

Od Nobla do Nobla, do Nobla...

Ponad 50 lat temu J. Watson, F. Crick i M. Wilkins (Nagroda Nobla 1962) sformułowali hipotezę ogólnej struktury materiału genetycznego – DNA – i hipoteza ta stała się ugruntowaną, niekwestionowaną teorią.

Struktura podwójnej helisy to spojrzeniem „z daleka” na cząsteczkę, bez precyzowania szczegółów budowy chemicznej. Helisa W-C-W składa się z dwu nici zbudowanych z nukleotydów i kolejność ich w jednej nici jednoznacznie określa kolejność w drugiej, nazwanej komplementarną. Innym badaczom odkrywcy pozostawili rozszyfrowanie kolejności (sekwencji) nukleotydów w konkretnych cząsteczkach DNA. W latach 50. ubiegłego stulecia było to zadanie przekraczające możliwości fizyki i chemii. Potrzeba było kolejnych 20 lat na opracowanie metod sekwencjonowania (Nagroda Nobla F. Sanger, M. Gilbert, P. Berg; 1980) i jeszcze dalszych dziesięciu, aby rozpoczęto budowę kolejnych generacji automatycznych przyrządów sekwencjonujących coraz szybciej wybrane fragmenty DNA.

Zaprzęgnięto najdoskonalsze metody informatyczne do analizy sekwencji. Postęp był bardzo szybki, w drugim dziesięcioleciu XXI wieku znane są sekwencje genomów dziesiątków tysięcy gatunków bakterii, tysięcy niższych eukariotów, kręgowców, wśród nich dla nas najważniejszego – człowieka. Sekwencjonowanie DNA weszło do codziennej praktyki diagnostyki medycznej, weterynaryjnej, do zakładów kryminalistyki, instytutów badawczych rolnictwa, archeologii, wreszcie stało się podstawą prób terapii niepłodności i chorób genetycznych.

Znajomość kodu genetycznego (Nagroda Nobla H.G. Khorana, R. Holey, M. Nirenberg; 1968) umożliwiła jednoczesne badania kodowanych przez określone genomy białek, ich doświadczalne badania i poznawanie funkcji, pozwoliła na poszukiwania i odkrycia licznych indywidualnych wariantów genetycznych, mutacji pożytecznych i szkodliwych, skutkujących istnieniem wielu wersji białek pełniących podobne funkcje. Te odkrycia to niewyczerpana skarbnica wiedzy o różnorodności świata żywego i podstawa do rozwoju molekularnego ewolucjonizmu, opartego o porównania genów i białek w całej palecie współczesnych nosicieli, a także ekstrapolacji ku początkom życia. Parę „znalezisk” ostatnich miesięcy i tygodni ilustruje powyższe uogólnienia.



Ćma *Neopalpa donaldtrumpi*

- Donaldowi Trumpowi systematycy zadedykowali nowo odkryty gatunek ćmy *Neopalpa donaldtrumpi* w nadziei, iż popierać on będzie (DT, nie gatunek) ochronę środowiska. Podobieństwo z fryzurą prezydenta uderzające!
- W genomie współczesnych psów zidentyfikowano region analogiczny do ludzkiego, który czyni się odpowiedzialnym za tworzenie przez osobnika przyjaznych więzi z otoczeniem. Taki układ genów nie występuje u wilków – to mutacje uczyniły psa naszym najlepszym przyjacielem.
- Z badań fizjologicznych ponad 150 tysięcy Europejczyków, którym sprawdzano siłę mięśni, udało się zidentyfikować u tych najsilniejszych 16 wspólnych sekwencji genowych. Czyżby był to początek genetycznych badań predyspozycji kandydata do uprawiania określonych sportów?
- Wykopaliska archeologiczne cmentarza w okolicach bizantyjskiej Troi ujawniły szkielet kobiety w ciąży, która zapewne zmarła w wyniku zakażeń dwiema odnalezionymi tam bakteriami (odzyskano charakterystyczne geny *Staphylococcus saprophyticus* i *Gardenerella vaginalis*).
- I wreszcie jedna z odkrywczyń zjawiska CRISPR/cas, Jennifer Doudna (moja kandydatka na Nagrodę Nobla 2017), znalazła gen wirusa bakterii *Listeria*, który wprowadzony do komórki ludzkiej koduje małe białko regulujące intensywność procesu CRISPR/cas (kontrolowane modyfikacje genów), a nawet może go wyłączyć. Nadzieje związane z przyszłością terapii CRISPR czynią taki w(y)łącznik niezwykle użytecznym.

Magdalena FIKUS