серой украинской. Впервые экспериментально показано, что хроническое действие низкодозового ионизирующего излучения не приводит к накоплению мутаций у ряда видов в зоне отчуждения ЧАЭС, однако сопровождается отбором против радиочувствительных особей и воспроизводством в поколениях только части исходного генофонда. Разработаны биотесты (на основе оценки мутагенеза в соматических клет-

ках и изменениях популяционно-генетических характеристик в поколениях) экотоксичности условий разведения для с.-х. видов.

С использованием методов эколого-генетического мониторинга анализа распространения аллельных вариантов у древних и современных, равнинных и горных пород крупного рогатого скота и овец — впервые выявлены видо- и породоспецифические особенности дифференциации их генофондов по разным типам молекулярно-генетических маркеров. Впервые показано, что оценки полиморфизма структурных генов, в отличие от суммарных спектров ISSR-PCR, в большей степени характеризуются видо- и породоспецифичностью и отражают особенности пространственно-временной дифференциации пород, процессы популяционно-генетической адаптации к эколого-географическим условиям их разведения. Обнаружено, что во временную и эколого-географическую дифференциацию овец и крупного рогатого скота в основном вовлекаются транспортные белки и ферменты метаболизма экзогенных субстратов. В то же время наблюдаются выраженные локус-специфические отличия в полиморфизме различных генетико-биохимических систем у этих видов. Обосновано использование при оценке генетической дифференциации внутрипородных групп животных анализа полиморфизма анонимных последовательностей ДНК, поскольку рассчитанные по ним значения генетических дистанций (Nei, 1972) почти в 10 раз больше, чем величины дистанций, рассчитываемые на основании оценок полиморфизма структурных генов у тех же животных.

4. В.И. Глазко внес существенный вклад в развитие ДНК-технологий у с.-х. видов. В.И. Глазко одним из первых на территории СНГ разработал новый метод диагностики инфицирования крупного рогатого скота вирусом бычьего лейкоза (на основании

выявления в геноме присутствия провируса по двум структурным генам). На основании работ В.И. Глазко внедрены и широко использованы у пород крупного рогатого скота методы выявления полиморфизма генов белков молока (каппа-казеин, бета-лактоглобулин), генов эндокринной системы, кодирующих соматотропный гормон, лептин, фактор регуляции транскрипции соматотропного гормона, а также миостатина. Создан банк данных о распределении хозяйственно ценных аллельных вариантов по изученным генам у ряда исследованных пород крупного рогатого скота Украины, России, Польши, Англии.

Анализ скоростей эволюции по секвенированным последовательностям гена каппа-казеина у представителей подсемейства бычьих показал, что у domesticiрованных видов наблюдается резкое увеличение полиморфизма по этому селекционно значимому гену по сравнению с дикими близкородственными видами.

Впервые в странах СНГ поставлен и внедрен метод выявления у крупного рогатого скота носителей мутации иммунодепрессии BLAK и исследованы закономерности ее распространения. Впервые обнаружено, что распространение этой рецессивной мутации ассоциировано с отбором на повышенную гетерозиготность при воспроизводстве импортного скота в новых условиях среды.

5. Известны исследования В.И. Глазко в области разработки генетически обоснованных методов сохранения биоразнообразия с.-х. и близкородственных диких видов. На большом количестве видов выполнен сравнительный анализ эффективности использования различных типов молекулярно-генетических маркеров для популяционно-генетического мониторинга и выявления специфических особенностей молекулярно-генетических структур у разных групп организмов (электрофоретические варианты белков и фермен-

тов, полиморфизм структурных генов по сайтам рестрикции, полиморфизм фрагментов ДНК, фланкированных декануклеотидами, микросателлитными локусами, концевыми участками ретротранспозонов). Предложена концепция «генетического портрета» пород и внутривидовых групп, уникальных исчезающих видов, создание которого необходимо для оценки динамики генетических структур во времени и прогноза их выживаемости.

Впервые показано, что интеграция в геном трансгенной конструкции (трансгенные кролики предоставлены Институтом животноводства Польской академии наук) приводит к существенным изменениям экспрессии ряда генов, обеспечивающих внутриклеточные фундаментальные биохимические процессы.

Предложенный анализ оценок межпородной дифференциации при оценках полиморфизма маркеров ISSR-PCR и структурных генов ценен для подбора молекулярно-генетических маркеров при решении популяционно-генетических задач экологического мониторинга и в селекционной работе с исследованными породами (выявление породоспецифичных сочетаний молекулярно-генетических маркеров в качестве дополнительных породных характеристик; оценка генеалогических связей между породами и внутривидовыми группами; сравнительный анализ генетической консолидированности пород и внутривидовых групп).

6. Возможность получения полилокусных спектров «анонимной» ДНК позволила В.И. Глазко провести сравнения геномного полиморфизма внутри и между видами. Получены данные о присутствии в геномах исследованных видов участков ДНК, фланкированных инвертированными повторами микросателлитных локусов, высококонсервативных по своей длине не только в пределах видов одного подсемейства, но и между различными подсемействами *Bovini ae*.

Выполнен также сравнительный анализ полиморфизма фрагментов ДНК, фланкированных терминальными участками ретротранспозонов подобных элементов у ряда сортов риса и пшеницы. Выявлены отличия по распределению и полиморфизму таких участков, свидетельствующие об особенностях их взаимного позиционирования.

7. Одно из направлений, развиваемых В.И. Глазко в последнее время как директора центра нанобиотехнологии, это использование нанобиотехнологии в исследованиях молекулярных основ хромосомного и клеточного фенотипов. Выполнены исследования возможностей использования коротких нуклеотидных последовательностей ДНК (10-70 нм) для изучения структурно-функциональных особенностей геномной организации у ряда видов млекопитающих и растений.

Накопленные В.И. Глазко данные свидетельствуют о наличии неслучайности в распределении фрагментов ДНК, фланкированных инвертированным повтором участка микросателлитного локуса в зависимости от его нуклеотидной последовательности и принадлежности к пурин/пиримидиновым трекам. Обращает на себя внимание высокая точность воспроизводства спектров ампликонов, полученных таким образом: наблюдаются выраженные отличия между спектрами в случае использования в качестве праймера одного и того же коровую микросателлитного мотива, но с разными «якорными» нуклеотидами, а также в случае мотива, сдвинутого на один нуклеотид или комплементарного ему. В ряде случаев обнаружено, что нуклеотидная длина фрагментов ДНК, фланкированных инвертированными повторами микросателлитных локусов, отличается высоким консерватизмом и сохраняется между видами, принадлежащими к разным семействам. Из этого следует, что несмотря на высокий уровень полиморфизма микроса-

теллитных локусов, имеется определенное постоянство позиционирования их инвертированных повторов, которое сохраняется в геномах таксономически удаленных видов.

В последние годы накоплено много данных, свидетельствующих в пользу представлений о тесной связи между молекулярной структурой материала наследственности и морфологией хромосом, то, что Лима де Фария называл «хромосомным фенотипом». В представлении о взаимной детерминированности микро- и наноуровней организации генетического материала хорошо укладываются данные об участии механизмов ретровирусной экспансии в возникновении самой линейной хромосомы эукариот, ее теломерных и центромерных структур.

Полученные В.И. Глазко данные наглядно демонстрируют возможности использования коротких фрагментов ДНК (10-70 нм), для глубоких исследований закономерностей формирования хромосомного и клеточного фенотипов. Такие исследования позволяют выявлять молекулярные основы формирования фенотипов, связи между нано- и микрометровыми уровнями структурно-функциональной организации генетического материала и соответственно, разрабатывать экспериментальные подходы к его контролю и управлению клеточными, органами фенотипами.

В.И. Глазко был и является членом редколлегии журналов «Цитология и генетика», «Физиология и биохимия растений», журнала Польской академии наук «Animal Science Papers and Reports», «Агроэкологический журнал», «Экологический вестник», «Известия ТСХА» (зам. главного редактора). По 2006 г он был председателем специализированного Ученого совета по защите докторских и кандидатских диссертаций при Институте агроэкологии и биотехнологии УААН Украины по специальностям «Генетика», «Биотехнология», «Экология»; членом специализированного Ученого совета при Институте клеточной биологии и геномной инженерии НАН Украины. В.И. Глазко проводил педагогическую работу в Новосибирском государственном университете, читал курс лекций по экологической генетике, биотехнологии, геномной инженерии, генетическим основам селекции животных в Киевском государственном университете им. Т.Г. Шевченко, в Харьковском зооветеринарном институте, Национальном аграрном университете, в Киево-Могилянской Академии. В.И. Глазко подготовил 12 кандидатов наук, 3 доктора наук. Лауреат премии Украинской аграрной академии наук «За выдающиеся достижения в аграрной науке» (1995 г.), лауреат премии Национальной академии наук Украины им. В.Я. Юрьева (1998 г.).

Редколлегия