

В.И. Глазко, Г.В. Глазко

## ВВЕДЕНИЕ В ДНК-ТЕХНОЛОГИИ И БИОИНФОРМАТИКУ

(Киев, 2001, 543 с.)



Новое учебное пособие «Введение в ДНК-технологии и биоинформатику», вышедшее недавно в Киеве, посвящено молодой и быстро развивающейся науке — молекулярной генетике. Оно является одной из первых попыток объединения базовой информации разных биологических дисциплин, из которых возникла современная молекулярная генетика, с примерами использования ее достижений как в развитии фундаментальных теоретических исследований живого, так и в решении конкретных прикладных задач. Данное издание существенно отличается от предыдущих версий и от других аналогичных учебников, тем, что изложение материала осуществлено в русле новых представлений о геноме и генах, полученных, в частности, благодаря полному секвенированию геномов ряда объектов. Это позволило пересмотреть и откорректировать некоторые традиционные представления. Открытие и уточнение функциональных особенностей таких генетических элементов, как транспозоны, мини- и микросателлитная ДНК, семейства псевдогенов, перекрывающиеся гены, дали возможность по-новому взглянуть на механизмы молекулярной эволюции и рассмотреть геном как непрерывно изменяющуюся, пластичную высокоорганизованную систему.

ДНК-технологии и биоинформатика являются относительно молодыми разделами молекулярной генетики. Объединение в одном пособии этих двух областей исследования обусловлено тесным взаимодействием между ними и взаимозависимостью их развития. К настоящему времени в этих двух областях знания создана хорошая стартовая площадка для успешного развития дальнейших исследований.

Следует отметить, что все методы ДНК-технологий, связанные с созданием новых генных конструкций и новых организмов, основаны на искусственной имитации процессов, реально существующих в живой природе, и исследователи, по сути, обучаются пользованию приемами, уже реализованными в процессе эволюции живых организмов и лежащими в основе трех основных составляющих филогенеза — изменчивости, наследственности и отбора. Поэтому значительная часть учебника «Введение

в ДНК-технологии и биоинформатику» посвящена базовым вопросам генетики.

Структурно книга представлена 12 главами, которые предварены исторической справкой, представляющей основные этапы развития генетики, что позволяет сформировать целостное представление о биологических науках и о месте самой генетики, а также ДНК-технологий и биоинформатики в этом сложном комплексе наук. Читатель найдет здесь также сведения о Нобелевских лауреатах в области медицины, физиологии и генетики.

В книге подробно и квалифицированно изложены все основные направления развития современной молекулярной генетики и, в частности, ДНК-технологии, геномики и биоинформатики. Значительное внимание сконцентрировано на прикладных аспектах молекулярной генетики, которая благодаря достижениям ДНК-технологий позволяет более успешно управлять процессами создания новых форм растений и животных (Marker Assistant Selection), а также выявлять различные генетические и вирусные заболевания. Не осталась в стороне одна из актуальных проблем современной биологической науки — трансгенез и его возможности в использовании на практике. Рассмотрены вопросы особенностей организации генетического материала в результате картирования геномов сельскохозяйственных животных. Особый интерес представляет изложение сведений о молодой, быстро развивающейся области молекулярной генетики — геномике. Обсуждена проблема клонирования животных. Вероятно, впервые в отечественной литературе значительное место отведено биотехнологии, одному из перспективных новых направлений развития биологии.

В целом, научное пособие можно отнести к существенным достижениям в области освещения основных этапов и направлений развития современной генетики, открывающих новые перспективы для решения как фундаментальных, так и прикладных задач биологии и биотехнологии.

Следует заметить, что некоторые разделы написаны излишне подробно, перегружены методическими деталями и сложной терминологией, некоторые, по-видимому, нуждаются в дальнейшем расширении. Очевидно, что такая неравномерность изложения материала обусловлена профессиональным предпочтением самих авторов, а также тем, что область ДНК-технологий и биоинформатики стремительно развивается. Тем не менее такой комплексный подход к изложению материала с ярко выраженным историческим аспектом становления этих областей знания, демонстрацией моментов слияния накопленных данных в разных направлениях и появления новых методических и исследовательских возможностей, безусловно, оправдан и может быть полезен широкому кругу биологов, студентов, а также преподавателей высшей школы.

В.Ф. ПАТЫКА