

Owce rasy:



Texel



Scottish Blackface



skrzyżowana

Owce tajemnice

Dawno, dawno temu – w języku współczesnych genetyków oznacza to nieomal 30 lat temu, kiedy realnie myślano o sekwencjonowaniu genomu człowieka – powstała w umyśle naukowca z National Institutes of Health, Craiga Ventera, myśl, żeby szukać produktów ekspresji genów, zamiast oznaczać po kolei nukleotydy w DNA. Ciekawiej i może nawet prościej byłoby zabrać się za oznaczanie cząsteczek powstających na matrycy DNA, stanowiących produkt pośredni w syntezie białek, czyli za RNA. Proces syntezy RNA w komórce nazywa się *transkrypcją*, zestaw wszystkich RNA transkrybowanych w danym gatunku – *transkryptomem*. Transkryptom to kopie DNA w działaniu, dynamiczny i ciekawy, bo choć w każdej komórce ciała danego organizmu znajduje się taki sam DNA, to jego transkrypcja, aktywność, zależy od tkanki, etapu życia, płci.

Genom człowieka opisały w 2000 roku dwie grupy badaczy. Pomysł badania transkryptomu, wielokrotnie potem zastosowany dla wielu innych gatunków, pozostał. Bardzo współcześnie: dla owcy! Genetycy molekularni często wymawiają to słowo wraz z imieniem – Dolly, pierwszego ssaka z klonu. Owce interesują też bardziej realistycznie rolników na całym świecie. Dają mięso, mleko, wełnę, są ważnym modelem w badaniach biomedycznych. Wiedza o ich genomie jest oczywiście przydatna, gdy myśli się o poprawie cech produkcyjnych i o charakterystyce odporności na choroby. Ogólny szkic genomu owcy powstał w 2014 r., jednak ponad połowie genów (jest ich w sumie ponad 25 tysięcy) nie umiano przypisać funkcji i rodzaju aktywności. Takich danych dostarczyć może jedynie badanie transkryptomu w różnych warunkach, wieku i płci dawcy. Jeżeli np. nieznaną z funkcji gen transkrybowany jest w makrofagach i znajduje się na genomie w sąsiedztwie znanych genów makrofagów, jest wielce prawdopodobne, że i ten gen związany jest z funkcjami immunologicznymi. Transkryptomem owiec zajęli się naukowcy szkoccy i australijscy (nie trudno zgadnąć, dlaczego w tych krajach owce interesują naukowców i... rolników) [*]. Wcześniej poznano genomy kury, świni, kozy, bydła, ale ich transkryptomy – tylko wyrywkowo, podobnie jak transkrypcyjne atlasy myszy, ludzi i koni.

Opublikowany obecnie atlas RNA dla owcy jest najbardziej szczegółowy z uzyskiwanych dla zwierząt gospodarskich, zawiera dane dla głównych narządów dorosłej owcy, zarodka i młodych osobników. Tysiące dotychczas nierozpoznanych genów zgrupowano i porównano między tkankami (wspólne procesy komórkowe, trawienie, odporność, reprodukcja, rozwój zarodka, zróżnicowanie płciowe, porównanie z innymi ssakami, w tym z człowiekiem).

Uważa się też, że te dane są bardzo ważne z medycznego punktu widzenia (dotychczas za najważniejszy model medyczny uznaje się myszy), ze względu na znaczne podobieństwa dużych ssaków do człowieka w rozmiarach i regulacji fizjologicznej i genetycznej.

Nawet na niespecjaliście atlas robi ogromne wrażenie liczbą wykonanych pomiarów i ich dogłębną charakterystyką. Korzystając z geograficznej separacji między badawczymi laboratoriami (Edynburg i Queensland), wykonano porównanie transkryptomów dwu bardzo odległych i różnych ras – Texel i szkocka Blackface i ich krzyżówki, co pozwoliło na ocenę przydatności krzyżowania ras w poszukiwaniu żądanych cech produkcyjnych.

Cóż, można tylko powiedzieć z uznaniem: meeee.

[*] E.L. Clark, S.J. Bush, M.E.B. McCulloch, I.L. Farquhar, R. Young, L. Lefevre, et al. (2017) *A high resolution atlas of gene expression in the domestic sheep (Ovis aries)*. PLoS Genet 13(9): e1006997. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1006997>