

НОВОСТИ НАУКИ

ПЕРВЫЙ ПОЛНЫЙ СИКВЕНС ГЕНОМА CRAIG VENTER

Пионер в области геномики Craig Venter, имя которого всегда вызывает множество споров, секвенировал свой собственный геном. В сообщении, опубликованном S. Levy et al. PLoS Biol. 5, e254, 2007, освещаются некоторые особенности проведенного секвенирования. Группа под руководством Venter отобрала отдельно последовательности, принадлежащие обоим хромосомам в каждой из 23 пар хромосом, найденных в его клетках, и представила первые данные по полиморфизму внутри отдельного генома.

Сиквенс гена ABCC11, например, указывает, что ушная сера Venter, скорее, будет влажной, нежели сухой. Еще одно открытие, которое, вероятно, разочарует некоторых критиков ученого индивидуалиста, - Venter имеет четыре повторяющиеся последовательности, расположенные как раз перед геном MAOA. Наличие только трех повторений часто ассоциируется с повышенным риском антиобщественного поведения. Сиквенс APOE у Craig Venter связан с более высоким риском сердечно-сосудистых заболеваний и болезнью Альцгеймера, а его SORL1 ген содержит несколько вариантов, которые также ассоциируются с болезнью Альцгеймера.

Поклонники Craig Venter могут узнать больше о его семье и "личной геномике" из книги *"A Life Decoded"*, которая в ближайшее время будет опубликована. В своей книге Venter поместил ссылки о том, как его последовательность генома могла бы повлиять на всю его жизнь.

Сиквенс генома Venter также представляет важную новую информацию о геноме человека в целом. В предыдущих попытках секвенировать геном не проводилось существенное различие между двумя копиями каждой хромосомы или между ДНК от разных доноров. По словам Samuel Levy, возглавившего исследования в J. Craig Venter Institute (Rockville, Maryland), ученые смешивали аллели, обращаясь к последовательностям ДНК в определенных участках хромосомы, и создавали т.н. "Франкенштейн-версии" хромосом.

Имея в запасе дополнительные 13 миллионов последовательностей, добавленных к 19 миллионам, генерированных из собственной ДНК Venter во время первого геномного проекта, и новые алгоритмы по отбору сиквенсов из различных версий одной хромосомы, S. Levy и его группа смогли "увидеть" возможные варианты внутри генома. Они обнаружили более 4 миллионов вариантов между этими двумя последовательностями, включая различия в отдельных нуклеотидах, сиквенс-включениях, делециях и различия в количестве копий одного гена. 44% генов Venter содержали генетическое различие между копиями, обнаруженными на каждой хромосоме. Два набора хромосом Venter отличались на 0,5%, предполагая, что вариантов ДНК может быть в семь раз больше, чем ожидалось.

По мнению Edward Rubin, директора Joint Institute в Walnut Creek (California), такой подход представляет более четкую, полную картину генома человека.

По мнению Venter, отдельные генетические изменения, вряд ли, повлияют на его судьбу. Он относится к этому очень серьезно, однако большинство заболеваний становятся огромной компиляцией человеческих факторов и факторов окружающей среды.

ПРОЕКТИРОВАНИЕ СИНТЕТИЧЕСКОГО ГЕНОМА

Если компьютер не отвечает необходимым требованиям, следует поставить новую операционную систему. Carole Lartigue и соавторы из J. Craig Venter Institute (Rockville, Maryland) доказали, что такая же концепция приемлема для живых клеток [1].

Своим открытием, которое ознаменовало зарождение организмов, перепроектированных "с нуля", авторы заявили о трансплантации полного генома между биологическими видами. Они переместили геном из одной бактерии (*Mycoplasma mycoides*) к другой бактерии (*Mycoplasma capricolum*) и показали, что клетки-реципиенты могут окружать новый геном - в действительности, быть трансплантантом, преобразующим один биологический вид в другой.

Геном организма может быть полностью заменен на синтетический геном, "собранный" по технологии синтеза ДНК. Ученые из Venter Institute надеются идентифицировать "минимальный" геном *Mycoplasma*: т.е. наименьший набор генов, который сможет поддерживать жизнеспособность организма [2]. В настоящее время у группы ученых есть заявка на патент минимального бактериального генома в 381 ген, идентифицированного в *Mycoplasma genitalium*, представляющего собой "остатки" от 485 генов этого организма, остальные признаны "несущественными".

Такой "раздетый" геном представляет своего рода "шасси", на котором могут быть спроектированы организмы с новыми функциями путем объединения с генами других организмов - например, с генами, кодирующими клеточные ферменты и ферменты гидрогеназы для создания клеток, которые соответственно разрушают растения и генерируют водород.

Исключительно маленький геном *Mycoplasma genitalium* может стать основой для проектирования такого синтетического генома [2]. Однако у него есть некоторые недостатки: особенно низкий коэффициент роста и обязательное наличие сложной среды роста. Это паразит клеток половых путей, и он не может существовать самостоятельно. Кроме того, его генетические корректирующие механизмы нестабильны, что способствует быстрому появлению мутаций. Рост *M. mycoides* и *M. capricolum* - патогенов-возбудителей заболеваний крупного рогатого скота осуществляется быстрее, деление клетки происходит около двух часов.

Включение "чужой" ДНК в клетки происходит естественно, например, когда вирусы перемещают ДНК между бактериями. И в биотехнологии, искусственные плазмиды обычно транспортируют в микроорганизмы при помощи таких методов, как электропорация, и размещают их вдоль клеточных стенок. В этих случаях плазмиды и хромосомы клетки-хозяина сосуществуют и реплицируются независимо. Осталось неясно, в каком объеме трансфекционная ДНК может вызывать изменения фенотипа в клетках хозяина, то есть полную трансформацию характеристик биологического вида. Два года назад Itaya и соавторы [3] транспортировали почти весь геном фотосинтетической бактерии *Synechocystis* PCC6803 в бактерию *Bacillus subtilis*. Но большинство из добавленных генов были "выключены", и фенотип клеток остался неизменным.

Трансплантация генома микоплазмы относительно проста, поскольку у этих организмов отсутствует бактериальная клеточная стенка, а есть только липидная бислойная мембрана. Lartigue и соавторы [1] извлекли геном *M. mycoides* путём удерживания бактериальных клеток в агарозном геле и дальнейшим инкубированием белкового материала с протеазами. Этот процесс не затрагивает круглые хромосомы, фактически лишённые белка и защищенные от протеаз агарозной оболочкой. Полученный генетический материал перемещали в клетки *M. capricolum* в присутствии полиэтиленгликоля, вещества, которое известно своей способностью к слиянию эукариотических клеток. По мнению Lartigue, некоторые клетки *M. capricolum* могут объединяться вокруг открытых геномов *M. mycoides*.

Исследователям не пришлось удалять реципиентную ДНК перед добавлением донорской; вместо этого, они добавили ген устойчивости к антибиотикам в донорский геном *M. mycoides*. В присутствии двух геномов не потребовалось никакой стимуляции репликации прежде чем клетки реципиента начали делиться: одна дочерняя клетка имела ДНК *M. capricolum*, другая - ДНК *M. mycoides*. Однако в присутствии антибиотика выжила только последняя. Некоторые колонии *M. capricolum* развивались в пересаженных клетках спустя десять дней, возможно, потому что их геномы повторно объединялись с резистентным к антибиотик *M. mycoides*. Но у большинства клеток и всех тех клеток, которые сформировались в первые несколько дней, генотип и фенотип принадлежал *M. mycoides*.

Главный вопрос, который интересует ученых, - сколько изменений сможет претерпеть трансплантант? Какое перепрограммирование возможно? ДНК последовательности *M. mycoides* и *M. capricolum* совпадают только на 76%, поэтому нельзя гарантировать, что молекулярные механизмы одной бактерии способны функционировать на геноме другой.

ЛИТЕРАТУРА

1. *Lartigue C., Glass J.I., Alperovich N., et al.* (2007) Genome transplantation in bacteria: Changing one species to another. *Science*, **316**(5833), 1827.
2. *Fraser C.M., Gocayne J.D., White O., et al.* (1995) The minimal gene complement of *Mycoplasma genitalium*. *Science*, **270**(5235), 397-403
3. *Itaya M., Tsuge K., Koizumi M., Fujita K., et al.* (2005) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **102**(44), 15971-15976.

СКОРОСТЬ ИССЛЕДОВАНИЯ ДНК КАЧЕСТВЕННО ВОЗРАСТЁТ БЛАГОДАРЯ СЕКВЕНИРУЮЩИМ МАШИНАМ ТИПА 1G

Новое поколение секвенирующих машин открывает новые горизонты для пользователей. Различные научные группы недавно провели эпигенетические исследования, по-новому взглянув на изменения в геноме, способные контролировать его экспрессию. Подобные исследования невозможно осуществить на практике с использованием устаревших технологий.

Новейший подход в этой области позволяет "вылавливать" всю ДНК, связанную с определенным маркером, например, одним из гистоновых белков, используемых для "упаковывания" генов в хромосомы. Вместо того, чтобы сравнивать каждый участок ДНК с предварительно выделенными последовательностями, как это обычно принято, теперь ученые просто секвенируют весь фрагмент ДНК целиком.

Основой для этого метода послужила новая технология компании "Solexa", которая в этом году объединилась с компанией "Illumina" (San Diego). По словам Steven Jones, помощника директора "Genome Sciences Center" (British Columbia Cancer Agency, Vancouver), эти машины производят ошеломляющее количество секвенируемой ДНК. "Неспешно работая", машина 1G Solexa могла бы утроить общее количество последовательностей ДНК, содержащихся в базе данных GenBank, всего за один год.

Группа под руководством Steven Jones решила исследовать изменения гистонов, контролирующие читаемые участки ДНК [1]. Ученые из Broad Institute (Cambridge, Massachusetts) и Massachusetts General Hospital (Boston) использовали

машину Solexa для изучения двух видов гистоновых модификаций в клетках мышей. Их сообщение опубликовано в режиме on-line в журнале "Nature" 1 июля 2007 года [2] и подробно описывает, как эти модификации меняются во время развития и влияют на поведение клетки: делают ее устойчивой к неблагоприятным изменениям или наоборот.

По мнению Bradley Bernstein, патолога из Massachusetts General Hospital, который совместно с директором Eric Lander возглавляет эту работу, замечательно прежде всего то, что теперь появилась возможность изучения состояния клетки новым высококачественным способом. Раньше ученые не могли добиться подобных результатов в масштабе генома.

По словам Keji Zhao (US National Heart, Lung and Blood Institute, Bethesda, Maryland), это достижение представляет новую биологию уже в ином свете. Группа под руководством Zhao использовала новую технологию для расшифровки информации, закодированной двумя типами эпигенетической "маркировки", возникающей в результате добавления метиловых групп к ДНК. По мнению Zhao, ученые способны всего за один день каталогизировать все негенетические изменения, контролирующие экспрессию генов в различных клетках и на всех этапах развития. Достижения поистине ошеломляющие: группа Zhao заказала свою первую машину Solexa только в январе, а опубликовала результаты уже в мае 2007 года [3].

Помимо эпигенетики ученых привлекают и другие проекты. Например, в мае этого года пионер в области геномики James Watson представил миру геном [4], секвенированный при помощи технологии "454Life Sciences", компании из Branford (Connecticut), владельцем которой стала Roche Diagnostics и получила в свое ведомство такие институты как US National Human Genome Research Institute. Последний серьезно задумывается над секвенированием полных геномов сотен и даже тысяч людей. Новая технология также может быть использована для идентификации новых организмов, таких как бактерии, живущие в сложных микробных сообществах.

Однако, по мнению Lander, всё это потребует кропотливой работы по мере того, как ученые определятся, как лучше использовать последние достижения. Новые технологии "вычитывают" более короткие участки ДНК по сравнению со старым поколением секвенсеров. Необходимо разработать новые методы для подготовки образцов и сборки этих коротких "считок" в целый геном. По мнению Lander, первые два года придется очень трудно, поскольку ученым предстоит подогнать старые и по своему важные методы под новые реалии. Lander надеется, что результат проделанной работы превзойдет все ожидания.

ЛИТЕРАТУРА

1. Robertson G., Hirst M., Bainbridge M., et al. (2007) Genome-wide profiles of STAT1 DNA association using chromatin immunoprecipitation and massively parallel sequencing. *Nature Methods*, **4**, 651-657.
2. Mikkelsen T.S., Ku M., Jaffe D.B., et al. (2007) Genome-wide maps of chromatin state in pluripotent and lineage-committed cells. *Nature*, **448**, 553-560.
3. Barski A., Cuddapah S., Cui K., et al. (2007). High-resolution profiling of histone methylations in the human genome. *Cell*, **129**, 823-837.
4. Check E. (2007) Celebrity genomes alarm researchers. *Nature*, **447**, 358-359.

ПЕРЕСМОТРЕНА СИСТЕМА ЭКСПЕРТНОГО АНАЛИЗА

Полувековая система экспертного анализа, используемая Национальными институтами здоровья США (NIH), бюджет которых составляет 29 миллиардов долларов, устарела. Она стала несколько "растянутой" в условиях сегодняшней стремительно развивающейся науки, в которой мультидисциплинарные заявки на получение грантов вошли в обычную практику и документы подаются в огромном объеме, и лаборатории с одним грантом давно ушли в прошлое.

Двадцать лет назад около 1800 рецензентов оценивали заявки на предоставление грантов в NIH Center for Scientific Review (Центр Научного Рецензирования), который контролирует большую часть проводимых агентствами экспертных оценок; сегодня их количество составляет более 18000. Для проведения независимого экспертного анализа по целому ряду мультидисциплинарных грантов к работе привлекались опытные рецензенты. С огромным объемом работы им помогали справиться более молодые специалисты.

Эта непростая ситуация еще больше усложнилась с наступившим замораживанием финансирования NIH, что привело к ужесточению позиций фондовых комитетов относительно финансирования грантных заявок. Система должна быть пересмотрена и усовершенствована. Центр Научного Рецензирования уже попытался найти поддержку у некоторых научных сообществ и провел ряд изменений, например, более короткие сроки рассмотрения грантов и применение электронных средств обработки документов.

В июне 2007 года директор NIH Elias Zerhouni внес предложение реструктурировать независимую экспертную оценку в NIH, отразив необходимые первостепенные потребности. Группа старших должностных лиц NIH и группа приглашенных именитых ученых столкнулись с простой, на первый взгляд, задачей: гарантировать финансирование лучших научных грантов с привлечением лучших ученых и максимально облегчить административные трудности.

Летом 2007 года эти идеи широко обсуждались на совещании руководителей научного сообщества в Вашингтоне. Затем последовали встречи в Чикаго, Нью-Йорке и Сан-Франциско. На протяжении двух месяцев принимались электронные комментарии происходящего (всего около 2000 мнений). Две группы представили конкретные предложения по запуску пилотных экспериментальных проектов весной 2008 года. Они обращаются с просьбой о "творческих", даже "радикальных" идеях, намереваясь выбрать из множества предложений только лучшие.

Тем не менее, хорошие идеи попали в категорию "популярных" идей: есть серьезные аргументы в пользу сокращенных сроков подачи заявок и регулярного "мостикового" финансирования для наблюдения за исследователями в "межгрантовый" период. Необходимо также гарантировать, чтобы в ходе исследований основное участие принимали квалифицированные опытные специалисты, поскольку их оценка и вклад в работу бесценны.

Ученые, получающие гранты в NIH, должны оказать содействие, если агентство попросит их о помощи с обязательным условием о том, чтобы это не помешало их основной деятельности и возможным вознаграждением в форме увеличенного финансирования их собственных грантов. Возможно, такая система станет гарантом привлечения и возвращения лучших в своей области специалистов.

Предложение, выдвинутое Ассоциацией американских медицинских колледжей, позволит ученым подавать за один раз только одну заявку. Многократные гранты также могут быть предоставлены одному ученому, однако он подает единственную заявку на рассмотрение независимых экспертов. Это обеспечит более тщательный отбор лучших предложений из множества представленных. Для осуществления полноправного рабочего процесса период

рассмотрения финансирования должен будет составить шесть месяцев вместо существующих десяти. Такое сокращение в любом случае необходимо и уже начинает применяться.

Такой радикальный подход может только помочь ученым сориентироваться в огромном потоке поступающих заявлений, и на сегодняшний день это лучшее решение.

НА ПУТИ К НОВЫМ ЛЕКАРСТВЕННЫМ ПРЕПАРАТАМ

Грядущее десятилетие должно ознаменоваться появлением нового поколения безопасных, эффективных и недорогих лекарств для лечения многих инфекционных заболеваний, которые особенно широко распространены среди малоимущих слоев населения. Для достижения поставленных целей прежде всего необходимо решить проблему нехватки жизнеспособных промышленных рынков, расширить масштабы исследований и разработок во всем мире и модернизировать процесс создания новых препаратов, сделать его более эффективным и доступным. Необходимым условием является руководящая роль правительств в координировании политических проблем мирового здравоохранения и благотворительного финансирования, технологической оснащенности и новых возможностей научного прогресса.

В июне 2007 года в Noordwijk (Нидерланды) состоялся международный форум под эгидой Организации экономического сотрудничества и развития (OECD - это международная экономическая организация, в которой участвуют 29 стран, главным образом, развитых государств: США, Япония, Канада, отдельные страны ЕС и Евросоюз в целом) по проблемам инфекционных заболеваний, которым уделяют мало внимания. На встрече присутствовали официальные представители правительственных, промышленных и научных кругов, а также благотворительных, международных и неправительственных организаций. Они обсуждали возможности всесторонней международной поддержки в вопросах разработки и поставки новых лекарственных препаратов, вакцин и диагностических тестов для заболеваний, которые особенно распространены в развивающихся странах. Noordwijk Medicines Agenda приводит итоги конференции (http://www.nature.com/nature/journal/v449/n7159/box/449164a_BX1.html).

Участники форума заявили, что многие проблемы здравоохранения в развивающихся странах не могут быть решены только благодаря новым технологиям: по-прежнему остается актуальной проблема сокращения уровня нищеты и ее последствий. Форум призвал правительства объединиться с компаниями-разработчиками препаратов (PDPs), инвесторами, акционерами, межправительственными и неправительственными организациями для укрепления сотрудничества, которое будет способствовать развитию общедоступных технологий для лечения инфекционных заболеваний.

Несколько экспериментов с использованием так называемых "push" and "pull" механизмов (продвижение, протекция) проводились, начиная с 2000 года для поощрения нововведений в борьбе против инфекционных заболеваний. Такие механизмы способствуют увеличению инвестиций в область научных исследований в самом начале разработок: например, субсидируя затраты, понесенные при разработке препаратов для нерентабельных и "непрогнозируемых" рынков. Наиболее многообещающие новые "push"-механизмы вовлекают государственные и частные компании по разработке лекарств, которые оптимизируют структуру наиболее перспективных соединений и осуществляют отбор кандидатов, проводят клинические испытания разработанных препаратов.

Более десятка существующих компаний PDP финансируются, главным образом, благотворительными организациями. Другие "push" механизмы включают финансирование фундаментальных исследований, фонды R&D (например, Industry R&D Facilitation Fund: <http://www.wellcome.ac.uk/assets/wtx026592.pdf>) и налоговые кредиты.

"Pull"-механизмы, - например, механизм перспективных рыночных обязательств (AMCs), продления патентов, поощрения и приобретения патентов компаниями - разработаны для стимулирования развития и производства прикладных технологий в конце "инновационного пути". Инвесторам гарантируют обязательное вознаграждение за произведенный продукт после его разработки. "Pull"-механизмы политически привлекательны, поскольку они отвечают насущным требованиям (например, недостаток рынка), ориентируются на конечный результат и ограничены по времени и затратам. В теории, "pull"-механизмы должны способствовать широкому разнообразию предложений по разработке и созданию лекарств в конкурентоспособном процессе, однако, они наиболее уместны, когда "технологический маршрут" точно обозначен. В начале 2007 года был запущен экспериментальный проект по разработке вакцины против пневмококковых заболеваний с рыночным обязательством в 1,5 миллиарда долларов (5 стран-участниц проекта и the Bill&Melinda Gates Foundation). Также планируется рыночный проект по разработке вакцины против малярии. По завершению разработок эти фонды субсидируют закупку вакцины, отвечающей определенным требованиям и при наличии на нее спроса со стороны развивающихся стран.

Правильное использование "push and pull" механизмов, включая субсидии и рыночные гарантии, может облегчить разработку новых вакцин и лекарств для заболеваний, которым уделяется мало внимания. До сих пор неизвестно, к чему может привести оптимальное сочетание этих двух стратегий. Необходимо упорядочить соответствующую систему оценки выполняемых работ и обозначить различные стимулы, которые будут применяться в широком диапазоне заболеваний и методах лечения.

Необходимо более фундаментальное преобразование вводимых новшеств для увеличения количества промышленных и общественных лабораторий, задействованных повсеместно в процесс научных исследований инфекционных заболеваний, и их максимальной эффективности. К счастью, этот процесс уже начался.

Недостаточно отлаженная инновационная система может стать серьезным препятствием на пути разработок соответствующих технологий здравоохранения для развивающихся стран. Такие недоработки могут возникнуть на уровне оптимизации производства, рациональной идентификации и выбора лекарственных кандидатов из существующего набора составов, в клинических испытаниях, опробуемых новых препаратов и терапевтические методы. В частности, исследования определенных стадий переработки и внутренняя работа по проверке концепций, в ходе которых может быть создан целый "конвейер" возможных новых лекарственных продуктов, оставляют желать лучшего.

Компании-разработчики преодолевают эти трудности путем привлечения внешних ресурсов для решения собственных проблем. Специальная программа исследований и тренингов по тропическим заболеваниям (TDR) представляет единственную организацию, которая фактически разрабатывает действенную систему создания лекарственных препаратов, используя серии документов, научных работ, скрининги и различные средства медицинской химии.

Более открытое и тесное сотрудничество в области исследований и разработок лекарств увеличит эффективность и снизит стоимость новых, безопасных препаратов, вакцин и диагностических инструментов посредством инновационных сетей (<http://www.nature.com/nature/journal/v449/n7159/full/449166a.html>). Для этого необходимо стараться сохранять равновесие между стимулированием инноваций и обеспечением более широкого доступа к знаниям. Существует несколько способов, например, организации по сбору, классификации и распространению

информации, услуг, патентные объединения и организационные формы (сети и консорциумы), которые бы облегчили доступ к базам данных. Основная задача - применить накопленные знания для лечения инфекционных заболеваний. Предлагается создать всемирный портфолио приоритетных лекарственных проектов и доступный компьютерный портал для обмена данными; это позволяет объединять потенциальных соратников проекта, предоставлять привилегированный доступ к данным химиогеномики, разрабатывать платформы интеллектуальной собственности и развивать сферу управления.

Понятие "открытый", применяющееся в инновационной системе, не обязательно означает свободно доступный источник и отсутствие защиты интеллектуальной собственности. Noordwijk Medicines Agenda признает, что защита и использование прав интеллектуальной собственности важны для поощрения инвестиций в области исследований и разработок, однако они не могут обеспечить достаточное стимулирование инноваций, особенно в области стремительно растущих инфекционных заболеваний. Права интеллектуальной собственности должны строго соблюдаться (<http://www.nature.com/nature/journal/v449/n7159/full/449174a.html>) для привлечения и расширения промышленного сектора в таких сетях открытого доступа, однако нормы и правила могут быть пересмотрены в пределах отдельной сети. Интеллектуальная собственность, созданная "виртуальными командами" в пределах одной открытой сети, будет защищаться так же, как в любой другой частной или общественной организации.

В идеале стандартные соглашения о сотрудничестве ускорили бы своевременное и быстрое принятие совместных мер. Один из предполагаемых вариантов: права интеллектуальной собственности для любых успешно произведенных лекарств-кандидатов будут лицензированы и переданы в пользу компании, спонсирующей разработки в начале программы клинического развития. Предложенная модель сети "открыта" в том смысле, что она обеспечивает более широкий доступ к данным, знаниям и изобретениям в пределах всемирной сети исследователей. Она должна функционировать и в пределах существующего режима интеллектуальной собственности.

Для фармацевтической промышленности, компаний-разработчиков и других организаторов совместного проекта рынок лекарственных препаратов для лечения и профилактики инфекционных заболеваний в развивающихся странах представляет собой одновременно и трудную задачу, и открывает новые возможности. Непривлекательные низкодоходные рынки (с низкой разницей между себестоимостью и продажной ценой) могут стать "плодородной почвой" для взращивания инновационной системы. С более низким ростом дохода, прогнозируемым для фармацевтической промышленности в грядущем десятилетии, сдерживание стоимости становится всеобъемлющей проблемой для всей промышленности в целом.

Экономическая прибыль непосредственно от самой разработки и лицензирования лекарств-кандидатов для лечения инфекционных заболеваний относительно невелика. Развитые страны должны извлечь пользу из полученного "урока" на примере низкзатратного производства лекарств для развивающихся стран. Взаимодействие "сетей" как появляющейся модели создания лекарственных препаратов по праву может стать важнейшим нововведением.

Важнейшим приоритетом в перестраивании инновационной системы должна стать своевременная доставка лекарств для лечения инфекционных заболеваний малоимущим слоям населения. Правительства могут и должны использовать эту возможность для продвижения более эффективной инновационной стратегии исследований и разработок, которая отвечает глобальным потребностям здравоохранения.

По материалам журналов "Science" и "Nature" при участии Рыженковой О.Н.