Наша Газета
nashagazeta.ch

Опубликовано на Швейцария: новости на русском языке (https://nashagazeta.ch)

Евгений Здобнов: "Мы ищем ответы на вопросы мироздания" | Evgeny Zdobnov: "Nous cherchons à résoudre les énigmes de l'univers"

Автор: Людмила Клот, Женева , 07.07.2010.

Евгений Здобнов в рабочем кабинете (© NashaGazeta.ch)

С работами профессора женевского университета, россиянина Евгения Здобнова, мы сами познакомились, благодаря публикациям в швейцарской прессе. Научно-исследовательская группа Zdobnov’s Computational Evolutionary Genomics Group совместно с учеными из других стран занимается расшифровкой геномов различных живых существ.

|
Nous avons découvert les travaux du professeur de l'Université de Genève, le russe Evgeny Zdobnov, grâce à une publication dans la presse suisse. Le groupe de recherche scientifique porte son nom, Zdobnov’s Computational Evolutionary Genomics Group, et vise à déchiffrer des génomes de différents animaux et insectes.
Evgeny Zdobnov: "Nous cherchons à résoudre les énigmes de l'univers"

О целях этой работы, ее пользе и перспективах, а также о буднях российского ученого в Женеве мы и говорили во время нашей встречи.

Наша Газета: Евгений, чтобы вас представить читателям, расскажите, пожалуйста, откуда Вы родом, где учились и какого рода научной деятельностью занимаетесь.

Евгений Здобнов: Я родом из Рязани, поступил в Московский Физико-Технологический Институт (физтех), изучал физико-химическую биологию и прикладную математику; там же защитил кандидатскую диссертацию. С 1998 года работал в Европейском Институте Биоинформатики в Кембридже. Затем я работал в Германии, в Европейской Лаборатории Молекулярной Биологии в Гейдельберге, а в конце 2006 года переехал в Женеву. Выиграл по конкурсу место профессора в Департаменте генетической медицины и развития медицинского факультета университета Женевы.

НГ: Нравится ли Вам этот швейцарский город на озере как человеку и ученому?

ЕЗ: Как человеку да, Женева мне понравилась сразу, я бывал здесь еще до приезда на работу. Это красивый город – небольшой, но без всякой провинциальности, действительно можно называть его маленькой европейской столицей. И с профессиональной точки зрения, здесь большой потенциал для реализации моих научных интересов.

Руководимая мною научная группа CEGG (Computational Evolutionary Genomics Group) специализируется на сравнении различных геномов и понимании их эволюционного развития. Если быть точным, геномы не расшифровывают, а секвинируют, то есть, читают последовательность ДНК. Два главных вопроса при расшифровке геномов это: «Что именно закодированно в последовательности ДНК?» и «Какие функциональные последствия наблюдаемых вариаций в ДНК?»

В группе работают сотрудники из разных стран: Великобритании, Америки, Франции, Швейцарии, Шведции, Китая; был немец, недавно он успешно защитил свою кандидатскую и ушел – в научном мире очень хорошо, когда ученые реализовывают свою часть работы в каком-либо университете, а затем продолжают в другом. Так постоянно идет ротация кадров.

НГ: С геномами каких животных вы работали? На чем основывается выбор объекта исследований? Какое из существ оказалось наиболее интересным?

ЕЗ: Мы работали со многими геномами, в основном, позвоночных и насекомых. Как человек, завороженный раскрытием тайн природы и совершенства всех живых существ, могу сказать, что нет геномов, которые были бы более или менее интересными, чем другие. Какие геномы читаются первыми - определяется

финансированием. Нужно подать заявку на конкурс проектов, описав преимущества которые наука получит от его раскрытия, а также ее дальнейший практический смысл.

Например, в прошлом году мы занимались вполне швейцарской темой – расшифровкой генома коровы. Что интересно в корове для генетиков? Вкратце: когда появился геном коровы, какие механизмы отвечают за производство молока, а также сравнение с геномом мыши и человека.

НГ: Как (и зачем!) сравнивать человека с мышью и коровой?

ЕЗ: Главный вопрос медицинской генетики: «Какие изменения генома провоцирует развитие болезней?»; а так как большая часть наших генов такая же, как и у мыши или коровы, то мы можем многое узнать о человеческих болезнях, изучая эти гены в других животных. О коровах мы знаем много из исследований по искусственному отбору, а мышь - наиболее широко используемая модель для медицинских исследований. Интересно, что хотя мыши для нас эволюционно более близки, чем коровы, генетически человек ближе к корове, чем к мыши из-за более быстрой эволюции в виде мыши.

Коровы конечно не лабораторные животные, но вот собаки, которые эволюционно более близки к коровам, более реальная «модель человека» (вне приматов).

НГ: Сегодня проведение медицинских экспериментов на животных негативно воспринимается частью общества и защитниками природы.

ЕЗ: Лечится, тем не менее, хотят все, так что возникает вопрос: а на ком проводить эксперименты, непосредственно на людях? Опыт показывает, что добровольцев найти не просто. Теоретические модели пока далеки от реальности, и отказаться от экспериментов невозможно. Поэтому задача для нас, молекулярных биологов, генетиков – сделать так, чтобы они проводились с максимальной целевой направленностью и целесообразностью.

Сегодня мы переживаем замечательное время: революцию в генетике. Появилась возможность читать геномы достаточно дешево и быстро. В Китае ученые предложили прочесть геномы 10 тысяч животных.

НГ: И как научный мир на это отреагировал?

ЕЗ: Очень хорошо, в духе: «Молодцы, если можете, то давайте, вперед!» Каждый прочитанный геном открывает возможность для новых научных исследований, целого ряда новых молекулярных экспериментов. Стоимость чтения генома – это несколько миллионов франков. Нужно подать заявку в специальное агентство, описав преимущества, которые наука получит от его раскрытия, возможные осложнения в работе, а также ее дальнейший практический смысл.

Например, лекарства, даже уже созданные и доказавшие экспериментальным путем свою эффективность, не могут быть выпущены на рынок, пока не будет точно прописан молекулярный механизм их действия. Чтобы не было побочных эффектов. А понимание молекулярных процессов на порядок выше, когда известен геном.

НГ: Просто для общего образования: какие геномы уже известны, и какие необходимо прочесть?

ЕЗ: О, история открытия геномов очень интересная и полная страстей! Первой, среди многоклеточных животных, открыла свою геномную тайну муха дрозофила, любимый объект лабораторных экспериментов. В феврале 2001 года завершилась уникальная гонка в мире научных достижений: сразу два больших, независимых друг от друга сообщества ученых – группа под руководством Джеймса Уотсона, работавшая под эгидой Национальной организации здравоохранения США, и американская частная компания Celera Genomics - сделали заявление о расшифровке генома человека. Сейчас количество геномов в нашем распоряжении быстро растет: тысячи вирусных геномов, почти тысяча бактерий, десятки насекомых и позвоночных.

НГ: Каким проектом Вы занимаетесь в настоящий момент?

ЕЗ: Сейчас мы изучаем геном игрунковой обезьяны или мармозетки, это самая маленькая из обезьян, которая обитает в Южной Америке, и эволюционно наиболее далекая от человека. Ее геном позволит нам лучше понять генетические различия между обезьянами и людьми.

Как правило, биоинформатика не дает четкого ответа на вопрос, как лечить ту или иную болезнь. Но она критически сужает поле поиска… Некоторые из коллег не считают это за науку, потому что мы не проводим непосредственных экспериментов – я вас разочарую, самой мармозетки в лаборатории не будет. Но мы анализируем эксперименты природы – что, на мой взгляд, не менее интересно.

НГ: А последним Вашим достижением стало чтение генома вши.

ЕЗ: Объясняю, чем уникальна вошь. До настоящего момента все секвинированные геномы насекомых принадлежали к группе с полным метаморфозом развития «личинка-куколка-бабочка». А вошь первый представитель более древнего рода насекомых, что даст нам понять ключевые моменты эволюции такого разнообразного царства насекомых. И, естественно, вошь тесно связана с человеком, без человеческого тела она не может жить. Чтение генома вши позволило узнать, сколько времени этот незваный товарищ сопровождает человечество, а также на какой стадии нашего развития появилась одежда.

НГ: Ваша группа охотно изучает насекомых, неужели они интереснее животных или человека?

В генетическом фонде насекомых около 60% генов те же, что и человеческие, сохранившиеся от нашего с ними общего предка. Исследования по молекулярной биологии насекомых очень увлекательны, единственный недостаток – на них выделяется меньше денег. Лучше всего финансируются чтения геномов, которые имеют отношение к здоровью человека и к сельскому хозяйству, поэтому и были расшифрованы геномы курицы, коровы, пчелы (на ней мы изучали молекулярные механизмы социального поведения).

В Лозанне есть лаборатория, которая занимается муравьями, они прочли муравьиный геном.

Кроме того, насекомые могут похвастаться гораздо большим разнообразием видов, чем позвоночные. Они быстрее эволюционируют, а значит, намного больше испробовали на себе… А зная механизмы эволюции других видов, мы с некоторой долей вероятности сможем предсказывать и эволюционные перспективы человечества.

НГ: Так Вы настоящий оптимист! Сегодня в обществе модны предсказания конца света, а Вы видите для человеческого рода перспективы эволюции на много тысячелетий вперед.

ЕЗ: Конечно, может быть и хуже. Но с другой стороны, чем мы хуже динозавров? За несколько миллионов лет нашего существования мы научились большему, чем они за сотню миллионов лет.

В глобальном смысле мы все время ищем ответы на вопросы происхождения и развития жизни. Цель любой науки, по определению, создавать более простые модели реальности, имеющие предсказательную силу. Это могут быть как общие принципы эволюции, фундаментальные для построения последующих теорий, так и весьма практические знания, которые уже можно использовать в медицине, или например, в сельском хозяйстве. В конечном итоге, через комаров, мышей и других существ мы подходим к человеку и его благу.

Женевский университет
ДНК
геном
Статьи по теме
«Вшивая ДНК» в человеческой истории

Source URL: *https://nashagazeta.ch/news/les-gens-de-chez-nous/10127*