

„Obcy” z planety Ziemia

Wszyscy już wiedzą, niektórzy piszą o tym nawet w książeczkach dla dzieci (miałam okazję czytać taki egzemplarz, autorstwa lubianego przez kobiety pisarza, Janusza L. Wiśniewskiego), że piękna struktura podwójnej helisy DNA powstaje dzięki połączeniu dwu niezależnych nici przez „mostki” wiążące zasadę adeninę (A), w jednej z nici, z zasadą tyminą (T), w drugiej, oraz zasadę guaninę (G) z cytozyną (C). W parze A:T powstają dwa mostki, w parze G:C – trzy. Konieczne w trakcie wielu procesów biologicznych rozerwanie tych mostków – skutkujące rozsunięciem dwu niezależnych nici helisy – wymaga nakładu energii.

Jeszcze w XX wieku sformułowano hipotezę o istnieniu „biosfery w cieniu”, mikrobiologicznej sfery ziemskiej radykalnie różnej od powszechnie znanej i opisywanej przez biologów i geofizyków. Postulowano np. istnienie „DNA”, w którym fosfor zastąpiony jest arsenem. Takiego DNA nie znaleziono i nie udało się zsyntetyzować chemicznie. Wydaje się, że na tej Ziemi ewolucja, po niewątpliwie różnych, nieznanach nam próbach, zdecydowała o istnieniu jednej wersji budowy chemicznej materiału genetycznego. Widocznie naprawdę optymalnej. . . Ale może są światy z innym DNA?

Nie chodzi jedynie o strukturę kanoniczną DNA: świat z cienia musiałby dysponować zestawem enzymów różnych od tych znanych obecnie i prawdopodobnie również nieznanach dotąd przekształceń genetycznych. Przypomina się także, sensacyjne w latach 70. XX wieku, odkrycie szczególnej struktury podwójnej helisy zbudowanej w obu niciach z naprzemiennych zasad G/C. Taka helisa ma odwrotny kierunek skrętności od powszechnie istniejącej i zupełnie różną strukturę przestrzenną, nazwaną Z-DNA. Strukturę Z-DNA uzyskano syntetycznie, odkryto też, że przejściowo i nietrwale występuje w pewnych procesach komórkowych, pełniąc rolę chemicznego sygnału.

Chemicznie modyfikowanymi składnikami DNA zajmowało się od wielu lat wielu uczonych, m.in. nasz „pierwszy biofizyk” David Shugar i jego zespół*. Niektóre modyfikacje odkrywano jako pojedyncze zmiany w rzadko znajdujących wirusach i bakteriofagach. Funkcjonalnie ważne okazały się, gdy czyniły DNA niewrażliwym lokalnie na działanie enzymów restrykcyjnych. Są to enzymy bakteryjne, stanowiące rodzaj systemu uodparniającego bakterie na infekcję obcym DNA (bakteriofagowym), zależne ściśle od standardowych zasad nukleinowych. Modyfikacje składników czyniły często DNA (bakteriofagów) odpornym na destrukcję enzymami restrykcyjnymi. Znane są też inne lokalne modyfikacje genomów (zazwyczaj przez dodanie grupy metylowej), od których zależna jest tzw. kontrola epigenetyczna w komórkach roślin i zwierząt.

W Szanghaju i Paryżu, nieomal jednocześnie, odkryto ostatnio nieznaną dotychczas cząsteczkę DNAZ, w której zasada A jest tak modyfikowana, że może utworzyć 3 (a nie 2) mostki z zasadą T. Ta zmiana czyni niezwykle DNA bardziej trwałym chemicznie i enzymatycznie.

Odkrycie dziwnego DNA przypisuje się dość odległej w czasie pracy rosyjskich wirusologów, którzy go zauważyli, ale nie kontynuowali jego analizy. Dopiero w ostatnim czasie poddano sekwencjonowaniu DNA z kilku podobnych bakteriofagów morskich bakterii – i okazało się, że niosą one gen uczestniczący w syntezie modyfikowanej adeniny, którą to syntezę kończy gen zakażanej bakterii. Kolejnym spektakularnym odkryciem było znalezienie bakteriofagowego enzymu wprowadzającego modyfikowaną resztę A do DNA, a także usuwającego wszystkie „normalne” A uprzednio do tego DNA włączone.

Im dłużej myślimy o DNAZ, tym więcej stawiamy pytań o jego przemianę w cząstce bakteriofaga, obecnej w bakterii-gospodarzu. Dla mnie ciekawym pytaniem jest: dlaczego podobnej zmianie nie podlega zakażona bakteria i jej DNA? No i do czego jeszcze to odkrycie doprowadzi?

Obcy są już w oceanach.

Magdalena FIKUS (magda.fikus@gmail.com)

*David Shugar – założyciel pierwszych studiów biofizycznych w Polsce (w Uniwersytecie Warszawskim). Pracowałam w Jego zespole od 1959 roku, badając pochodne kwasów nukleinowych, był moim promotorem doktoratu (1965) i opiekunem pracy habilitacyjnej (1975).

