МЕЖДУНАРОДНЫЙ НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКИЙ РЕЦЕНЗИРУЕМЫЙ ЖУРНАЛ

ISSN 0236-297X

ИММУНОПАТОЛОГИЯ АЛЛЕРГОЛОГИЯ ИНФЕКТОЛОГИЯ

INTERNATIONAL JOURNAL OF IMMUNOPATHOLOGY, ALLERGOLOGY, INFECTOLOGY

В номере

ТРУДЫ II МЕЖДИСЦИПЛИНАРНОГО МИКОЛОГИЧЕСКОГО ФОРУМА

Генетика и грибные геномы. Геносистематика и концепция вида у грибов

Исследования морфологии, физиологии и биохимии. Грибы в условиях стресса

Биологическое разнообразие грибов России. Коллекции и базы данных

Экология грибов и человека. Грибы экстремальных местообитаний и биодеструкторы

Паразитизм и симбиоз. Фитопатогенные и энтомопатогенные грибы. Микориза и лишайники

Грибковые инфекции: от исследований эпидемиологии и возбудителей к новым методам диагностики, лечения и профилактики

Микотоксины и отравления грибами

Новые антимикотики и перспективные фунгициды

Грибные биотехнологии в медицине и промышленности

№1 2010

www.immunopathology.by.ru
www.immunopathology.com

МЕЖДУНАРОДНЫЙ НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКИЙ РЕЦЕНЗИРУЕМЫЙ ЖУРНАЛ

ИММУНОПАТОЛОГИЯ АЛЛЕРГОЛОГИЯ ИНФЕКТОЛОГИЯ

Официальное издание научных организаций

Союз аллергологов и клинических иммунологов стран СНГ ▪ Российская академия естественных наук
Национальная академия микологии ▪ Белорусская ассоциация аллергологов и клинических иммунологов
Институт аллергологии и клинической иммунологии (Москва) ▪ Московское отделение Российской ассоциации аллергологов и клинических иммунологов ▪ Витебский государственный медицинский университет

Рекомендован ВАК РФ и ВАК РБ для публикации материалов докторских и кандидатских диссертаций

Предназначение и тематика журнала

Международный научно-практический рецензируемый журнал «*Иммунопатология, аллергология, инфектология*» выходит 4 раза в год и бесплатно публикует оригинальные статьи, научные обзоры, материалы диссертаций на русском и английском языках по всем разделам имунологии, инфекционной и неинфекционной иммунопатологии и аллергологии медицинской и биологической отраслей нвуки.

Статьи рецензируются членами редколлегии и редакционного совета — ведущими учеными в области иммунологии, аллергологии и инфектологии.

Журнал «*Иммунопатология, аллергология, инфектология*» цитируется и реферируется в реферативных изданиях.

Официальный интернет-сайт журнала с доступом к содержанию, рефератам и полному тексту статей расположен по адресу:
http://www.immunopathology.com

Сведения о подписке

Подписка на журнал «*Иммунопатология, аллергология, инфектология*» оформляется на год (4 номера). Подписные индексы журнала в общероссийском каталоге 41550 (для индивидуальных подписчиков), 10150 (для организаций). Журнал может высылаться наложенным платежом по заказу в редакции. Справки о подписке: тел. (495) 729-9047

Адреса редакции

210602, Витебск, Беларусь, проспект Фрунзе, 27, Медуниверситет
академику РАЕН, профессору Новикову Дмитрию Кузьмичу
Телефон/факс +375 (0212) 22-53-80
E-mail редакции: baaci@mail.ru

103104, Москва, улица Малая Бронная, 20 строение 1
академику РАЕН, профессору Сергееву Юрию Валентиновичу
Телефон (495) 729-9047, факс (495) 203-9088

Все права на публикацию резервированы. Воспроизведение, распространение и любое использование в каком бы то ни было виде части или целого издания не могут быть осуществлены без письменного разрешения редакционной коллегии.

Журнал выходит с 1999 г.
Тираж 1500 экз.
Свидетельство о регистрации государственного комитета по печати РБ № 1382.
Зарегистрирован в Министерстве по делам печати, телевещания и средств массовых коммуникаций РФ: ПИ № ФС77-19-796.

ISSN 0236-297X

INTERNATIONAL SCIENTIFIC BIOMEDICAL PEER-REVIEWED JOURNAL

IMMUNOPATHOLOGY
ALLERGOLOGY INFECTOLOGY

Official publication of scientific societies and organisations

Union of Allergologists and Clinical Immunologists of CIS states ▪ Russian Academy of Natural Sciences
All-Russian National Academy of Mycology ▪ Byelorussian Association of Allergologists and Clinical Immunologists
Institute of Allergology and Clinical Immunology (Moscow) ▪ Moscow Division of Russian
Association of Alllergologists and Clinical Immunologists ▪ Vitebsk State Medical University

EDITORIAL BOARD

Editor-in-Chief

D. K. Novikov (Belarus)

Deputy Editor-in-Chief

Yu. V. Sergeev (Russia)

V. Ya. Arion (Russia)
I. I. Balabolkin(Russia)
A. Yu. Baryshnikov (Russia)
A. V. Karaulov (Russia)
K. P. Kashkin (Russia)
L. V. Kovalchuk (Russia)
N. V. Kungurov (Russia)
V. A. Lyashenko (Russia)
I. V. Nesterova (Russia)
N. V. Medunitsin (Russia)
V. I. Novikova (Belarus)
M. P. Potapnev (Belarus)
N. V. Piven (Belarus)
B. V. Pinegin (Russia)
V. A. Revyakina (Russia)
A. Ya. Rubins (Latvia)
B. F. Semenov (Russia)
V. M. Semenov (Belarus)
A. Yu. Sergeev (Russia)
R. M. Haitov (Russia)

SCIENTIFIC ADVISORY BOARD

L. P. Andriesh(Moldova)
V. M. Berzhets (Russia)
E. G. Bochkarev (Russia)
I. V. Vasilevsky (Belarus)
S. S. Gambarov (Armenia)
N. S. Gurina (Belarus)
R. Dubakiene (Lithuania)
E. A. Dotsenko (Belarus)
I. V. Evsegneeva (Russia)
S. V. Zhavoronok (Belarus)
A. M. Zemskov (Russia)
V. M. Zemskov (Russia)
A. Kondrotas (Lithuania)
V. I. Konenkov (Russia)
V. S. Malyshev (Russia)
R. Ya. Meshkova (Russia)
V. N. Mineev (Russia)
A. A. Mikhailenko (Russia)
L. P. Sizyakina (Russia)
L. P. Titov (Belarus)
L. A. Trunova (Russia)
S. V. Fedorovich (Belarus)
R. A. Khanferyan (Russia)
V. A. Chereshnev (Russia)
E. F. Chernushenko (Ukraine)
A. A. Shortanbayev (Kazahstan)
S. M. Yudina (Russia)

National Academy of Mycology Publishers, Moscow
Dr. L. V. Maticin

Editorial Secretaries

I. I. Generalov (Belarus) P. D. Novikov (Belarus)

Production editor:

L. M. Romanovskaya (Belarus)

ISSN 0236-297X Published since 1999

9 770236 297000

Aims and Scope

The international scientific biomedical peer-reviewed journal «*Immunopathology, Allergology, Infectology*» is especially designed to provide clinicians and biomedical scientists with up-to-date source of information on clinical and experimental research achievements in CIS states and around the world. Published quarterly, the journal offers original research papers, critical reviews and case presentations in Russian and English. While certain volumes may be composed around a given problem or event, regular issues cover infectious and non-infectious immunopathology, basic and clinical allergology, asthma, structure and function of immunity, immunodeficiencies, autoimmunity, opportunistic infections, immunology and allergology of infectious process, vaccinology, oncoimunology, immunology of reproduction, immunodiagnostics, immunotherapy, immunorehabilitation and immunocorrection.

The journal «*Immunopathology, Allergology, Infectology*» is guided by international editorial and scientific advisory board. All published papers are reviewed by peers — distinguished scientists renowned for significant achievements in the fileds of immunology, allergology and infectology.

The journal «Immunopathology, Allergology, Infectology» is indexed, cited, abstracted and/or referenced in several indices and databases. Official website of the journal with access to tables of contents, abstracts and full-textis available on WWW at :

http://www.immunopathology.com

Subscription

The journal «*Immunopathology, Allergology, Infectology*» is available by yearly subscription (4 issues). Subscription index in Russian Federation is 41550. The journal may be mailed by conventional postage or express/air-speed mail delivery outside Russia. To subscribe/order the journal to the locations outside Commonwealth of Independent States, please contact the Editorial office. Rates for individual and institutional subscriptions may differ. Subscription rates depend also on delivery costs and are subject to exchange-rate fluctuations .

Correspondence

Editorial office
Belarus, 210602, Vitebsk, Frunze prospect, 27, Medical University
Professor Dmitri K. Novikov
Tel. +375 (0212) 22-53-80, Fax. +375 (0212) 37-21-07,
baaci@mail.ru
Editorial office Moscow, Russia
Russia, 103104, Moscow, Russia, Malaya Bronnaya str., 20 b. 1
Professor Yuri V. Sergeev
Tel. +(7095) 202-1562, Fax. +(7095) 203-9088

All rights reserved. Microfilm, electronic and optical storing and/or copying, for distribution, advertising or promotional purposes and any other usage other than personal is prohibited without written permission from editorial office.

19 – с томатов, 15 – с культурного картофеля, 5 – с диких видов картофеля (*Solanum papita, Sol. kurtzianum, Sol. schickii* и *Sol. parrodii*). Анализ микроморфологических признаков: длины и ширины корпуса конидии, длины апикального выроста и степени его ветвления, – позволил выделить группу из 4 изолятов, отличающихся от остальных значительно меньшей длиной корпуса (54-68 мкм). Средняя длина корпуса конидии для большинства изолятов колебалась в диапазоне 83-93 мкм. При этом обе группы содержали изоляты различного географического происхождения и были выделены из разных хозяев.

Дифференциация изолятов *A solani* также была проведена с применением молекулярно-генетических методов: UP-PCR с праймерами L45, 15/19, AS4 и AS15inv и RAPD с праймером A10. Кластерный анализ проводили с использованием программы Treecon 3. 1b. На кладограмме изученные изоляты разделились на 6 кластеров разной величины, причём 4 изолята с более мелкими спорами оказались расположенными в разных группах. В тоже время распределение изолятов по кластерам коррелировало с видами растений, из которых были выделены изоляты. Эти результаты согласуются с данными других авторов (Lourenco et al., 2009), которые указывают на значительное генетическое расстояние между популяциями *A solani* с картофеля и томатов. Однако изоляты, выделенные из картофеля, способны заражать томаты и наоборот (Дорожкин и др., 1973; Барлюк и др., 1991; Martinez et al., 2004).

Таким образом, все выявленные нами изоляты, несмотря на морфологические различия, вероятнее всего относятся к одному филогенетическому виду. Наблюдается начало процесса дивергенции *A solani* на два вида, приуроченных к разным экологическим нишам – разным растениям-хозяевам (картофель и томаты).

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (проект 09-04-13753-офи_ц).

ГЕНОСИСТЕМАТИКА И ФИЛОГЕНЕТИКА ЦАРСТВА ГРИБОВ: ПОДХОДЫ И РЕШЕНИЯ

Шнырева А. В.
Кафедра микологии и альгологии МГУ имени М. В. Ломоносова, Москва

В настоящее время при изучении биоразнообразия помимо традиционных подходов, основанных на сравнении фенотипов, объектом исследований служат *генотипы* организмов, т. е. весь комплекс генетической информации, передаваемый из поколения в поколение и реализуемый в ходе онтогенеза. *Геносистематика* (molecular phylogenetics) занимается изучением эволюционной истории организмов по отношению к их общим предкам на основе анализа молекулярных признаков. Большинство филогенетических анализов в царстве грибов сделано на основе кластера рибосомальных генов, обнаруженных в ядерных и митохондриальных геномах. Кластер ядерных генов рРНК представлен структурными генами большой и малой субъединиц рРНК (18S и 25S рРНК), внутренними транскрибируемыми спейсерными участками ITS (internal transcribed spacer) и межгенными спейсерами IGS (internal gene spacer). Структурные гены большой и малой субъединиц более консервативны, поэтому их последовательности используют для установления связей между удаленными таксономическими группами, а также для анализа таксонов более высокого ранга. Более вариабельные спейсерные ITS области между генами субъединиц и межгенные спейсеры IGS используют для изучения связей между видами в пределах родов или для анализа внутривидового разнообразия (популяционный уровень).

В качестве молекулярных признаков могут выступать также и другие кодирующие (например, гены ферментов и структурных белков) и некодирующие последовательности в геномах (например, минисателлитные и другие повторяющиеся последовательности), а в эру геномики – и целые геномы. К числу эволюционно значимых ферментов можно отнести гены, кодирующие ДНК-полимеразы, обратные транскриптазы, транспозазы, монооксигеназы, хитинсинтазы, гены типов спаривания, актиновые и тубулиновые гены и др.. Однако, проводя филогенетический анализ, всегда стоит помнить, что практически невозможно подобрать какую-нибудь определенную универсальную генную последовательность, которая позволила бы установить все таксономические и эволюционные связи организма, и анализ лучше проводить сразу по нескольким генным локусам. Тем не менее, можно утверждать, что геносистематика на основе рДНК последовательностей стала стандартным методом грибной таксономии.

В филогенетике предложено два основных принципиально отличающихся подхода в оценке родственных связей между организмами: по данным состояния бинарных признаков (присутствие или отсутствие признака) и на основе данных секвенирования нуклеотидных последовательностей. Процедура построения деревьев (филограмм) по данным секвенирования состоит из трех этапов: 1/ *sequence alignment* - последовательности разных организмов анализируют путем многократных сравнений соответствия их нуклеотидов по позициям; 2/ *выравнивание последовательностей* – выявление *позиционной гомологии нуклеотидов* в анализируемом наборе последовательностей, так как принцип филогенетического анализа предполагает сравнение *гомологичных* признаков; 3/ собственно построение деревьев. Следует также заметить, что *филогенетически значимыми* считают те изменения в первичных структурах ДНК, которые могут быть учтены при реконструкции филогенеза генотипов организмов. Чтобы систематизировать постоянно растущий массив информации, в Генном банке GenBank созданы и поддерживаются международные публичные базы данных по выровненным последовательностям генов рРНК, ITS последовательностям и другим генам для разных групп живых организмов (ncbi.nih.gov).

Все существующие методы реконструкции филогений можно условно разделить на две основные группы: 1) построения на основе *дистанционно-матричных* методов, в основе которых лежат принципы *нумерической таксономии*, согласно которым родство между организмами определяется по критерию общего сходства, а первичными данными для анализа могут служить данные рестрикционного анализа RFLP, амплификации со случайными праймерами RAPD, AFLP, а также отсеквенированные нуклеотидные последовательности; 2) методы, основанные на анализе конкретных *дискретных признаков* на молекулярном уровне, при которых каждая позиция нуклеотида анализируемой последовательности расценивается как индивидуальный *дискретный* признак. В отличие от дистанционных методов анализ дискретных молекулярных признаков дает возможность получить информацию о конкретных эволюционных событиях на молекулярном уровне, а именно в последовательностях ДНК.

Дистанционно-матричные методы создают кладограммы по принципу объединения наименее отличающихся последовательностей или групп последовательностей. К наиболее часто употребляемым дистанционно-матричным методам относят: невзвешенный парно-групповой метод с арифметическим усреднением (*UPGMA*), метод связывания ближайших соседей (*neigbour-joining, NJ-method*) и производный от NJ-метода новейший метод *neigbour-net (NN-method)* (Felsenstein, 1993). К наиболее часто применяемым *дискретным* методам относят: метод максимальной парсимонии (*maximum parsimony, MP-method*), метод максимального правдоподобия (*maximum likelihood, ML-method*) и недавно появившаяся разновидность *ML*-метода - Байесов метод.

Основополагающим принципом в любой филогенетической реконструкции является положение о том, что эволюционный путь состоит из *минимального* числа шагов. Поэтому принцип максимальной экономии (или парсимонии) постулирует, что эволюционный путь каждого дискретного признака должен сопровождаться наименьшим числом его преобразований, следуя которому, возможно выстроить схемы родственных отношений. Принцип максимальной парсимонии является универсальным *кладистическим методом*, который позволяет анализировать любые сравнительные базы данных - морфологические, физиологические, молекулярные и даже поведенческие (Swofford, Olsen, 1990). Предложены также методы оценки достоверности реконструированных деревьев. Наиболее часто используемым методом является *метод бутстреп-анализа* (bootstrap analysis), который фактически оценивает *надежность* индивидуальных узлов и ветвей на построенном дереве, т. е. статистически оценивает достоверность дерева.

Итак, какие же выводы можно сделать? Сегодня для всех геносистематиков остается очевидным, что длина анализируемого участка ДНК должна измеряться многими тысячами и даже десятками тысяч нуклеотидов, и анализ эволюции одного гена недостаточен для надежных филогенетических построений и выводов. Современные методы геномики уже сейчас позволяют сопоставлять целые ядерные геномы и геномы органелл различных организмов. Однако даже такие сравнения не всегда способны дать однозначный ответ о происхождении и путях эволюции тех или иных групп организмов в силу пока еще ограниченности данных по секвенированию целых геномов и их аннотации.