

НЕРЕШЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ АНАЛИЗА ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПОСЛЕДСТВИЙ ЧЕРНОБЫЛЬСКОЙ КАТАСТРОФЫ

А.А.СОЗИНОВ
(Институт агроэкологии и биотехнологии
УАНН, Киев)

За прошедшее десятилетие в исследовании генетических последствий Чернобыльской катастрофы достаточно четко можно выделить два этапа. Первый был обусловлен общей априорной уверенностью в том, что главным генетическим последствием экологического стресса является индукция новых мутаций повышенным радионуклидным загрязнением. Накапливалось большое количество экспериментального материала о частоте мутационных событий у разных видов живых организмов, контактирующих с повышенным уровнем радионуклидного загрязнения. В большинстве случаев такие исследования выполнялись на уровне анализа кариотипической изменчивости. Чаще всего изучалась частота встречаемости хромосомных aberrаций. Действительно, у большого количества различных видов, начиная от человека до различных видов растений - у диких, домашних и лабораторных видов было обнаружено увеличение частоты встречаемости хромосомных aberrаций относительно контрольных групп. В отдельных исследованиях наблюдали некоторое подавление активности процессов репарации ДНК. Однако до сих пор не выявлено повышения частоты встречаемости носителей конститутивных (наследуемых) цитогенетических аномалий. Это не обнаруживается даже у таких видов, у которых частота

встречаемости некоторых аномалий, робертсоновских транслокаций, например, относительно высока в обычных условиях в связи с определенной морфологией хромосом. К таким видам относятся, в частности, мыши, крупный рогатый скот.

Большое количество работ было посвящено анализу изменчивости фенотипических характеристик, генетическая обусловленность которой нуждается в довольно глубоких исследованиях, поскольку достаточно часто в ее основе могут лежать токсические (негенетические) повреждения функций различных физиологических систем, нормального протекания онтогенеза.

Выполнявшийся анализ мутационных событий в ядерных структурных генах (на уровне появления новых аллельных вариантов с изменениями в электрических зарядах белковых молекул) до сих пор не выявил повышения частоты таких мутаций, несмотря на то, что было просмотрено большое количество локусов у широкого спектра видов. Американскими исследователями (Baker et al., 1995) было обнаружено повышение аллельного разнообразия по локусу цитохрома В (митохондриальный геном) при анализе представителей *Microtus arvalis* и *M. rossiaemeridionalis*, воспроизводящихся в условиях 30-км зоны Чернобыльской АЭС. Наличие гетероплазмии у млекопитающих, определенная зависимость скорости эволюции митохондриального генома от органо- и видоспецифичных особенностей активности метаболических процессов, возможность быстрого изменения генетической структуры популяций митохондрий под влиянием селективных факторов, описанная у некоторых видов млекопитающих, позволяют предполагать, что и в дан-

ном случае наблюдаемое изменение генетической структуры у животных в зоне экологического стресса обусловлено не появлением новых мутаций, а изменением предпочтительного распространения митохондрий, несущих определенные генотипы по гену цитохрома В. Не следует забывать, что популяция митохондрий внутри одного организма, по-видимому, может иметь не менее сложную генетико-популяционную структуру, чем популяции многоклеточных организмов.

Таким образом, наблюдается очевидное противоречие между наличием признаков, традиционно связываемых с мутационным процессом - увеличение размаха фенотипической изменчивости, хромосомных aberrаций - и отсутствием четко документированного факта фиксации новых мутаций в виде организмов, несущих конститутивные цитогенетические аномалии, новые аллельные варианты ядерных структурных генов.

Очевидно, что само выявление мутационных событий в соматических клетках многоклеточного организма определяется не только скоростью их возникновения, но и темпами элиминации клеток с измененным генетическим материалом. Скорость элиминации таких клеток является тканеспецифичным процессом и находится под контролем ряда физиологических систем целого организма, в частности, его иммунного статуса. Различные функциональные изменения, включая эндокринные, у разных видов млекопитающих, возникающие под влиянием повышенного радионуклидного загрязнения в зоне отчуждения ЧАЭС, наблюдались во многих исследованиях. С генетической точки зрения следствием этого может быть только одно - изменение

характеристик приспособленности организмов, которые определяются вкладом их генов в следующие поколения. Получены, пока немногочисленные, экспериментальные данные, подтверждающие это предположение. Подобные исследования отмечают начало нового, второго этапа в изучении генетических последствий Чернобыльской катастрофы, основным направлением которого становится анализ изменений генофондов видов, размножающихся в зоне загрязнения. Такое "генетическое перерождение" видов - преимущественное выживание наиболее приспособленных к новым условиям среды - может приводить к глубоким изменениям структуры генофондов видов. Катастрофичным, в частности, для межвидовых взаимоотношений, является не только исчезновение вида, но и трансформация его генофонда, при которой генотипы, встречающиеся ранее с минорной частотой - становятся преобладающими. Именно такие изменения структур генофондов видов, попавших в условия экологических катастроф, могут являться определяющими в дестабилизации предсуществующих экосистем.

К сожалению, необходимо отметить, что, по-видимому, в непосредственной связи с социальным кризисом, через который проходят страны СНГ и в условиях которого решаются, в основном, сиюминутные проблемы, вопросы изменений генофондов видов в последующих поколениях под влиянием экологического стресса рассматриваются недостаточно активно. Хотя совершенно очевидно, что без глубокого изучения таких изменений, их видоспецифичности и их механизмов полностью отсутствует реальная возможность разработки каких-либо долгосрочных прогнозов динамики экосистем, испытывающих влияния экологических стрессов и подходов к методам их компенсации. Это касается не только различных домашних и диких видов,

