

## Poziom ekspresji ważny nie tylko w sztuce

Stale powracające pytanie do genetyka to pytanie o istnienie genu „na coś”, czyli genu warunkującego jakąś cechę, oraz o to, dlaczego genetycznie podobni (my między sobą, my z małpami człekokształtnymi), jednak jesteśmy tak różni. Nasza nauka powoli stara się na takie pytania odpowiadać.

Ostatnio zafascynowała mnie publikacja, w której porównywano już nie tylko geny, ale także ich produkty w różnych gatunkach ssaków i w różnych ich tkankach. Okazuje się, że ewolucję śledzić można nawet na poziomie narządu i tkanki za pomocą badań molekularnych, dających odpowiedź na pytanie, jak różni się tempo powstawania różnych cząsteczek, w różnych okolicznościach w dobie obecnej. Dzisiejsze różnice wynikają z drogi ewolucyjnej, którą przeszły gatunki, a jej przebieg w zakresie fragmentów organizmów wpływał na ich, dziś obserwowaną, pozycję ewolucyjną.

Zdefiniujmy najpierw produkty genów. Gen to materialna informacja o tym, że istnieje pewna cecha. Sam gen tej cechy nie tworzy, on po prostu jest, jak Himalaje! Aby informacja została zrealizowana, muszą powstać (przez wiele etapów przejściowych) dwa rodzaje cząsteczek – RNA i białko. Białko jest narzędziem wykuwającym cechę. Ewolucjonista molekularny może zatem badać budowę istniejących genów, jak też wytwarzanych na ich podstawie RNA i działających w organizmie białek. Nawet dla pełnienia tych samych funkcji (ogólnie definiowanych) zauważamy różnice w budowie i genów, i kodowanych przez nie RNA oraz powstających dzięki aktywności RNA białek. Cała ta analiza nie bierze pod uwagę dynamiki procesów realizacji informacji, tzn. ile i w jakim czasie powstaje cząsteczek RNA i ile białka. Jest oczywiste, że różnice tego rodzaju także odbijają się na końcowej funkcji. Można było przypuszczać, że będą różne w różnych gatunkach. Mniej oczywiste były różnice między narządami jako miarka ewolucji gatunku.

Okazało się, że jest to szerokie pole do nowych stwierdzeń i odkryć. Badania, o których się obecnie pisze, stały się możliwe dzięki stworzeniu nowych, subtelných, szybkich mikroskalowych badań dynamicznych cząsteczek RNA, posłańców informacji genetycznej. Zbadano średnią zawartość takich RNA w sześciu wyspecjalizowanych narządach ssaków, w 10 różnych gatunkach oraz w kontrolnych ptakach (kury). Szybkość wyrażania się informacji genetycznej (ekspresja genów) w planie ewolucyjnym była różna w zależności od narządu, rodzaju komórek, nawet chromosomów! Różnice tego rodzaju były znaczące w męskich jądrach, w mniejszym stopniu charakteryzowały tkankę nerwową, były mniej intensywne u gryzoni niż u małp i stekowców. Relatywnie duże różnice w ekspresji genów charakteryzują chromosom płciowy, X.

Tu wracam do osobistego wydarzenia. Dziennikarz pytał mnie dziś, czy prawdziwe jest oświadczenie piłkarskich menadżerów w Wielkiej Brytanii, że badać będą genetyczne uwarunkowania podatności na kontuzje potencjalnych zawodników. Czytelnik tego tekstu, mam nadzieję, już rozumie, że genetyka do takich badań jeszcze nie dojrzała. Trzeba by znać warianty wszystkich możliwych genotypów ludzkich. Trzeba by do tych różnic dopasować rodzaje powstających białek, *via* pośredniczące RNA. Trzeba by ocenić intensywność i tempo ekspresji określonych, często jeszcze nierozpoznanych funkcjonalnie, genów. Te badania powinny objąć przynajmniej kilkaset genów i odpowiednie liczby cząsteczek RNA i białek. A cały czas w pamięci trzeba by mieć fakt, że nasze cechy są tylko w 50% wynikiem działania genów – reszta to bardzo ogólnie rozumiane środowisko.

Moja rada dla piłkarzy brytyjskich: marsz na kolejny trening!!!

Magdalena FIKUS