

## Kolejna małpa rozszyfrowana

Ten, może niezbyt elegancki, tytuł nasunął mi artykuł w naukowym tygodniku *Nature* o rozszyfrowaniu genomu orangutana. Wraz z szympansem i gorylem tworzą grupę małp człekokształtnych, a ich genomy porównuje się z genomem człowieka. Na wyspach Borneo (50 tys. osobników) i Sumatra (7,5 tys.) żyją dwa różne gatunki orangutana (człowiek z lasu), które ewolucyjnie rozstały się 400 tys. lat temu. Jedynym naturalnym wrogiem orangutanów jest człowiek.

Genom orangutana jest identyczny z ludzkim w 97% (szympansa w 99%). Takie porównania pozwalają na ewolucyjne wnioski, a nawet na zaprojektowanie *in silico* pradawnego zestawu chromosomów dla hipotetycznego przodka ludzi i małp człekokształtnych. Rozdzieliliśmy się z orangutanem 16–12 milionów lat temu, z szympansem 6–4,5 mln lat. Zwróćmy uwagę na skalę czasu: nasz gatunek, *H. sapiens* istnieje od 200 tys. lat i w tej skali niepewność o 4 miliony wydaje się ... dość nieprecyzyjna.

Każde rozgałęzienie linii ewolucyjnej pozostawia oba gatunki na odrębnych, własnych drogach. Przez 16 milionów lat orangutan, szympanś i człowiek ewoluowały w różnym tempie (a raczej ewoluowały genomy ich przodków). Genom orangutana okazał się najbardziej stabilny, genom człowieka – po oddzieleniu się od linii szympansa – najbardziej zmienny. Ludzie i szympansy tracili lub zyskiwali nowe geny dwa razy częściej niż orangutany. Zadziwia fakt, że w niektórych fragmentach genom orangutana jest bliższy ludzkiemu. Widocznie od momentu rozejścia się linii ewolucyjnych człowieka i szympansa ten ostatni zgubił ze swojego genomu pewne odcinki wspólne z orangutanem, a człowiek je zachował.

Ważny wkład do rozważań ewolucyjnych wnosi także analiza genomów małp z Borneo i Sumatry – można spojrzeć z pozycji cząsteczek na proces powstawania gatunków. A obok tych wyników ciśnie się dodatkowa refleksja.

Jeszcze niedawno analizy pojedynczego genu mógł się podjąć jeden człowiek. Ale parę lat temu wymyślono nowe metody analityczne, które przyspieszyły gromadzenie danych wieleset razy. Z komputerów sterujących takimi maszynami spływa wieleset razy więcej danych w jednostce czasu. Powstały nowe systemy opracowań takich danych, aby stały się wynikami. Rozwinęto metody charakterystyki populacji, równoległej analizy danych, udostępniono wiedzę dotyczącą setek genomów już oznaczonych i zachowywanych w licznych bazach danych. Porównywanie genomów „ruszyło z kopyta”.

Zupełnie inne są w tej chwili wymagania stawiane ważnej pracy z genomiki, ponieważ jej wartość mierzy się nie liczbą oznaczonych sekwencji, lecz wnioskami, które z tych sekwencji płyną. Jednocześnie, aby praca była wiarygodna, trzeba odsłonić całą „kuchnię” uzyskiwania wyników. To dlatego publikacja w *Nature* liczy sobie kilka stron, ale „Suplement” dostępny w Internecie ... stron 90! Genom orangutana badano w 30 instytucjach, brało w tym udział ponad 100 osób, wiadomo też, kto jaką część pracy wykonał i za nią odpowiada.

Tak skończyła się biologia molekularna mojej młodości. W tej skali zespołowych badań pojedynczy człowiek może się czuć jedynie śrubką skomplikowanej konstrukcji. Znika indywidualna twarz twórcy i tylko tak można utrzymać tempo w światowym wyścigu.

Za prace w dziedzinie genetyki człekokształtnych Nagrodę Nobla może dostać tylko ten, kto obejmie intelektualnie i po nowemu skomentuje swoje i cudze wyniki. Moim kandydatem jest Svante Pääbo, badacz kopalnego DNA i genomu Neandertalczyka. Pääbo ucieszył się z komunikatu o orangutanie.

Centrum Studiów Zaawansowanych  
Politechniki Warszawskiej  
i Stowarzyszenie na rzecz Edukacji  
Matematycznej zapraszają licealistów,  
nauczycieli i wszystkich innych  
zainteresowanych na

### Wykłady popularne z matematyki

Michał Wojciechowski *Co widać  
w bazgrołach?*

Michał Budzyński *Parkietaż Penrose'a*

Barbara Roszkowska-Lech *Kolorowa  
kryptografia*

czwartek, 7.IV.2011, godz. 16:30–19:30,  
sala 134, Gmach Główny Politechniki  
Warszawskiej, pl. Politechniki 1,  
wstęp wolny

<http://www.csz.pw.edu.pl>  
<http://www.sem.edu.pl>

