

**МАТЕРИАЛЫ КОНФЕРЕНЦИИ “РАЗНООБРАЗИЕ
ОНТОГЕНЕЗОВ: МОРФОЛОГИЧЕСКИЕ,
ФИЗИОЛОГИЧЕСКИЕ И ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ”
(Москва, 23–24 ноября 2009 г.)**

УДК 591

РАЗНООБРАЗИЕ ОНТОГЕНЕЗОВ: ИЕРАРХИЯ МЕХАНИЗМОВ

Изучение биоразнообразия — одной из самых удивительных форм проявления жизни — связано с большинством биологических дисциплин и рассматривается в настоящее время как один из основных приоритетов современной биологической науки (Павлов, Букварева, 2007).

Системный подход к анализу проблемы биологического разнообразия дает возможность выстроить иерархическую систему, на вершине которой находится многообразие форм живых существ, а у основания — механизмы, определяющие это многообразие. Путь от основания этой пирамиды к ее вершине, т.е. реализация программы формирования различий строения видов, составляет одну из самых сложных из нерешенных проблем в данной области науки, поскольку экспериментальный анализ механизмов формообразования сопряжен с немалыми трудностями.

Разнообразие строения многоклеточных организмов формируется на самых ранних стадиях индивидуального развития, и становление дефинитивных форм протекает в несколько этапов. Различия проявляются уже на уровне строения яйцеклеток, особенностей топографии делений дробления, гастрюляции, органогенезов, личиночного развития. Однако наибольшее многообразие форм характерно для взрослых организмов. Становление структурной организации развивающегося организма, когда последовательно включаются специфические (относительно автономные для каждого этапа) программы регуляции морфогенезов, приводящие к усложнению строения зародышей, служит основной моделью для анализа формирования плана строения животных.

Многообразие типов онтогенеза на каждом этапе эволюционного процесса создается за счет изменений индивидуального развития, связанных с его удлинением в результате увеличения числа стадий, усложнения каждой из них, а также увеличения эффективности функционирования отдельных систем развивающегося организма (Шмальгаузен, 1938; Северцов, 1939). Возросший в последнее время интерес к исследованиям эволюционных закономерностей онтогенетических процессов трансформировался в направление, названное “evolutionary developmental biology” (Гилберт и др., 1997; Воробьева, 2010а, б; Gould, 1977; Hall, 1999, 2000, 2003). Это направление, базирующееся на идеях Шмальгаузена (1938) и Уоддингтона (1964), значительно стимулировало исследования в данной области.

Одним из основных механизмов, определяющих многообразие плана строения организмов, служит разнообразие геномов, которое можно рассматривать как результат их эволюции и адаптивных изменений в ходе эволюционного процесса. Реализация многообразия генотипов, являющаяся первым этапом создания разнообразия плана строения, включает два основных вида регуляций: генетический контроль морфогенеза и эпигенетические механизмы регуляции формообразовательных процессов. Генетический контроль, включающий экспрессию двух групп генов — сегрегационных и гомеозисных, приводит в конечном счете к важнейшим морфогенетическим событиям: сегментации тела, регулируемой сегрегационными генами, и формированию разнообразия строения сегментов тела, которое контролируется гомеозисными генами (Рэфф, Кофмен, 1986; Корочкин, 2002; Lewis, 1978; Nüsslein-Volhard, Wieschaus, 1980; Gilbert, 2003). Экспрессия этих групп генов по существу обуславливает многообразие типов строения тела различных организмов.

Ведущая роль в формировании разнообразия строения сегментов тела принадлежит генам сем. *Hox* и *ParaHox* (Холланд, Гарсия-Фернандес, 1987; Корчагина и др., 2010; McGinnis, Krumlauf, 1992; Holland, 2001; Davidson, 2001; Garsia-Fernandez, 2005a, b). Эти гены, имеющие кластерную организацию и произошедшие, как предполагается, в результате дубликации предковых генов *ProtoHox*, кодируют синтез транскрипционных факторов, которые участвуют в регуляции основных морфогенетических процессов. Открытие этих генов дало возможность проследить важнейшие особенности становления пространственной организации в ходе индивидуального развития большинства групп беспозвоночных и позвоночных животных, а также эволюционных преобразований этих организмов. В частности, само возникновение билатеральных животных связано с появлением в процессе эволюции *Hox*-генов и пространственно-временной коллинеарностью (последовательностью) их экспрессии (Davidson, 2001).

Очевидно, что объяснить всю сложность становления различий плана строения тела только при помощи генетической регуляции невозможно. Не менее важными для формирования разнообразия строения организмов имеют эпигенетические механизмы. Это наименее изученная проблема регуляции, в том числе и регуляции морфогенезов. Несмотря на то, что установлена роль таких механизмов

эпигенетического контроля, как метилирование ДНК, ацетилирование гистонов, сайленсинг, микроРНК, мобильные генетические элементы, большинство механизмов эпигенетической регуляции индивидуального развития и, прежде всего, контроля формообразовательных процессов остаются недостаточно исследованными в силу сложности данной проблемы. Это касается в наибольшей степени клеточного и тканевого уровней формирования разнообразия плана строения тела различных организмов.

Следует отметить, что разнообразие онтогенезов сочетается с сохранением основных эволюционно закрепленных типов развития, характерных для той или иной группы организмов: сохраняется последовательность стадий индивидуального развития, а также главные особенности отдельных стадий (гастрюляции, органогенезов и др.) у представителей тех или иных таксономических групп. Сочетание разнообразия онтогенезов с сохранением определенных типов развития в пределах отдельных групп организмов (“удержание” разнообразия форм в определенных, свойственных данной группе пределах) служит одной из основополагающих особенностей онтогенетических процессов.

Конференция “Разнообразие онтогенезов: морфологические, физиологические и генетические аспекты”, прошедшая 23–24 ноября 2009 г в Институте биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН, была посвящена обсуждению основных проблем разнообразия онтогенезов животных и растений, а также механизмов, определяющих формирование плана строения различных организмов. В работе конференции приняли участие специалисты из различных институтов РАН и вузов страны: Института биологии развития им. Н.К. Кольцова, Института проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова, Палеонтологического института им. А.А. Борисяка, Ботанического института им. В.Л. Комарова, Института биоорганической химии им. М.М. Шемакина и Ю.А. Овчинникова, Института биологии Карельского НЦ, Института биологии моря ДВО, Московского государственного университета им. М.В. Ломоносова, Санкт-Петербургского государственного университета. Важно отметить, что проблема разнообразия онтогенезов анализировалась с учетом данных различных дисциплин: сравнительной биологии развития, морфологии, генетики, молекулярной биологии, физиологии, палеонтологии, что предопределило успех работы конференции.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Воробьева Э.И.* Evo-Devo и концепция эволюции онтогенеза у И.И. Шмальгаузена // Изв. РАН. Сер. биол. 2010а. № 2. С. 141–148.
- Воробьева Э.И.* Современная эволюционная биология развития: механический и молекулярно-генетический или фенотипический подходы? // Онтогенез. 2010б. Т. 41. № 5. С.
- Гилберт С.Ф., Опиз Д.М., Рэф Р.А.* Новый синтез эволюционной биологии и биологии развития // Онтогенез. 1997. Т. 28. № 5. С. 325–343.
- Корочкин Л.И.* Биология индивидуального развития. М.: Изд-во МГУ, 2002. 263 с.
- Корчагина Н.М., Бакаленко Н.И., Кулакова М.А.* Нох-кластер и эволюция морфогенезов // Онтогенез. 2010. Т. 41. № 5. С.
- Павлов Д.С., Букварева Е.Н.* Биоразнообразие и жизнеобеспечение человечества // Вестн. РАН. 2007. Т. 77. № 11. С. 974–986.
- Рэфф Р., Кофмен Т.* Эмбрионы, гены и эволюция. М.: Мир, 1986. 402 с.
- Северцов А.Н.* Морфологические закономерности эволюции. М.; Л.: Изд-во АН СССР, 1939. 610 с.
- Уоддингтон К.Х.* Морфология и генетика. М.: Мир, 1964. 278 с.
- Холланд П., Гарсия-Фернандес Х.* Гены Нох, эволюция развития и происхождение позвоночных // Онтогенез. 1987. Т. 27. № 4. С. 273–279.
- Шмальгаузен И.И.* Организм как целое в индивидуальном и историческом развитии. М.; Л.: Изд-во АН СССР. 1938. 144 с.
- Davidson E.H.* Genomic regulatory systems. Development and evolution. N.Y.: Acad. Press, 2001. 261 p.
- Garsia-Fernandes J.* Hox, ParaHox, ProtoHox: facts and guesses // 2005a. Heredity. V. 94. P. 145–152.
- Garsia-Fernandes J.* The genesis and evolution of homeobox gene clusters // Nat. Rev. Genetics. 2005b. V. 6. P. 881–892.
- Gilbert S.F.* Developmental biology. Sunderland: Sinauer, 2003. 918 p.
- Gould S.J.* Ontogeny and phylogeny. Cambridge: Harvard Univ. Press, 1977. 231 p.
- Hall B.K.* Evolutionary developmental biology. Dordrecht: Kluwer Acad. Publ., 1999. 219 p.
- Hall B.K.* Evo-devo or devo-evo – does it matter? // Evol. Devel. 2000. V. 2. P. 177–178.
- Hall B.K.* Evo-Devo: evolutionary developmental mechanisms // Int. J. Devel. Biol. 2003 V. 47. P. 491–495.
- Holland P.W.H.* Beyond the Hox: how widespread is homeobox gene clustering? // J. Anat. 2001. V. 199. P. 13–23.
- Lewis E.B.* A gene complex controlling segmentation in *Drosophila* // Nature. 1978. V. 276. P. 565–570.
- McGinnis N., Krumlauf R.* Homeobox genes and axial patterning // Cell. 1992. V. 58. P. 1075–1084.
- Nüsslein-Volhard C., Wieschaus E.* Mutations affecting segment number and polarity in *Drosophila* // Nature. 1980. V. 287. P. 795–801.

Н.Д. Озернюк

E-mail: ozernyuk@mail.ru