



Генетика та її «діти» — протеоміка і біоінформатика — стали магістральним напрямом розвитку науки про життя у XXI столітті.

НОВА СТОРІНКА В РОЗВИТКУ БІОЛОГІЇ

Прискоренню формування цих наук значною мірою сприяла реалізація програми «Геном людини». Ця програма об'єднала зусилля різних наукових колективів світу (біологів, математиків, фізиків, інженерів), створила умови для розв'язання багатьох проблем сучасної біології не тільки на молекулярному, а й на всіх рівнях існування живої речовини. Ініціаторами виконання цієї програми стали видатні вчені і зокрема лауреат Нобелівської премії Д. Вотсон, «хрещений батько» відкриття подвійної спіралі ДНК.

Вперше на міжнародний проект, спрямований на розвиток науки про життя, а не на створення нових засобів знищення людини, були виділені значні кошти. Відсутність мілітаристичного компонента у цій програмі робила її відкритою. В

дослідженнях, починаючи з 1988 року, брали участь вчені таких різних і на той час недружніх країн, як США, Росія, Китай. Результати розшифровки окремих ланок геному людини і модельних організмів, включених до програми, а саме — нематоди, — дрозофіли, рослини-арабідопсису, бактерії *Escherichia coli*, *Bacillus subtilis* та інші відкрито друкувались і були доступні науковому співтовариству. На жаль, з приходом у геноміку міжнародних корпорацій, фірм, комерціалізації, відкритості майже настав кінець. Наразі отримані результати дуже часто патентуються, а доступ в Інтернеті до провідних міжнародних журналів не дешевий, ціна за копію однієї статті становить понад 30 євро.

Початку реалізації програми «Геном людини» передували досягнення молекулярної біології, які створили наукове і методичне підґрунтя для можливого розв'язання проблеми

визначення повної нуклеотидної послідовності геному людини, яка складається з понад 3 млрд. пар нуклеотидів. Безумовно, принципова можливість вирішення такої грандіозної задачі була закладена ще в 1953 році відкриттям Д.Вотсоном і Ф.Кріком головної молекули життя на Землі, подвійної спіралі ДНК. Потім С.Бреннер і Ф.Жакоб з'ясували роль РНК в процесі переводу «словника» ДНК в послідовність амінокислот в молекулі білка. В 1970 р. В.Арбер, Г.Сміт і Д.Нутанс відкрили ферменти рестриктази, які розрізають ланцюг ДНК у строго визначених ділянках, за що у 1978 році отримали Нобелівську премію. В 1973 році народжується генетична інженерія (С.Коен, Е.Чанг і Г.Бойер). Були розроблені методи сіквенування, тобто визначення послідовності нуклеотидів в молекулі ДНК (Ф.Сенгер, А.Максам, В.Гільберт), і штучного синтезу коротких ланцюжків ДНК (С.Корана), а також пептидів. Значним проривом у розвитку молекулярної біології і генетики став винахід в середині 80-х років К.Мюлісом полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР), що дала можливість швидко розмножувати будь-які фрагменти ДНК. До речі, винахід ПЛР — це характерний приклад «неисповедимости путей господних» в науці. Ідея методу виникла у автора випадково, коли він їхав у машині і думав про розробку нової технології для зовсім інших завдань. В 1982 році за ініціативою далекоглядних вчених були засновані перші банки даних послідовностей ДНК і РНК — Gen Bank (США) і EMBL (Європа). Всі ці та інші відкриття і особливо реалізація

у 1990–2003 рр. програми «Геном людини» дали можливість сформуванню наприкінці ХХ і особливо на початку ХХІ століть нової гілки біологічної науки — геноміки.

Нині, як уже згадувалось, геноміка стала головним рушієм розвитку науки про життя. Вона поділяється на наступні розділи, які об'єднуються єдиною ідеологією, створеною сучасною генетикою, а також методами, підходами, технологіями тощо:

- структурна геноміка — досліджує зміст і організацію генетичної інформації;

- функціональна геноміка — реалізація інформації, записаної в геномі, від гена до ознаки;

- порівняльна геноміка — порівняльні дослідження змісту і організації геномів різних організмів.

Геноміка створила умови для виникнення і розвитку таких наук як протеоміка і біоінформатика, які по суті є розділами материнської науки, а також сучасної біотехнології, тобто технологій, заснованих на отриманні продуктів з допомогою методів клітинної і молекулярної біології та генетичної інженерії. Слід зазначити, що сучасна геноміка порівняно молода наука і відносно її структури і взаємозв'язків з іншими науками тривають дискусії. Але схематично можна так відобразити структуру сучасної геноміки (рис.1).

Наймолодші гілки геноміки — протеоміка та біоінформатика. Перша досліджує білки, як реально працюючі молекулярні машини в клітині. Як виявилось, це завдання найскладніше, оскільки для забезпечен-



Рис.1. Структура сучасної геноміки

ня життєдіяльності організму білки весь час модифікуються, відбуваються процеси фосфорелювання, глікозилування, взаємодія між різними білками. Інвертизувати білок — це не тільки з'ясувати послідовність амінокислот в його молекулі, а й виявити просторову структуру, її активні центри, які забезпечують потрібну функцію білка тощо. Тому наразі досліджена структура білка тільки трохи більше двох тисяч білків, проте поява в останні роки нових методів дослідження не тільки їх структури, а й активності на різних етапах онтогенезу в різних органах може забезпечити значне прискорення цієї роботи.

Біоінформатика — це дуже активна галузь геноміки, яка з допомогою комп'ютерного аналізу і спеціальних програм існуючої інфор-

мації про послідовність нуклеотидів в ДНК і РНК і амінокислот в білках розробляє алгоритми, що дають можливість визначити просторову структуру біополімерів, будувати моделі метаболізму і регулятивних взаємодій генів і білків. Вона працює на стику біології і математики, використовуючи з одного боку методи математичної логіки і теорії алгоритмів, інформаційних і стохастичних принципів, теорії динамічної науки. На її результатах значною мірою базується створення нових біологічно активних речовин, зокрема ліків, пестицидів. Одним з прикладів ефективності біоінформатики були роботи австрійського вченого Айзенберга, який не здійснював жодного експерименту, а на основі відомих даних про послідовність амінокислотного складу пе-



Рис.2. Просторова модель білка динеїну, визначена за допомогою біоінформатики (Я.Блюм). Ліворуч — еліпсом показана посаджена молекула тубуліну і розподіл заряду на молекулі. Праворуч — вторинна просторова структура самого динеїну

редбачив функцію відразу 2,5 тис. білків. Його прогноз був підтверджений іншими вченими. Дослідження з біоінформатики проводяться і в Україні. Так визначена просторова структура декількох важливих білків (рис.2).

Сучасна геноміка є певною мірою етап в розвитку загальної генетики. Вона дає можливість внести якісні зміни в науку про життя. Людство стало краще розуміти закони еволюції живої речовини. Стало очевидним, що всі живі істоти, включно з вірусами (хоча вони самі існувати не можуть), мають значною мірою спільні фундаментальні процеси на молекулярному рівні. Принципова різниця між амебою і людиною не дуже велика. Головна відмінність — здатність зародкових клітин людини

формувати складні асоціації клітин, які мають виконувати в організмі різні функції, і можливість надавати йому закодованої в геномі просторової структури. Аналізуючи процеси, що відбувалися і відбуваються на молекулярному рівні в процесі еволюції, іноді маємо враження, що жива речовина розвивається за кимось закодованою в первинних клітинах (молекулах ДНК) програмою, і еволюція є просто реалізація цієї програми. Але хто створив і запустив цю програму?!!

Чому вважається, що геноміка буде провідною наукою про життя в XXI столітті? Тому що крім значного внеску в теорію, вона вже має істотне прикладне значення. Зупинюсь тільки на декотрих моментах.

Найбільше уваги і коштів нині спрямовується на розвиток геноміки, пов'язаної з життям і здоров'ям людини. Її дослідження стали основою створення сучасних ліків, з'ясування причин спадкових хвороб і створення принципово нових методів їх лікування (молекулярно-генетична терапія), відкриваються можливості лікування і профілактики злоякісних пухлин, хвороби Альцгеймера, атеросклерозу, СНІДу, гепатитів та інших хвороб. На вирішення цих проблем виділяються величезні кошти, перш за все в США, які стали безумовним лідером в розвитку сучасної геноміки, біології і медицини. Про це свідчить число лауреатів Нобелівської премії, які працювали і працюють в галузі геноміки в США. Так, у 2006 році Нобелівськими лауреатами стали американські вчені Е.Файр і К.Меллоу, які відкрили явище ДНК-інтерференції (РНКі), що вважається революцією в геноміці. Було доведено можливість за допомогою дволанцюгової РНК блокувати синтез певних білків, що допоможе в перспективі приборкати вірусні хвороби, в тому числі і СНІД, блокувати в організмі гени, що кодують у хворих синтез дефектного білка, в тому числі і ракових клітин. Це значно пришвидшило дослідження функцій всіх генів в геномі. Цікаво, що вперше в еволюції живої речовини РНК-інтерференція виникла у рослин для захисту від вірусів. В цьому ж році «Нобеля» отримав ще один учений США — Р.Корнберг, який побудував цілісну динамічну картину копіювання генетичної інформації у еваріот за участю білків — медіа-

торів. Просторова структура внутрішньоклітинного копіювального механізму була побудована за допомогою сучасних методів геноміки і зокрема біоінформатики.

Лідерство США в розвитку геноміки викликає занепокоєння в Європі. В 2000 р. у Франції відбулася Європейська конференція з красномовною назвою «Перспективи геноміки в постгеномну еру». Зважаючи на це, Європейський Союз почав активно підтримувати дослідження з геноміки.

Особливе значення геноміка має у створенні нової якісної медицини і дослідженні загальнобіологічних проблем. Досягнення геноміки в цих галузях потребує окремої розмови.

Але геноміка відкриває нові можливості не тільки в лікуванні людей і тварин, а й у створенні нового покоління культурних рослин. Останнє набуває особливого значення не тільки для вирішення проблем сьогодення, а й у зв'язку з глобальними змінами клімату. Актуальність удосконалення культурних рослин в Україні пов'язана з необхідністю створення сортів, які будуть здатні формувати високі сталі врожаї потрібної якості, стійкі до несприятливих погодних умов, ураження шкідниками і хворобами, при обмежених енергетичних ресурсах. В перспективі нове покоління рослин, створених з допомогою геноміки, має забезпечити адаптацію агросфери до глобального потепління і нестабільності клімату. В нових кризових умовах існування людства рослини залишатимуться головним джерелом продовольства і сировини для промисловості, а також джерелом

поновлюваної енергії і засобом пом'якшення негативних наслідків змін клімату, зокрема опустелювання і пилових бур, перезволоження тощо.

Дослідження геному рослин за своїми темпами і коштами значно відстає від дослідження геному людини. Основна причина в тому, що захворювання і бідні хворіють одними й тими ж хворобами, а дефіцит продовольства відчувають тільки бідні. Крім того, виявилось, що геноми рослин за розмірами у окремих видів в кілька разів перевершують геном людини (табл.1). Правда, на наше щастя, геноми основних культурних рослин, особливо рису, мають не такі великі розміри. В якості модельного об'єкта був обраний арабідопсис, невелика дводольна рослина з дуже коротким вегетаційним періодом і розміром геному 125 млн.п.н., а також рис, геном якого має 420–470 млн.п.н.

Таблиця 1. Розміри геномів різних організмів

Í ðááí çŕí è	Ðí çŕí ðò äáí î ò í óééáí òèäª
Êèø êŕ àà í àèè÷èà	4,5
Ï àèàðñúèª äðªäªæª	13,55
Êðóäæèé ÷àðá'ÿé	97
Ì í äááèúí à ðŕí ñèéí à — àðááªáí î ñèñ	125
Äðŕ çŕ ò çèà	180
Ëúŕ í	350-680
Ðèñ	420–470
Áááí áí à	2100–3100
Êóóððóäçà	2500
Ì èø à	3000
Ëŕ àèí à	3200
Æèòŕ	6000–7000
Ï ø áí èöÿ óááðäà	12000–13000
Ï ø áí èöÿ ì 'ÿèà	16000–18000
Ëçèáéíª (Lilium L)	50000–125000

Інтенсивна робота по аналізу геномів рису і арабідопсису почалася міжнародним консорціумом у складі США, Японії, Бельгії, Великобританії і Німеччини. Внаслідок такої колективної праці геноми цих рослин були майже повністю розшифровані. З'ясувалось, що геном арабідопсису включає близько 15 тис. генів, які кодуєть білки. Геном рису в Японії почали досліджувати з 1991 р., а вже в 2002 році двома дослідними групами (Китай, Швейцарія і США) були опубліковані дані з його розшифровки. Було встановлено, що він включає близько 30-50 тис. генів. Нині активно ведеться робота з дослідження геному інших рослин. Перші кроки з розшифровки геному рослин дозволили по новому з'ясувати генетичні механізми різних метаболічних процесів, виявити гени, які обумовлюють стійкість до абіотичних і біотичних стресів тощо. На жаль, в цій важливій для майбутнього людства роботі Україна майже не бере участі.

Значну роль в дослідженні функціональної геноміки рослин відіграють нові методи виявлення працюючих генів з допомогою мікрочипів, (які дають можливість одночасно виявити активність десятків тисяч генів), а також останні досягнення селективної спектроскопії. Взагалі в процесі досліджень геномів людини, тварин, рослин, грибів, вірусів з наростаючою швидкістю створюються нові методи і прилади. Останнє досягнення — це роботи-автомати, які можуть без участі людини здійснювати аналіз різних молекул і видавати розшифровки в готовому вигляді. Те, що робиться в геноміці, іноді схоже

на фантастику. Створені цілі міні-заводи з аналізу ДНК, білків та інших органічних сполук, де по цеху переміщаються роботи, забезпечуючи виконання на приладах різних етапів аналізу макромолекул. І знову з гіркотою слід відзначити, що Україна поки що фактично не бере участі в цьому святі геноміки.

Де ми маємо порівняно пристойні результати в геноміці рослин — це використання молекулярно-генетичних маркерів на рівні білків і фрагментів ДНК. Поняття «генетичний маркер кількісних ознак» вперше на початку ХХ ст. ввів О.С. Серебровський. Як відомо, ці ознаки (а це, як правило, важливі агрономічні властивості: продуктивність, морозо- і посухостійкість, якість зерна, стійкість до абіотичних стресів) контролюються не окремими генами, а їх асоціаціями. В дослідженнях кінця минулого століття з використанням маркерів і молекулярно-генетичного аналізу було доведено існування головних локусів мінливості кількісних ознак, або QTL. Саме ці локуси є найбільш цікавими для селекціонерів, тому що дають можливість розпочати новий етап в селекції, так звану MAS (*Marker Assistent Selection*), тобто селекцію з допомогою маркерів. При наявності достатньої інформації про зв'язок маркерів QTL з агрономічними ознаками селекційний процес може перетворитися певною мірою в технологію, хоч, безумовно, роль таланту і інтуїції селекціонера залишатимуться вирішальними. Визначення QTL з допомогою генетичного аналізу і маркерів швидко зростає. Якщо за даними Міжнародного цен-

тру інформації (CABI), у Великобританії з 1987 по 2001 рр. було опубліковано 862 роботи з QTL, то нині щорічно це число сягає понад 150–250 джерел.

В Україні особливого розвитку в останні роки минулого століття набули дослідження із застосування в якості генетичних маркерів запасних білків злаків, точніше визначення за допомогою електрофорезу алельного стану кластерів генів, що кодують ці білки. Внаслідок генетичного аналізу сотень гібридних популяцій, отриманих шляхом гібридизації сортів світової колекції пшениці, ячменю, вівса були створені каталоги алелів, які зустрічаються в світовому різноманітті цих культурних рослин (О.Созінов, Ф.Попереля і ін. (Україна), Е.Метаковський, В.Портянко (Москва), П.Пейн (Велика Британія)). З допомогою таких каталогів були з'ясовані закономірності формування в процесі цілеспрямованого штучного і природного добору так званих коадаптивних асоціацій генів, які забезпечують пристосування генотипів до певних ґрунтово-кліматичних умов району, де ведеться селекція. В спеціальних дослідженнях, здійснених школою акад. НАНУ О.Созінова в Одесі, Миронівці, Москві, на Північному Кавказі було показано, що в штучно створених гібридних популяціях внаслідок природного добору формуються генотипи з варіантом кластерів генів запасних білків, характерних для даного регіону. Це свідчить про те, що процес адаптації популяцій культурних злаків відбувається досить швидко і маркерами цього процесу можуть бути запасні білки.

Генетичні маркери допомогли підтвердити, що на території України внаслідок штучного добору, здійснюваного нашими пращурами протягом багатьох поколінь в місцевих популяціях озимої і ярої пшениці, які потрапили до нас ще в період Київської Русі, були створені унікальні стійкі коадаптивні асоціації генів, носіями яких стали сорти-популяції — *Кримки, Гірки, Черноуски, Арнаутки, Полтавки, Білотурки, Банатки* та інші. Цей унікальний генофонд став генетичною основою фактично всіх сортів пшениць, створених селекціонерами України і Росії в ХХ столітті. В ХІХ столітті переселенці з України завезли їх насіння під різними назвами *Терки (Кримки), Одеса, Харків* тощо до США і Канади і забезпечили створення майже всіх сортів пшениці Північної Америки. В 1974 р. в степових районах США широко відзначалось століття з року інтродукції *Кримок* з України. *Кримки* входять до родоводу основного генетичного джерела «зеленої революції» японського сорту Норін 10. Крім того, яра пшениця, яка була виділена у 1842 р. канадським фермером Девідом Файфом серед пшениць, завезених з Західної України, і отримала назву *Ред Файф*, довгий час була дуже популярна в Канаді, а комплекс генів від неї присутній в сучасних сортах. Цей шлях коадаптивних асоціацій генів українського походження був нами підтверджений з допомогою генетичних маркерів.

Маркери на рівні білків, гліадинів і глютелінів нині широко застосовують селекціонери в усьому світі. Вони є одним з ефективних інстру-

ментів генетичного контролю якості зерна і насіння, дослідження світового генофонду рослин. Так, наприклад, в Інституті загальної генетики РАН колишній аспірант з Одеси О.Поморцев налагодив сертифікацію насіння ячменю за допомогою генетичних маркерів, кластерів запасних білків гордеїнів. Це стало ефективним засобом контролю насіння ячменю, яке використовується фірмами в Росії для пивоваріння, а також для посіву в господарствах. З цією метою в Інституті загальної генетики ім.М.І.Вавилова РАН створено спеціальний госпрозрахунковий центр. В Україні за допомогою маркерів-гліадинів були ідентифіковані сорти пшениці з транслокацією (переміщенням) плеча житньої хромосоми 1R на хромосому пшеничної хромосоми. Ця транслокація обумовлює стійкість генотипу до хвороб. Сорти з нею набули широкого розповсюдження в Західній Європі, а нині — і в Україні, особливо сорти Миронівського інституту пшениці ім. В.М. Ремесла. Було доведено, що блоки генів, присутні в цій транслокації, забезпечують адаптацію в регіонах з достатньою вологістю і мають негативний вплив в степових районах. В світі надзвичайно активно в селекції пшениці на якість зерна використовують маркери запасних білків — HMW і LMW глютелінів.

В останні роки в якості маркерів в селекції, генетиці, в дослідженні еволюції живих організмів широко застосовують новий клас генетичних маркерів — на рівні поліморфізму (різноманітності) окремих ділянок ДНК. Фрагменти ДНК визначають за допомогою рестриктаз, тобто фер-

ментів, які розрізають ланцюг ДНК в строго визначених місцях. Виявилось, що ці фрагменти нерідко різняться між собою у різних генотипів. На цій основі був розроблений метод ПДРФ, або використання поліморфізму довжин фрагментів ДНК. Ці маркери розсіяні по всіх хромосомах геному і стали інструментом для локалізації генів різних ознак і одночасно визначення різниці між певними ділянками хромосом одного виду. З цією різницею нерідко зв'язані і відмінності за цінними або негативними ознаками. Нині застосовуються різні модифікації цього методу: RAPD, AFLP, ISSR, SCQR, CAPS, TRAP та інші. Для їх визначення застосовується полімеразно-ланцюгова реакція, про відкриття якої уже згадувалось. Але найбільшого поширення як генетичні маркери набули так звані мікросателіти, або SSR. Ця форма сателітної ДНК, що представлена тандемними (тобто голова до хвоста) повторами, які включають всього 1–9 нуклеотидів. Мікросателіти розсіяні по всьому геному у всіх евкаріотичних організмів і дуже важливо, що у різних особин одного виду вони нерідко представлені різними варіантами. Методика визначення поліморфізму мікросателітів відпрацьована так, що можливе навіть виконання цього аналізу роботами. Цей підхід дав можливість доволі швидко просунутись у картуванні генів на хромосомах, у встановленні різниці між особинами як за мікросателітами, так і за генами. Складені карти хромосом людини, тварин і рослин, марковані мікросателітами. Ці маркери допомагають

визначати розміщення генів на хромосомах, виявляти різницю між окремими особинами, зокрема встановити, кому з батьків належить певна ділянка хромосоми тощо. Нині молекулярно-генетичне маркірування стало одним з найефективніших методів генетичного аналізу і вирішення широкого спектру проблем, пов'язаних з еволюцією, охороною здоров'я, діагностикою різних хвороб, розв'язанням кримінальних справ і багатьох інших.

Молекулярні маркери на рівні ДНК нині стали магістральним напрямом у створенні плацдарму для переходу до селекції на основі маркірування QTL і інших ознак. Експеримент в цій сфері відбувається надзвичайно активно. Важко підрахувати кількість таких робіт, опублікованих в провідних журналах *TAG, Crop Science, Генетика, Цитологія і генетика* та ін.. В останньому регулярно публікуються статті очолюваного академіком УААН Ю.М. Сиволапом колективу Інституту біотехнології рослин УААН. В 2005 р. міжнародним колективом вчених Великої Британії, ФРН, Італії, Казахстану, Сербії була створена карта, яка включає на 21 хромосому пшениці 567 молекулярних і біохімічних маркерів урожайності і її елементів, посухо- і морозостійкості, солевитривалості, короткостебельності, яровизації тощо. Вже вдалося ідентифікувати маркери генів і їх кластерів стійкості до різних хвороб пшениці, кукурудзи, ячменю, сої, картоплі та інших культур, маркери якості зерна, вмісту і якості олії, білка, продуктивності, супернодуляції (тобто високої

здатності до біосинтезу азоту) у сої та ін. Доведено можливість використання однакових маркерів (праймерів) для пшениці, егілопсу, жита, ячменю, рису. Розроблені методи ідентифікації сортів і гібридів кукурудзи і пшениці за молекулярними маркерами (акад. Ю.М.Сиволап). Нині на сайті *Grain Genes* на кожному хромосому пшениці нанесено в середину більше 200 маркерів.

Взагалі необхідно відзначити, що сучасна геноміка має в розпорядженні широкий спектр методів, не тільки молекулярно-генетичних, але і цитологічних, і клітинної біології, біотехнології, зокрема використання стовбурових клітин, які дають можливість вирощувати окремі органи людини і тварин для заміни зіпсованих (хворих) в організмі. Роль геноміки в клітинній біології і біотехнології рослин досить детально висвітлена в монографії члена-кореспондента НАНУ В.Кунаха «Біотехнологія лікарських рослин» (Київ, 2006).

Не менш важливим і перспективним розділом геноміки є генетична інженерія, або трансгеноз. Мова йде про цілеспрямований перенос окремих ланок ДНК і цілих генів від одного організму до іншого. Причому було з'ясовано, що можливо, використовуючи спеціальні генні конструкції, переносити працюючий ген від одного організму до іншого, долаючи всі бар'єри, які існують між видами, сімействами, типами живої речовини. Так гени людини переносять в мікроорганізми, так, наприклад, напрацьовується людський інсулін, гени мікроорганізмів, що кодують захисні білки, працюють в рослинах, забезпечуючи

їм стійкість до шкідників, гербіцидів, хвороб. Фактично йдеться про можливість глобального переміщення генетичної інформації в межах живої речовини. Перші трансгенні рослини були отримані в 1983 р. Д.Шеллом (ФРН) та М.Ван Монтегю. Майже в той же час в Україні колектив учених під керівництвом академіка НАН України Ю.Глеби (В.Сидоров, М.Півень, І.Комарницький, Т.Пастернак, М.Кучук, Я.Блюм) також створив трансгенні рослини, але їх роботи, на жаль, не отримали такого міжнародного визнання у зв'язку з особливостями інформаційного режиму в СРСР. Нині роботи з генетичної інженерії рослин успішно розвиваються в Інституті клітинної біології і генетичної інженерії НАНУ (М.Кучук, Я.Блюм). Вже створено велику кількість трансгенних рослин, серед яких великі надії покладаються на *Золотий рис*, який відрізняється від звичайного високим вмістом вітаміну А. Вважається, що через нестачу цього вітаміну в світі, в країнах, де рис є головним продуктом харчування, щороку вмирає близько мільйона людей. Минуло вже сім років з моменту створення цієї корисної трансгенної рослини, проте вона, на жаль, так і не дійшла до фермерів Азії та Африки.

Генетична інженерія і біотехнологія нині починають займати чільне місце в створенні нових лікарських препаратів. Останнім часом активно розвивається новий напрям — отримання лікарських препаратів для людини в рослинах. З цією метою ДНК-конструкції, які включають ген — продуцент необхідного лікарського білка в спеціальну генетичну кон-

струкцію, що містить усі молекулярні механізми для роботи цього гена в тканинах рослин, причому і в окремих органах. Потім напрацьовані рослиною за рахунок енергії фотосинтезу лікарські білки виділяють і очікують до препаративної форми. Такий спосіб має суттєві переваги над використанням як біореакторів дріжджів, бактерії або тварини. Серед інших переваг у цьому разі відсутня небезпека переносу разом з лікарськими білками патогенних для людини вірусів і пріонів. Нині цей напрям застосування геноміки набирає обертів. Наприклад, у США для цих цілей вирощують трансгенну кукурудзу в підземних сховищах, які звільнені військовими, і за допомогою штучного освітлення отримують високі врожаї біомаси. Почалися роботи по створенню «істівних вакцин», наприклад, трансгенних бананів, плоди яких вміщують білки-вакцини або мають підвищений вміст цінних амінокислот. Необхідно відзначити, що роботи по створенню трансгенних рослин-продуцентів лікарських препаратів успішно здійснюються в Інституті клітинної біології і генетичної інженерії НАНУ (Я.Блюм, М.Кучук).

Незважаючи на серйозні ускладнення, пов'язані з вимогами біобезпеки, у світі постійно зростають посівні площі під трансгенними рослинами. У 2005 р. в США генетично модифіковані сорти (ГМО) кукурудзи займали понад 40% посівів цієї культури, сої — 81%, ріпаку — 65%, бавовни — 73%, в Канаді поширені трансгенні соя і ріпак, в Аргентині — соя — 90%, кукурудза — 50%, Бразилія, де вико-

ристання трансгенних рослин дозволено тільки з 2002 р., ГМО сої висівається на 80% площ. В Азії трансгенні рослини вирощують у Китаї, причому уряд активно підтримує створення власних ГМО рослин, в Австралії — 80% ГМО бавовни, Південна Африка — ГМО бавовни 80%, кукурудзи — 20%, сої — 10%. Розпочалося вирощування трансгенних сортів у Болгарії, Росії, Румунії, Франції, Іспанії. Загальна площа ГМО рослин у світі сягає 90 млн. га і продовжує розширюватися.

У США над створенням різних трансгенних організмів (тварин, мікроорганізмів, вірусів, мікоплази, рослин тощо) працює понад 2000 фірм і університетів. Тільки провідні біотехнологічні компанії Сингента, Монсанто, Дюпон, Байер витрачають на дослідження щорічно понад два мільярди доларів США. ГМО рослин першого покоління стійкі до тотальних гербіцидів, з модифікованим складом жирних кислот в олії, стійких до комах і вірусів, з модифікованою системою отримання гібридного насіння, в тому числі цикорію, папайї, гарбуза, помідорів. В цілому в Європейському Союзі, де особливо негативно ставляться до ГМО рослин, дозволено для виходу в довілля 30 видів трансгенних рослин. І хоч площі їх посіву порівняно незначні, в той же час вражають дані про створення в останні роки компаніями, фірмами, університетами нового покоління ГМО рослин. Вони ще не вийшли на поля, але, як кажуть, стоять наготові, і нема сумніву, що їх поява в Україні може якісно змінити сільське господарство і виробництво

альтернативних джерел енергії за рахунок фотосинтезу, дозволить отримувати на полях і в теплицях високоякісні лікарські препарати.

В Україні у зв'язку з обмеженим фінансуванням, а також неадекватно негативним ставленням ЗМІ, а, відповідно, і населення, до ГМО, дослідження з біотехнології і особливо генетичної інженерії дуже відстають від світового рівня. Але у нас є ще досить високий науковий потенціал для розвитку геноміки і біотехнології, і маємо шанс при відповідній увазі влади і приватного капіталу не випасти з світового прогресу.

Наведені дані про поширення ГМО у світі не дають обминути одне з найбільш важливих питань — біобезпеку. Справді, це велика проблема. Як відомо, нові високі технології разом з розв'язанням проблем розвитку добробуту суспільства несуть значну небезпеку при помилках у їх застосуванні. Для нас наочний приклад — Чорнобиль. Генетично модифіковані організми при безконтрольному застосуванні можуть справді завдати значної і навіть катастрофічної шкоди. І щоб запобігти цьому, необхідно дотримуватись суворих заходів біобезпеки. На жаль, наша Верховна Рада вже п'ять років не може затвердити відповідний закон, хоч він уже пройшов перше читання. В той же час такі закони діють в ЄС, США, Росії, Болгарії, Румунії та інших державах.

Але, за всієї важливості дотримання вимог біобезпеки, мусимо визнати, що науково-технічний розвиток зупинити неможливо. Люди навіть за безумовної значної шкідливості для здоров'я і довкілля, все більше їздять

в містах на авто, застосовують гербіциди і інсектициди, розбудовують атомну енергетику, забруднюють атмосферу CO₂ і пилом тощо. Порівняно з подоланням цих проблем звести майже до нуля ризик при використанні досягнень геноміки набагато простіше і дешевше, треба тільки суворо дотримуватись науково обґрунтованих правил біобезпеки, посилити розвиток цієї науки.

Нарешті доцільно наголосити на тому, що геноміка і її складові — протеоміка, біоінформатика і біотехнологія стають важливими елементами «економіки знань», вони стають важливими факторами підвищення добробуту людства, його подальшого існування на нашій, Богом даній планеті — не тільки при вирішенні продовольчої проблеми, збереженні довкілля, але й відкривають якісно нові можливості для збереження здоров'я, продовження терміну активного життя, можуть навіть пом'якшити негативний вплив глобальних змін клімату. Важливо тільки розумно користуватись цим здобутком людського розуму і зрозуміти, що життя на Землі — це унікальне явище, і для його збереження необхідно піднятися над конфліктами, які постійно виникають у світі і в нашому українському суспільстві, і об'єднатися в досягненні мети. На жаль, нині ідеї суспільних зусиль для забезпечення кращого майбутнього розкритиковані економістами як утопія. Та не хочеться вірити висновку «інопланетянина» Б.Рассела, що «людина — це розумна, хитра, але надзвичайно мерзенна істота».

Вірю, що це не так.