

KWIATEK DLA GENETYKA

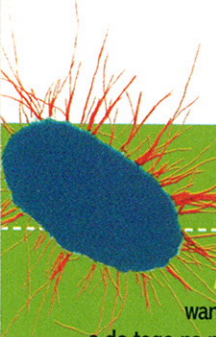
Idealna roślina według kryteriów genetyka szybko i łatwo się rozmnaża oraz ma krótki cykl życiowy. Powinna być niezbyt duża, by można było prowadzić badania na ogromną skalę, w standardowych warunkach. Ponadto mile widziana jest duża produkcja nasion. I jakby tego było mało, dobrze byłoby znać jej genom.

➤ JOANNA STOJAK

BLISKI TEGO IDEALU jest rzodkiewnik pospolity (*Arabidopsis thaliana*), roślina z rodziny kapustowatych (*Brassicaceae*). Został odkryty i opisany przez Johanna Thala w Górach Harcu (środkowe Niemcy) w XVI wieku. Odkrywcę nazwał ją *Pilosella siliquosa*, potem nazwa ta zmieniała się wielokrotnie. Rośliną modelową rzodkiewnik stał się jednak dopiero w 1943 roku, 36 lat po tym jak Friedrich Laibach ustalił jej poprawną liczbę chromosomów. W 1965 odbyła się pierwsza ogólnoświatowa konferencja dotycząca *Arabidopsis thaliana*, kolejna 11 lat później. Pomysł, aby



INNE ORGANIZMY MODELOWE



Escherichia coli – wyhodowanie tych bakterii jest niezwykle tanie, a do tego na niewielkiej powierzchni może rosnąć ogromna liczba organizmów. Badanie sekwencji chromosomu *E. coli* zlokalizowanie w nim różnych genów pozwoliło scharakteryzować go pod względem genetycznym i funkcjonalnym. Dzięki badaniom z udziałem *E. coli* zrozumieliśmy m.in. mechanizmy replikacji DNA, regulację transkrypcji, translację czy zasady zapisu informacji genetycznej.

Saccharomyces cerevisiae – prace prowadzone na drożdżach, prostym jednokomórkowym organizmie eukariotycznym, umożliwiły

poznanie cyklu komórkowego, tak ważne dla badań procesów nowotworowych. Spośród organizmów eukariotycznych drożdże mają jeden z najmniejszych genomów. Były pierwszym organizmem eukariotycznym z całkowicie zsekwencjonowanym genomem (w 1997 roku). Dzięki nim badanie mechanizmów rządzących procesami komórkowymi wspólnymi dla wszystkich organizmów eukariotycznych (w tym człowieka), takich jak rekombinacja i segregacja mejozy, stało się dużo łatwiejsze.

Caenorhabditis elegans – ten wolno żyjący nicienie glebowy jest

obiektem badań embriologów już od 1900 roku. Do badań genetycznych został wykorzystany po raz pierwszy w połowie lat 60. Żywe osobniki można zamrażać i później ożywiać, deponuje się więc w laboratoriach dużą liczbę szczepów *C. elegans* i prowadzenie ciągłej hodowli nie jest konieczne. Transparentne ciało robaka pozwala na uszkodzenie laserem wybranych komórek w różnych stadiach rozwojowych i obserwowanie skutków w dorosłym życiu nicienia. Aby zablokować geny *C. elegans*, wystarczy nakarmić go bakteriami z odpowiednio spreparowanymi fragmentami RNA. Umożliwiło to naukowcom zbadanie funkcji wielu genów, z których 40%



wykorzystać tę roślinę w badaniu biochemii, fizjologii i rozwoju roślin, pojawił się dopiero w latach 80.

Genom *Arabidopsis* składa się z zaledwie pięciu chromosomów. To bardzo mało, bo jak wiadomo, w organizmach roślinnych większą część materiału genetycznego stanowią powtórzenia poszczególnych ich fragmentów. Mniej niż połowa genów takiego organizmu jest unikatowa – pozostałe mają co najmniej jedną kopię w innym miejscu genomu. Całkowite zsekwencjonowanie genomu rzodkiewnika zajęło jednak współpracującym ze sobą zespołom badaczy z Francji, Wielkiej Brytanii, Niemiec, Stanów Zjednoczonych i Japonii aż pięć lat. Badania, zakończone sukcesem w 2000 roku, otworzyły nowe perspektywy przed naukowcami z całego świata.

Do zadań specjalnych

Zastosowania *A. thaliana* są różnorakie. Wykorzystuje się ją np. do badań nad stresem. Znamy wiele czynników stresowych: zbyt niska lub zbyt wysoka temperatura, zasolenie lub brak soli mineralnych, nadmiar lub brak wody. Rośliny dysponują różnymi mechanizmami obronnymi – indukowanymi przez niekorzystne warunki (jak choćby rzucanie liści w okresie suszy) czy konstytutywnymi, którymi roślina dysponuje od zawsze. Oba rodzaje mechanizmów wytworzyły się w procesie ewolucji.

Jak np. działa na roślinę susza? Powolne zwiększanie się deficytu wodnego sprzyja wytwarzaniu przez organizm mechanizmów obronnych, takich jak ograniczenie transpiracji i zwiększenie ilości pobieranej wody. Liście pokrywają się nieprzepuszczalną dla wody kutykulą, a system korzeniowy się rozrasta. Jednak pierwszym odruchem rośliny jest zamykanie aparatów szparkowych. Proces ten jest stymulowany przez związek zwany kwasem abscysynowym (jego poziom wzrasta w „zestresowanych” komórkach). Mechanizm ten poznano właśnie dzięki badaniom *A. thaliana*.

Rzodkiewnik może też być wykorzystywany do określenia poziomu akumulacji azotanów np. w tkankach łubinu żółtego. Zbyt duże stężenie tych związków jest niebezpieczne, wykonuje się więc precyzyjne testy enzymatyczne pozwalające określić ich zawartość. Używa się

do tego celu enzymu reduktazy azotanowej, która jest niczym innym jak zrekombinowanym enzymem *A. thaliana* produkowanym w układzie ekspresyjnym drożdży *Pichia pastoris* i oczyszczanym za pomocą chromatografii powinowactwa (jedna z technik oczyszczania białek). Preparat ten przekształca azotany z ekstraktów tkankowych do azotynów, a te z kolei bardzo łatwo i dokładnie można kolometrycznie zmierzyć (analizuje się absorpcję światła o określonej długości przez ich roztwór). Metoda ta znajduje zastosowanie również w monitoringu skażenia azotanami próbek gleby i wody pitnej. Co ważne, nie wymaga użycia toksycznego kadmu, który w dotychczas stosowanych metodach analitycznych był niezbędny w redukcji azotanów do azotynów.

Istotnym problemem jest także produkcja białek roślinnych – przeprowadzana obecnie synteza we wnętrzu bakterii czy drożdży jest układem sztucznym. Organizmy te nie są w stanie modyfikować tych białek tak, jak zrobiłaby to roślina w procesie potranslacyjnym. Mają inne geny, enzymy, przez co właściwości syntetyzowanego białka mogą ulec drastycznej, niekorzystnej zmianie. Naukowcom marzy się zatem produkcja białek roślinnych w układach roślinnych – w tym celu prowadzi badania nad transformacjami zawiesin komórek *A. thaliana*.

Jakieś wady?

Owszem – choćby ta, że rośliny są hodowane w wielu laboratoriach i nigdy nie ma się pewności, że otrzymane nasiona były przechowywane w odpowiednich warunkach. Zakażenie wirusami, bakteriami bądź grzybami może całkowicie zniszczyć hodowlę.

Niewielka wielkość *A. thaliana* też ma swoje minusy. Badania można wprawdzie prowadzić na ogromną skalę, trudno jednak badać jej małe organy, takie jak łagiewka pyłkowa.

Naukowcy jednak nie narzekają i cenią tę skromną, ale jakże ważną roślinkę i jej pięć doskonale poznanych chromosomów.

➤ JOANNA STOIAK jest studentką III roku biotechnologii UAM w Poznaniu.

występuje u ludzi. To właśnie *C. elegans* był obiektem badań S. Brennera, J. E. Sulstona i H. R. Horvitz, którzy w 2002 roku otrzymali Nagrodę Nobla w dziedzinie medycyny. Wykazali, że apoptoza jest zjawiskiem zależnym od genów. Udało się im nawet zidentyfikować i opisać kilkanaście genów zaangażowanych w ten proces, niemal identyczny jak u człowieka.

Drosophila melanogaster – wywilmiona popularnie zwana muszką owocową jest organizmem modelowym wprowadzonym do świata nauki przez Tomasza Morgana w latach 20.



XX wieku. Dzięki jego badaniom udało się zmodyfikować i poszerzyć wniośki Grzegorza Mendla. To u *Drosophila* występuje rzadko spotykana struktura chromosomów – chromosomy politeniczne. Są one idealnym obiektem do eksperymentów hybrydyzacji *in situ*, służących m.in. do lokalizacji markerów. Chromosomy te występują tylko w niektórych tkankach (np. w gruczołach śliniankowych czy cewkach Malpighiego), a powstają przez dziesięciokrotną replikację DNA (bez podziałów mitotycznych).

Mus – do badań genetycznych wykorzystuje się wiele gatunków i podga-

tunków myszy, np. *M. musculus*, *M. spretus*. Została wybrana na modelowy organizm ssaka ze względu m.in. na małe rozmiary, łatwość hodowli, szybkie osiągnięcie dojrzałości płciowej, liczne potomstwo w jednym miocie i znaczne podobieństwo genomu do genomu człowieka. Tylko około 300 genów mysich nie ma ludzkiego odpowiednika. Mysz jest modelem do badania takich chorób jak anemia, nowotwory, cukrzyca, astma, dystrofia mięśniowa Duchenne'a czy zaburzenia reprodukcyjne.



WRZESIEŃ 2009 WIEDZA I ŻYCIE