

АЙТХОЖИНА Н.А.

МОЛЕКУЛЯРНАЯ БИОЛОГИЯ И БИОХИМИЯ

Анализ современного состояния и тенденций развития мировой науки и научных школ развитых стран. Молекулярная биология возникла в 50-е годы XX века на стыке физики, химии, биологии, и основной ее задачей стало установление структуры и функций важнейших биополимеров клетки, главным образом, белков и нуклеиновых кислот, раскрытие механизмов реализации наследственной информации организмов.

Впервые важные идеи, открывшие новые ориентиры познания жизни, были выдвинуты в 20-х годах прошлого столетия русским ученым Н.К. Кольцовым и продолжены в работах Н.В. Тимофеева-Ресовского и других известных исследователей. Открытая Н.К. Кользовым матричная ауторепродукция материнских молекул стала чудом в биологии XX в. Считалось, что эти процессы осуществлялись на белковой основе.

Исследованиями американских ученых во второй половине 40-х г. начался переход к трактовке нуклеиновой природы гена. Oswald T. Avery, Colin M. Macleod и Maclyn McCarty экспериментальным путем доказали передачу наследственных признаков от одной бактериальной клетки к другой с помощью очищенного препарата ДНК, подтверждая, что именно нуклеиновые кислоты отвечают за передачу наследственных свойств. С этого периода началось бурное развитие нового научного направления.

Последовавшие за этим исследования Erwin Chargaff, открывшие правило регулярности в парных соотношениях пуриновых и пиридиновых оснований в молекулах ДНК и РНК, рентгенографический анализ ДНК M. Wilkins и др. послужили основой для расшифровки в 1953 г. J. Watson и F. Crick структуры ДНК и открытии пространственной структуры молекулы ДНК.

Было доказано, что молекула ДНК состоит из двух комплементарных полинуклеотидных цепей, каждая из которых выступает в качестве матрицы для синтеза новых аналогичных цепей. Открытие структуры ДНК было одним из крупнейших событий в развитии науки, однако это было лишь первым этапом на пути выявления

механизма наследственности и изменчивости. Оно повлекло за собой большое количество новых открытий, общее направление которых заключалось в раскрытии сущности жизни, природы ее фундаментальных черт, т. е. наследственности, изменчивости, обмене веществ и др. Подавляющее число работ, удостоенных Нобелевской премии в области химии, биологии и медицины присуждалось именно за достижения в молекулярной биологии.

В 1955 г. американским биохимиком S. Ochoa был выделен бактериальный фермент полинуклеотидфосфорилаза, с помощью которого получены синтетические рибонуклеиновые кислоты с различным составом азотистых оснований. Эта работа послужила основой для разработки методов репликации генетического материала клетки, ключом к расшифровке генетического кода. Открытие генетического кода стало важнейшим этапом в изучении основ жизни, позволило объяснить и описать феномены репродукции, наследования, вариаций и мутаций. Okazaloсь, что на этом универсальном языке «говорят» все организмы – от вирусов и бактерий до животных и человека.

Дальнейшие исследования J.N. Mattei, S. Ochoa и H.G. Khorana позволили установить соотношение последовательностей нуклеотидов в нуклеиновых кислотах и аминокислот в белках.

H.G. Khorana сумел химическим способом синтезировать первый работающий ген, а американец Robert W. Holley «прочитал» первый ген одной из т-РНК. Для объяснения механизма регуляции большое значение имели предложенная F. Jacob и J.L. Monod концепция оперона, открытие белков-репрессоров и установление механизма регуляции по принципу обратной связи.

В последние пятьдесят лет молекулярная биология развивается исключительно быстрыми темпами, принося ошеломляющие результаты: выяснена роль транспортной-РНК и информационной-РНК; расшифрован генетический код; осуществлен синтез гена; теоретически решена проблема биосинтеза белка; расшифрована аминокислотная последовательность многих белков и ус-

тановлена пространственная структура для некоторых из них; получены важные результаты в плане понимания организации вирусов и фагов, характер их биогенеза в клетке. Утвердилось представление об универсальности основных черт строения и функции гена как сложной линейной структуры ДНК, который в результате транскрипции и последующей трансляции определяет первичную структуру полипептидной цепи. Создан первый вариант «машинного» метода определения нуклеотидных последовательностей в молекуле ДНК («метод Сэнгера»), что позволило резко увеличить количество «прочитанных» геномных участков и целых генов и коренным образом преобразовать технологию и темпы секвенирования. Впервые удалось получить гибридные молекулы ДНК («ДНК-ДНК»), способные проникать в клетки различного происхождения и стимулировать там синтез несвойственных этим клеткам белков.

Исследователи нашли ответ на фундаментальный вопрос, связанный с тем, как две нити ДНК расплетаются в ходе процесса репликации (рис. 1). Объектом их исследования стали ферменты-геликазы, которые прикрепляются к той области двойной спирали, где происходит отход одной нити ДНК от другой. Зона раздвоения двойной спирали открывается и закрывается очень быстро. Было обнаружено, что геликазы активно прилагают силу на участок расплетения ДНК и способствуют разделению двух нитей. Ученым удалось измерить степень движения геликазы в процессе расплетения ДНК.

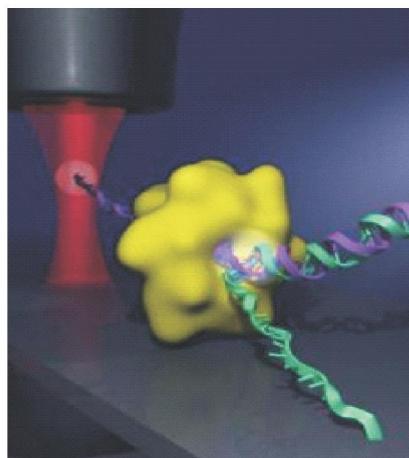


Рис. 1. Разделение двойной спирали ДНК (зеленая и пурпурная нити) с помощью фермента геликазы (зеленая глобула) (Рисунок: © Chris Pelkie and Daniel Ripoll/Cornell Theory Center)

Перечисленные достижения молекулярной биологии доказывают неразрывность ее связи с молекулярной генетикой. Благодаря успешному сочетанию этих двух направлений, в биологии раскрыты молекулярные основы таких процессов, как генетическая рекомбинация, установлен основной постулат, характеризующий движение генетической информации: ДНК > мРНК > белок. Регуляция синтеза белка наиболее изучена на уровне транскрипции. Утвердилось представление об универсальности основных черт строения и функций гена как сложной линейной структуры ДНК, который в результате транскрипции и последующей трансляции определяет первичную структуру полипептидной цепи.

В подтверждение того, насколько важны для человечества знания механизма наследственных процессов, лауреатом Нобелевской премии в области химии за 2006 год стал американец Р. Корнберг «за исследование механизма копирования клетками генетической информации». Ученый описал процесс работы фермента, который участвует в передаче информации от ДНК к клетке организма и механизм процесса транскрипции. Работа фундаментальная, но ее приложение, к примеру, в медицине, позволит воздействовать на процессы обновления клеток, предотвращать и лечить многие болезни.

Yingfu Li и его соавторы из Университета МакМастер (Гамильтон, Канада) разработали простой и эффективный способ амплификации ДНК, который может оказаться весьма полезным для ДНК диагностики (рис. 2). Ученые на-

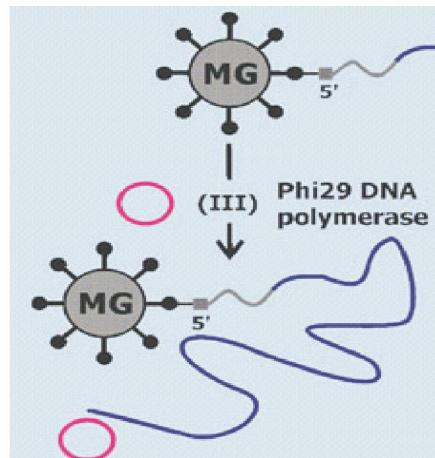


Рис. 2. Полимеразы производят непрерывные копии (обозначены синим) шаблона ДНК (обозначена красным) (Рисунок: Chem. Commun., 2007, DOI: 10.1039/b709817k)

шли дешевый и стабильный твердый носитель для праймеров ДНК – микрогелевые коллоидные частицы, которые привлекательны в роли твердых носителей для метода RCA. Применявшиеся ранее в качестве носителей наночастицы золота и магнитные частицы характеризуются низкой стабильностью и дороговизной.

Молекулярная генетика рассматривает также ряд других вопросов фундаментального и прикладного характера, таких как репарации повреждений генома, механизм действия ферментов, конструирование наследственных структур в виде молекул рекомбинантных ДНК (генетическая инженерия) и т. д.

На базе генетической инженерии возникла и получила развитие молекулярная биотехнология. Целенаправленное изменение структуры генов и их регуляторных областей, введение их в бактериальные, животные и растительные клетки позволило создавать трансгенные организмы, способные вырабатывать новые белки (белковая инженерия) и придавать новые свойства этим организмам. Эти возможности широко используются в сельском хозяйстве для получения высокопродуктивных пород животных и сортов растений, в микробиологической промышленности и медицине.

Используя современные методы, ученые подошли к решению многих вопросов, связанных с механизмом возникновения, диагностики и лечения таких тяжелых заболеваний, как рак, туберкулез, гепатит, СПИД.

Фундаментальные исследования в данной области сосредоточены на изучении влияния отдельных биохимических компонентов на процесс метаболизма, выяснении структурно-функциональных отношений в белках и получении модифицированных белков генно-инженерным способом. Знание этих процессов является основой для разработки новых эффективных лекарств против многих заболеваний.

Последнее десятилетие стало эрой стремительного развития молекулярной биологии в области изучения структурно-функциональной организации генома и механизмов его экспрессии. Возникло новое направление, называемое геномикой. На животных и растительных объектах изучается структурно-функциональная организация генетического материала на уровне генома, хромосом и генов, молекулярно-генетические и

генетико-эволюционные особенности функционирования физиологических систем, обеспечивающих важнейшие процессы жизнедеятельности, проводится хромосомная и генодиагностика наследственных и мультифакторных заболеваний человека, разрабатываются механизмы кодирования и передачи информации в молекулярно-генетических системах, внедряются компьютерные методы анализа молекулярно-биологической информации, на основе чего создаются банки данных.

С целью определения последовательности азотистых оснований и расположения генов в каждой молекуле ДНК человека в 1990 г. был начат беспримерный по своим масштабам международный научный проект по расшифровке структуры генома человека. В проекте были заняты тысячи специалистов из более чем 20 стран мира.

В России работы по проекту «Геном человека» проводились по инициативе и под руководством академика А.А. Баева. В 2003 г. лидеры Великобритании, Германии, Китая, США, Франции и Японии заявили о досрочном завершении научного труда и полной расшифровке структуры генома человека. Это достижение позволило приблизиться к установлению причин наследственных заболеваний и выработать пути их коррекции. Подробно изучены десятки тысяч генов, выяснены их функции и роль в организме. Попутно полностью расшифрована последовательность нуклеотидов в геномах более 200 вирусов, 300 бактерий, дрожжей, круглого червя нематоды, плодовой мушки дрозофилы, арабидопсиса и др.

Знание полных последовательностей геномов позволяет не только анализировать отдельные гены, сходство их структуры, но также пути их согласованной экспрессии и эволюции. Было установлено, что протяженность геномов у живых организмов измеряется миллиардами пар оснований. В приведенной ниже таблице 1 представлены предварительные данные о сходстве геномов различных организмов с геномом человека, полученные разными методами, в частности, методом гибридизация ДНК (сходство дано в процентах, оно отражает долю пар оснований, идентичных у двух сравниваемых видов).

Несмотря на то, что все приведенные данные следует рассматривать как относительные,

Вид	Сходство	Источник
<u>Человек</u>	99.9% 100%	<u>Human Genome Project</u> одногородные близнецы
<u>Шимпанзе</u>	98.4%	Источник: <u>Americans for Medical Progress</u> ; Jon Entine в <u>San Francisco Examiner</u>
<u>Горилла</u>	98.7% 98.38%	Richard Mural из <u>Celera Genomics</u> , цитируется в <u>MSNBC</u> Основано на изучении интергенной неповторяющейся ДНК в <i>Am J Hum Genet.</i> (2001) Feb;68(2):444-56
<u>Мышь</u>	98% 85%	Источник: Americans for Medical Progress при сравнении всех последовательностей, кодирующих белки, <u>NHGRI</u>
<u>Собака</u>	95%	Jon Entine в <u>San Francisco Examiner</u>
<u>Банан</u>	50%	Источник: Americans for Medical Progress
<u>Нарцисс</u>	35%	Steven Rose в <u>The Guardian</u> 22 January 2004

сравнение геномов организмов разного уровня сложности с геномом человека явились сенсацией. Оказалось, что геном человека состоит не из 100 тысяч генов, как предполагалось ранее, а около 30 тысяч. Сравнивая, к примеру, данные генома человека с геномом мыши, получается, что это всего на 14% больше. К тому же, только 1% мышьных генов не имеет прямого структурного сходства с генами человека, а 99% таким сходством обладают. Аналогичные сходства были обнаружены при сопоставлении генома человека с геномами других организмов. Дальнейшим этапом геномных работ является расшифровка смысла полученных последовательностей и выявление функционально значимых частей генома.

При выполнении проекта «Геном человека» помимо решения научных и прикладных вопросов большое значение имела разработка новых методов. Использовались широко известные сегодня методы и методики с применением рестрикционных ферментов, клонирования и переноса участков ДНК в клетки-доноры с помощью векторов для получения гибридных молекул ДНК, синтез ДНК на матрицах информационной РНК, секвенирование генов, копирование их с помощью специальных устройств, способы анализа и классификации молекул ДНК по плотности, массе и структуре. Однако при больших объемах исследований требовались новые, более совершенные методики, в которых все процессы были бы автоматизированы. Это позволяло ускорить работы, увеличить скорость расшифровки и уменьшить стоимость проведения экспери-

мента. В последние годы метод секвенирования ДНК настолько хорошо отработан, что теперь им занимаются «промышленным способом», по отработанной методике получают достаточно протяженные фрагменты ДНК, последовательность которых определяется с помощью специальных приборов. Создание баз последовательностей ДНК, белков и других БАВ уже является не предметом исследования, а лишь удобным инструментом в работе. Приоритет в этом направлении принадлежит компании Celera, одной из основных участников проекта «Геном человека». Методическим прорывом минувших десятилетий считается разработанная К. Муллисом в 1986 г. многообразная по функциям полимеразная цепная реакция (ПЦР).

Такие успехи были достигнуты благодаря тому, что в США, Японии, Франции, Канаде, Швейцарии, Германии, Великобритании, Австралии и других странах были созданы крупные научные центры, оснащенные современным научным оборудованием, мощными компьютерами и прогрессивными программами. В России активно развиваются практические направления молекулярной биологии в Москве, Санкт-Петербурге, Новосибирске, Томске, Уфе. В Институтах биологии гена, Молекулярной генетики, Молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта, Общей генетики, Цитологии и генетики СО РАН сложились сильные научные школы, ведущие свое начало с 20-30-х гг. прошлого столетия.

В связи с тем, что гены, составленные из ДНК, определяют производство специфических белков, неоспорима важность изучения механиз-

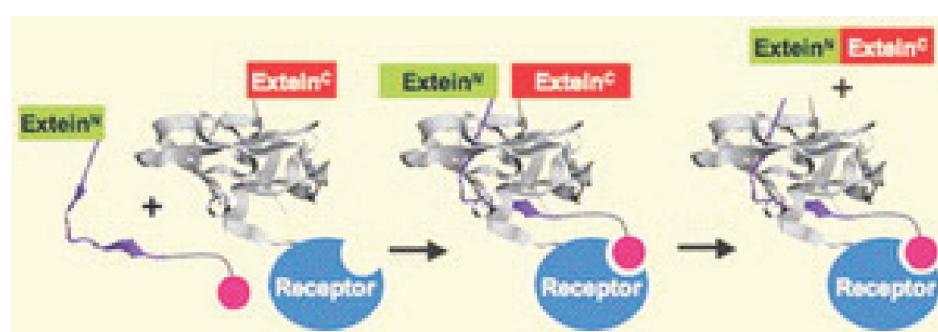


Рис. 3. При связывании лиганда (розовый) с рецептором два белковых фрагмента связываются друг с другом.
(Рисунок: *Chem. Commun.*, 2007, DOI: 10.1039/b712843f)

мов производства этих белков, их декомпозиции и модификации после синтеза в организме. Эти вопросы являются предметной областью еще одного направления молекулярной биологии – протеомики, в котором достигнуты значительные успехи в мире.

Японским ученым из Университета Токио удалось разработать метод получения модифицированного белка за счет комбинации синтетической молекулы с готовым белком. В работе была адаптирована концепция получения продуктов сплайсинга синтетических интейнов для использования *in vivo*. Для этого использовались клетки, способные экспрессировать фрагмент, связывающийся с рецептором редуктазы, после чего инкубировали культуру клеток с фрагментом, связанным с лигандом (рис.3).

С помощью флуоресцентных меток японские исследователи продемонстрировали, что связывание лиганда с рецептором остается на прежнем уровне, а продукты сплайсинга образуются на поверхности клеточной мембрany. Эта работа является первой демонстрацией семисинтеза белка на оболочке живой клетки.

Помимо фундаментального познания механизмов белкового синтеза и создания белкового атласа человека, прикладное значение протеомики состоит в разработке новейших методов диагностики, профилактики и лечения болезней, с которыми медицина боролась веками. Современные достижения биоинформатики и биостатистики, использование вычислительной техники последнего поколения, новейших экспериментальных методов исследований обеспечивают быстрый прорыв протеомики.

Среди развивающихся в последние годы направлений в биологии можно выделить исследо-

вание молекулярной архитектуры, сборку белков и доменов; идентификацию белков на основе применения нанотехнологий; изучение механизмов регуляции многофункциональных белков в клетках эукариот; исследование белок-мембранных взаимодействий *in silico*, *in vitro*, *in vivo*.

Бурное развитие молекулярной биологии в мире стало возможным благодаря тому, что правительства ведущих в этой области стран делают серьезную ставку на науку, на развитие новых и прорывных направлений. Опыт таких стран, как США, Швейцария, Дания, Израиль, Великобритания, Голландия, Япония, Германия, Франция, Китай показывает, что сотни миллионов долларов, вложенных в национальные программы по молекулярной биологии, возвращаются новыми открытиями, высокотехнологичными методами диагностики и лечения тяжелых заболеваний, вакцинами нового поколения, новыми сортами растений и ценных пород животных, решением проблем биологической безопасности и т.д.

Анализ современного состояния и тенденций развития отечественной науки и ведущих научных школ Казахстана. В Казахстане молекулярная биология получила свое развитие с конца 70-х годов прошлого столетия и связана с именем видного ученого, лауреата Ленинской премии, академика НАН РК Мурата Абеновича Айтхожина. Он был организатором первой в республике лаборатории по молекулярной биологии, организатором и первым директором Института молекулярной биологии и биохимии, создал казахстанскую школу молекулярных биологов.

Институт на протяжении многих лет занимает лидирующую позицию в республике в области молекулярно-биологических, биохимичес-

ких исследований и биоинженерных разработок, и является базовым исследовательским учреждением в Казахстане по проведению фундаментальных исследований по приоритетным направлениям современной биологии: молекулярной биологии и молекулярной генетике, геномике и протеомике, биоинженерии, клеточной биологии, молекулярной медицине. Созданная академиком М.А. Айтхожиным школа молекулярных биологов получила свое дальнейшее развитие в научных трудах его коллег, учеников и последователей.

Располагая квалифицированными научными кадрами и удовлетворительной материально-технической базой, Институт развивает такие приоритетные направления как исследования генома высших организмов (человек и растения), функций и регуляции белоксинтезирующего аппарата, молекулярной иммунологии, энзимологии и ферментной инженерии, создание новых форм растений методами генной и клеточной инженерии. Получены устойчивые к фитопатогенам формы пшеницы и картофеля, которые используются в селекционных программах учреждений сельскохозяйственного профиля (АО «КазАгроИнновация»).

В результате проведенных в Институте исследований функционально-значимых участков генов защитного ответа пшеницы (хитиназы, NO-синтазы, оксалат оксидазы и в-1,3-глюканазы) на заражение фитопатогеном *Septoria nodorum*, уносящим ежегодно значительную часть урожая, был выявлен ряд молекулярных маркеров устойчивости, созданы векторные системы клонирования ДНК и экспрессионные конструкции, получены рекомбинантные белки.

При изучении молекулярных механизмов функционирования и регуляции белок-синтезирующего аппарата зародышей яровой пшеницы *Triticum aestivum* сорта Казахстанская 4 выявлены энхансерные последовательности («усилители»), способные обеспечивать многократное увеличение синтеза целевого белка в нормальных и стрессовых условиях.

Знание молекулярных основ жизни растений позволяет создать теоретическую основу для разработки принципиально новых технологий, обеспечивающих быстрый прогресс сельского хозяйства и медицины Казахстана и сделать конкурентоспособный вклад отечественных ученых в мировую науку.

Большая роль в проведении исследований по выявлению структурно-функциональных особенностей ДНК генов и белков, ответственных за развитие сердечно-сосудистых заболеваний, нейродегенеративных заболеваний человека, проведенных на клиническом материале НИИ кардиологии и внутренних болезней МЗ РК, объединения «Рассеянный Склероз» Казахской Государственной Медицинской Академии, принадлежит Институту молекулярной биологии и биохимии им. М. А. Айтхожина. Впервые в Казахстане проведен анализ распределения аллелей комплекса генов, изучен полиморфизм генов, установлен вклад некоторых из них в метаболические нарушения, повышающие риск заболевания, выявлены группы риска и нарушения в отдельных генах человека (мутации, полиморфизмы, инсерции и делеции), приводящие к тяжелым наследственным и генопосредованным заболеваниям, в частности, сердечно-сосудистым заболеваниям человека (около генов) и рассеянного склероза (генов) у четырех наиболее широко представленных в Казахстане этнических групп. Доказано, что межэтнические различия в нуклеотидной последовательности некоторых генов могут оказывать влияние на предрасположенность к заболеванию, этиологию и генетические основы атерогенных заболеваний.

Имеются определенные достижения ученых Института в области палеогеномики. Впервые в Республике разработан и апробирован метод выделения и анализа ДНК из костных тканей древних nomadov, пролежавших в земле 2500 лет. Проведен сравнительный молекулярно-генетический анализ полиморфизма митохондриальной ДНК современных казахских популяций и древних кочевников скифо-сакских племен из уникального некрополя степной цивилизации Берель (Восточный Казахстан). Результаты сравнительных исследований свидетельствуют об их родстве, присутствии европеоидного и монголоидного компонента в последовательностях из GenBank'a с отличием в процентном соотношении (рис. 4).

В последние годы во многих странах получило развитие направление, связанное с изучением иммунологических функций циркулирующих гемопоэтических стволовых клеток и их участия в различных иммунологических ситуациях, в том числе при иммунопатологии. В лаборатории молекулярной иммунологии Института молекуляр-

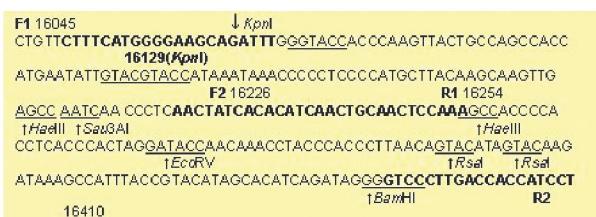


Рис. 4. HVR1 нуклеотидная последовательность mt-DNA из останков скифо-саков (некрополь Берель)

ной биологии и биохимии была экспериментально доказана негативная роль натуральных супрессорных клеток в развитии опухолевого процесса. Установлено, что натуральной супрессорной активностью обладают гемопоэтические стволовые клетки. Познание молекулярных механизмов процессов развития заболевания открывает возможность нового видения на проблему иммуносупрессии, индуцированной опухолью, приведет к созданию новых методов диагностики рака и новых методов лечения.

В области протеомики Институт занимает лидирующие позиции не только в Казахстане. Успешно решаются задачи по установлению структурно-функциональных особенностей и механизмов регуляции ключевых ферментов метаболизма, обеспечивающих продуктивность и функционирование защитных и адаптационных механизмов растительных клеток. Институту принадлежит приоритет обнаружения новых белков-NADP-специфичной глутаматдегидрогеназы и ферментного комплекса, которые осуществляют основные реакции азотного обмена в растениях. Впервые раскрыт механизм сигнальной

трансдукции цитокинина – важнейшего гормона, участвующего в процессе деления клеток (рис. 5).

В сотрудничестве с Институтом молекулярной биологии и биохимии осуществляются работы по изучению молекулярных основ экспрессии отдельных генов (*E-cadherin*, интегрин-*β5*, *κ*-катенин), ответственных за межклеточные взаимодействия в adenокарциномах желудочно-кишечного тракта человека (Казахский научно-исследовательский институт онкологии и радиологии МЗ РК).

Впервые в Казахстане под руководством профессора А.Т. Иващенко в Научно-исследовательском институте проблем биологии и биотехнологии при КазНУ им.Аль-Фараби начаты и успешно проводятся работы по биоинформатике, связанные с изучением структурно-функциональных особенностей ДНК различных хромосом человека, генов и белков. Установлены отличия свойств пре-МРНК генов, ответственных за сердечно-сосудистые и онкологические заболевания.

Научный центр хирургии им. А.Н. Сызганова МЗ РК проводит фундаментальные исследования по изучению особенностей пролиферации культивируемых кроветворных стволовых клеток/предшественников кроветворения и дифференцировки их в кардиомиоциты и эндотелиоциты при инфаркте миокарда, как основы клеточной регенерационной терапии. Целью этих работ является исследование влияния цитокинов в условиях культивирования *ex vivo* на регенерационную способность кроветворных стволовых клеток при инфаркте миокарда в эксперименте и клинике.

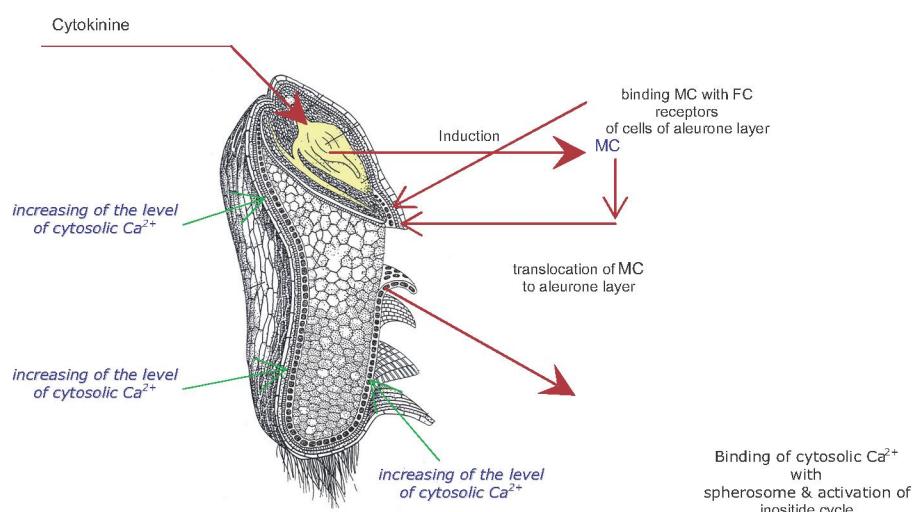


Рис. 5. Схема сигнальной трансдукции цитокинов

Имеются отдельные разрозненные работы по цитогенетическим и молекулярно-генетическим основам онтогенеза (Институт общей генетики и цитологии), применению методов молекулярной диагностики карантинных инфекций (Казахский научный центр карантинных и зоонозных инфекций им. М. Айкимбаева) и др.

Реализация важнейших для Казахстана задач в области сельского хозяйства и медицины осуществляется через Программы фундаментальных и прикладных исследований в рамках утвержденных государственных приоритетов и финансируемых за счет средств республиканского бюджета.

Выводы и рекомендации. Несмотря на имеющиеся достижения отечественных ученых в области молекулярной биологии, следует признать, что ее роль и место в Казахстане до сих пор недостаточно оценены для того, чтобы соответствовать современным мировым тенденциям. По ряду направлений молекулярной биологии Казахстану трудно выдержать конкуренцию более развитых стран, которые вкладывают в нее огромные средства.

В настоящее время реализация проектов и программ в области молекулярной биологии осуществляется в основном за счет средств республиканского бюджета. Большую помощь в организации полномасштабных работ могли бы оказать созданные в республике инновационные и инвестиционные фонды, призванные осуществлять поддержку прорывным, высокотехнологичным разработкам.

Работы по молекулярной биологии имеют определенную специфику, они не могут принести быструю прибыль, которая удовлетворила бы всех участников технологического процесса. Однако, не развивая такие исследования в республике, нельзя решить многие серьезные проблемы, связанные с обеспечением продовольствием и охраной здоровья населения Казахстана, проблем, связанных с ухудшением экологической обстановки региона.

Имея определенный научно-технический задел для решения этих вопросов, следует развивать и всемерно поддерживать приоритетные направления молекулярной биологии, позволяющие Казахстану занять достойное место в ряду развитых и прогрессивных стран. Для этого,

прежде всего, наука должна получать достойное финансирование, привлекательное для ученых, в том числе для молодых.

Необходимо пропагандировать привлекательные стороны науки, ее перспективы, возможности использования уникальных современных методов и методик исследований, возможностей обучения и стажировок в современных научно-исследовательских центрах мира. Молекулярная биология предоставляет в этом смысле широкие перспективы.

Ведущим ученым надо предоставить право участвовать в отборе талантливых студентов, как биологических специальностей, так и смежных с биологией дисциплин – физики, химии, математики.

Несмотря на то, что в Казахстане происходит поступательное развитие ряда направлений молекулярной биологии, для того, чтобы уверенно войти в мировое сообщество развитых стран, Правительству Республики Казахстан и самим ученым в ближайшие годы потребуются новые и более решительные шаги по организации и управлению научно-техническим потенциалом республики, использованию различных форм финансирования науки, внедрению научных разработок, подготовке профессионалов для различных областей экономики. Стремительные темпы развития мировой экономики, появление новых научных направлений требует адекватной формы оперативной и качественной подготовки кадров для науки.

Список использованных источников:

- Watson J, Crick F. 1953. «Molecular structure of nucleic acids: a structure for deoxyribose nucleic acid». 2007, Nature 171 (4356): 737 – 8. PMID 13054692. Cell, web advanced publish.
- Фрэнсис Крик. Молекулярная биология в 2000 году. Биоорганическая химия 2000, т. 26. № 10. с. 756-760.
- Yingfu Li. Chem. Commun., 2007, DOI: 10.1039/b709817k.
- Yu.L. Dorokhov. Gene Silencing in Plants//Molecular Biology. 2007, V. 41. No 4. P. 519-531.
- <http://ru.wikipedia.org/wiki/>
- Teruyuki Nagamune Chem. Commun., 2007, DOI: 10.1039/b712843f
- http://www.chemport.ru/chemnews.php?tag=molecular_biology
- Иванов В.Т., Берлин Ю.А. Молекулярная биология в 2000 году: прогнозы, реальность и снова прогнозы. 2000, Биоорганическая химия, т.26. № 10. с. 752-755.

9. Wang B.L., X.X. Li, F. Zheng, R. Liu, J.X. Quan, H.W. Jia, H. Liang, T. Deng, S.Y. Guo, G. Guo, J.Y. Zhang, and M.C. Qiu. Construction of T-Vectors for the Direct, Unidirectional Cloning, and Analysis of PCR-Amplified Promoters// Molecular Biology. 2007. V. 41. No 4. P. 650.
10. Patterson S.D., Aebersold R.H. Proteomics: the first decade and beyond// Nature Genetics. 2003. V. 33. P. 311-323.
11. <http://www.informnauka.ru/konkurs/markina.shtml>
12. Richard W. McCombie. The Cold Spring Harbor Laboratory, Washington University Genome Sequencing Center, and PE Biosystems *Arabidopsis* Sequencing Consortium. The complete sequence of a heterochromatic island from a higher eukaryote. 2000, Cell, 100: 377–386.
13. Peter K. Gregersen, M.D. Modern Genetics, Ancient Defenses, and Potential Therapies//The New England Journal of Medicine. 2007. № 12. V. 356:1263-1266.
14. Parakhnevitch N.M., Ivanov A.V., Malygin A.A., and Karpova G.G. Human Ribosomal Protein S13 Inhibits Splicing of Its Own pre-mRNA//Molecular Biology. 2007, V. 41. No 1. P. 44-52.
15. Wang G, Vasquez KM. Non-B DNA structure-induced genetic instability//Mutat Res. 2006, Jun 25;598(1-2):103-19.
16. Bacolla A, Wojciechowska M, Kosmider B, Larson JE, Wells RD. The involvement of non-B DNA structures in gross chromosomal rearrangements//DNA Repair (Amst). 2006, Sep 8;5(9-10):1161-70.