

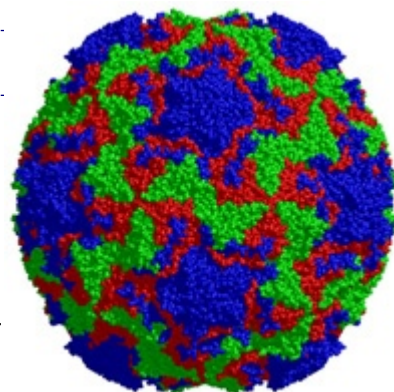
# Jak ewoluowało przeziębienie – pełne genomy wszystkich znanych rinowirusów

Autor tekstu: **Ed Yong**

Tłumaczenie: **Krzysztof Gajda**

**W** amerykańskim stanie Wirginia mieści się siedziba [American Type Culture Collection](http://en.wikipedia.org/wiki/American_Type_Culture_Collection) ([http://en.wikipedia.org/wiki/American\\_Type\\_Culture\\_Collection](http://en.wikipedia.org/wiki/American_Type_Culture_Collection)). Znajdują się tam setki chłodzi, kryjących bogaty asortyment komórek, w tym 99 szczepów rinowirusów, czyli inaczej – wirusów, które powodują tak nie lubiane przez nas przeziębienie. Naukowcom właśnie udało się rozpracować ich genomy i oto cała tajemnica zatkanego nosa stoi przed nami otworem.

[Ann Palmenberg](http://www.biochem.wisc.edu/faculty/palmenberg/) (http://www.biochem.wisc.edu/faculty/palmenberg/) z Uniwersytetu Wisconsin i [David Spiro](http://www.jcvi.org/cms/about/bios/dspiro/) (http://www.jcvi.org/cms/about/bios/dspiro/) z Instytutu Johna Craiga Ventera złamali kod wszystkich 99 szczepów, po czym porównali je i na ich podstawie zbudowali drzewo rodowe, które pokazuje stopień pokrewieństwa między nimi. Można by rzec, że udało im się tym samym zapchać sporo dziur w naszym pojęciu o tej, najczęściej nas dopadającej infekcji. Ich odkrycie ukazuje, jak różne szczepy wirusa są ze sobą spokrewnione oraz jak mogą powstawać nowe. Możemy teraz określić, które ich cechy są wspólne dla wszystkich szczepów, a które są wyjątkowe, a więc sprawiają, że tak ciężko jest z nimi walczyć.



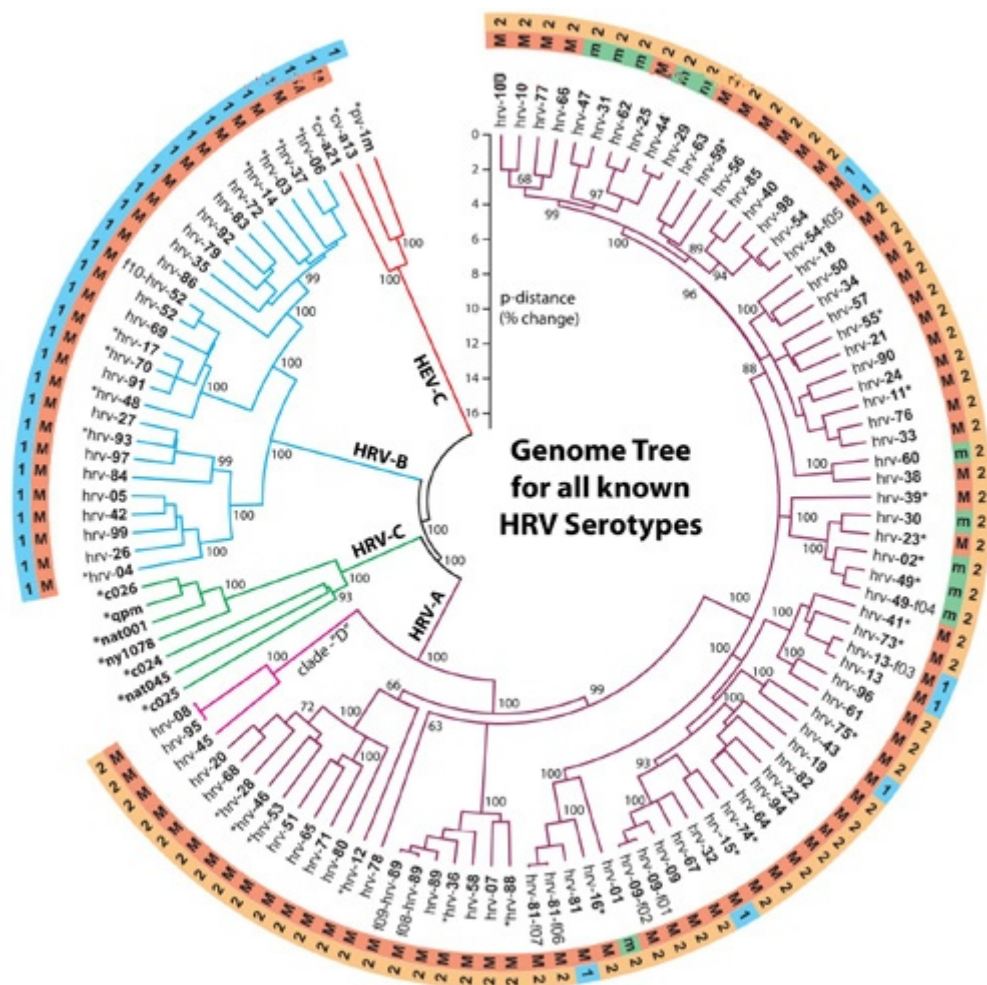
Ta wiedza może pomóc nam w znalezieniu wyjścia z kłopotliwej sytuacji, w jakiej się znajdujemy, gdzie cały osławiony postęp współczesnej medycyny nie może sobie poradzić z ustaleniem sposobu leczenia infekcji, którą każdy z nas łapie przynajmniej dwa razy w roku.

Wszystkie 99 znanych szczepów [ludzkich rinowirusów](http://en.wikipedia.org/wiki/Rhinovirus) (http://en.wikipedia.org/wiki/Rhinovirus) można podzielić na dwa gatunki – HRV-A oraz HRV-B. Niedawno zidentyfikowano jednakże trzeci możliwy gatunek – HRV-C, który znaleziono u pacjentów ze szczególnie uporczywą, podobną do grypy chorobą. By zbudować drzewo rodowe, Palmenberg i Spiro przeanalizowali kompletne genomy 99 szczepów z bazy w Wirginii, siedem próbek [HRV-C](http://www.picornaviridae.com/enterovirus/hrv-c/hrv-c_seq_s.htm) (http://www.picornaviridae.com/enterovirus/hrv-c/hrv-c\_seq\_s.htm) oraz dziesięć świeżych próbek, zebranych od pacjentów zaledwie kilka lat temu.

Materiał genetyczny rinowirusów nie jest zapisany w formie DNA, ale jako spokrewniona z nim cząsteczka o nazwie RNA. Cały [genom RNA](http://en.wikipedia.org/wiki/RNA_virus) (http://en.wikipedia.org/wiki/RNA\_virus) podlega procesowi translacji w „poliproteinę”, będącą łańcuchem 11-12 białek. Dopiero rozdzielając poliproteinę na jej składowe części, wirus otrzymuje białka, które potrzebne mu są do wywołania zakażenia.

Palmenberg i Spiro odkryli, że poliproteiny różnych szczepów wirusa są zadziwiająco podobne. Dowolne dwa pokrywają się w około 80%, co wskazuje na to, że duże fragmenty genomu rinowirusa raczej opornie poddawały się procesowi ewolucji. Cząsteczki RNA także wykazują znaczne podobieństwa. RNA nie jest prostą nicią – skręca się w różnego rodzaju pętle i inne interesujące struktury, zależnie od sekwencji. Genom rinowirusa nie jest tu wyjątkiem: jeden koniec zawsze jest zakrzywiony w kształt koniczyny i wygląda w zasadzie identycznie we wszystkich szczepach.

Nieco dalej, bo na odcinku tuż poniżej „koniczynki”, sytuacja staje się jeszcze ciekawsza. W tym miejscu praktycznie każdy szczep rinowirusa posiada unikatową sekwencję nukleotydów, a nawet próbki *tego samego* szczepu wykazują zaskakujące różnice. Możliwe, że to właśnie ten burzliwie zmieniający się obszar decyduje o tym, jak bardzo złośliwy będzie konkretny szczep. Nie możemy wywnioskować tego wprost z drzewa rodowego rinowirusów, jednakże z drzewa innej rodziny już owszem. Genom [wirusów powodujących polio](http://americanhistory.si.edu/polio/virusvaccine/how.htm) (http://americanhistory.si.edu/polio/virusvaccine/how.htm) ma bardzo zbliżoną strukturę, która rzeczywiście determinuje zjadliwość wirusa. Jednocześnie, u krewnych rinowirusów, usunięcie tego krótkiego odcinka całkowicie je neutralizuje.



Jedno drzewo, cztery gatunki, dwadzieścia trzy zbitki (*mash-ups*).

Jak pokazuje drzewo, HRV-A jest podzielony na dwie główne grupy, a HRV-C, mimo że jest odrębnym gatunkiem, to nadal jest z nim blisko spokrewniony. Różnice pomiędzy siedmioma znanymi szczepami HRV-C wskazują na to, że jest ich jeszcze przed nami sporo do odkrycia, zapewne jeszcze bardziej różnorodnie niż HRV-A i HRV-B. Możliwe nawet, że Palmenberg i Spiro odkryli czwarty gatunek – HRV-D, który jest odgałęzieniem linii HRV-A.

Należy pamiętać, że drzewo zostało zbudowane przy użyciu pełnych genomów każdego szczepu. Gdy naukowcy skupiali się na pojedynczych białkach, jak to było w przypadku innych badań, wyniki były całkowicie inne. Dopiero użycie kompletnej sekwencji kodu sprawiło, że ewolucyjne powiązania pomiędzy poszczególnymi szczepami stały się oczywiste.

Na początku odkryli, że 23 z 99 szczepów wirusa to w rzeczywistości genetyczny koktajl, powstały w wyniku mieszania i łączenia się pasujących do siebie odcinków różnych szczepów w procesie zwanym rekombinacją. Ta wymiana jest jedną z podstawowych sił napędowych ewolucji wirusów grypy, jednakże wcześniejsze badania sugerowały, że w ewolucji rinowirusów tak naprawdę nie odgrywa on żadnej roli.

Ta konkluzja oparta była jednakże na niewielkiej liczbie genomów wirusa – gdy więc naukowcy przebadali je wszystkie, okazało się, że wirusy przeziębienia naprawdę to robią, a nawet wykorzystują do tego każdą nadarzającą się okazję. Dla przykładu, szczep 46 jest zbitką dużej części szczepu 53 z małymi odcinkami szczepu 80, a szczep 54 wykazuje nadzwyczajną skłonność do rekombinacji i zasila fragmentami swojego genomu co najmniej 7 innych szczepów.

Wirusy grypy podlegają rekombinacji, gdy dwa różne szczepy zainfekują tego samego gospodarza, a więc możliwe, że to samo dzieje się z rinowirusami. Kiedy różne szczepy stykają się w tej samej komórce gospodarza, mają możliwość genetycznego zlania się i w rezultacie może powstać całkiem nowy wirus o innych właściwościach.

Dziesięć próbek, które niedawno pobrano od pacjentów, pokazuje, jak zmienne może być przeziębienie. Każdą z nich można zmapować na jeden z owych 99 szczepów, jednakże niektóre uległy zasadniczym modyfikacjom. W rzeczywistości niektóre z nich różnią się bardziej od swoich

opisanych odpowiedników, niż tamte różnią się między sobą. Także wirusy pochodzące z tego samego miejsca wykazywały uderzające różnice genetyczne, mimo że były klasyfikowane jako ten sam szczep i pobrane w odstępie co najwyżej roku.

## Wnioski – dlaczego w ogóle mamy się tym martwić?

Tak czy siak, te odkrycia potwierdzają to co wiedzieliśmy już wcześniej – wirusy przeziębienia mają niespotykaną smykałkę do zmienności, a to czyni je szczególnie trudnymi wrogami w walce przy pomocy leków. Teraz jednak mamy o wiele lepsze pojęcie o ich genetycznych cechach, stojących za tym zróżnicowaniem, a to daje nam dobrą podstawę do prowadzenia dalszych badań w przyszłości.

Mamy teraz pełne genomy wszystkich podstawowych szczepów wirusów przeziębienia oraz drzewo, które łączy je ze sobą. Wiemy, że chociaż są one wyjątkowo zmienne, to wciąż posiadają wiele wspólnych cech. Mamy nowe cele, które staną się inspiracją dla rozwoju nowych leków. Mamy technologię, która pozwala błyskawicznie sekwencjonować pełne genomy wirusów pobranych bezpośrednio od pacjenta. Jesteśmy blisko odkrycia, jak poszczególne fragmenty kodu wpływają na uporczywość infekcji, szybkość rozprzestrzeniania się wirusów oraz ich powiązania z astmą.

Można by w tym momencie zastanawiać się, po co w ogóle to całe zamieszanie – przecież i tak ogromna większość tych infekcji mija w czasie krótszym niż tydzień. Nie oznacza to jednak, że możemy je bagatelizować – mogą przecież stanowić świetną okazję do rozwoju poważniejszych infekcji, takich jak zapalenie oskrzeli czy płuc. Co gorsza, mogą pogorszyć stan chorych na astmę, a jeśli infekcja przytrafi się niemowlęciu, jego system odpornościowy może zareagować w sposób, który zwiększy prawdopodobieństwo wystąpienia astmy w okresie dojrzewania.

Z drugiej strony, fakt ogromnego rozpowszechnienia przeziębienia powoduje ogromne straty finansowe. Jeśli wziąć pod uwagę dni stracone na przeczekiwaniu choroby przy użyciu wyłącznie leków nie wymagających recepty (które tylko łagodzą objawy, zamiast zwalczać samą infekcję), to rinowirusy kosztują gospodarkę USA około 40 mld dolarów rocznie. Lekarze częściej przepisują antybiotyki, żeby uspokoić pacjentów cierpiących na katar, niż robią to przy rzeczywistych infekcjach bakteryjnych, a to jest zapewne jedną z przyczyn powstawania coraz bardziej odpornych na antybiotyki super-zarazków. Nie lekceważcie przeziębienia – to wróg, który potrafi porządnie dziabnąć. Gdybyż jeszcze ktoś umiał zsekwencjonować pełen genom [męskiej hipochondrii](http://manflu.org.uk/) (<http://manflu.org.uk/>)

[. \(http://manflu.org.uk/\)](http://manflu.org.uk/)

### **Ed Yong**

Mieszka w Londynie i pracuje w Cancer Research UK. Jego blog „Not Exactly Rocket Science” jest próbą zainteresowania nauką szerszej rzeszy czytelników poprzez unikanie żargonu i przystępną prezentację.

[Strona www autora](#)

[Pokaż inne teksty autora](#)



(Publikacja: 01-04-2009)

[Oryginał.. \(http://www.racjonalista.pl/kk.php/s,6454\)](http://www.racjonalista.pl/kk.php/s,6454)

Contents Copyright © 2000-2009 Mariusz Agnosiewicz

Programming Copyright © 2001-2009 Michał Przech

Autorem portalu Racjonalista.pl jest Michał Przech, zwany niżej Autorem.

Właścicielami portalu są Mariusz Agnosiewicz oraz Autor.

Żadna część niniejszych opracowań nie może być wykorzystywana w celach komercyjnych, bez uprzedniej pisemnej zgody Właściciela, który zastrzega sobie niniejszym wszelkie prawa, przewidziane

w przepisach szczególnych, oraz zgodnie z prawem cywilnym i handlowym, w szczególności z tytułu praw autorskich, wynalazczych, znaków towarowych

do tego portalu i jakiegokolwiek jego części.

Wszystkie strony tego portalu, wliczając w to strukturę katalogów, skrypty oraz inne programy komputerowe, zostały wytworzone i są administrowane przez Autora. Stanowią one wyłączną własność Właściciela. Właściciel zastrzega sobie prawo do okresowych modyfikacji zawartości tego portalu oraz opisu niniejszych Praw Autorskich bez uprzedniego powiadomienia. Jeżeli nie akceptujesz tej polityki możesz nie odwiedzać tego portalu i nie korzystać z jego zasobów.

Informacje zawarte na tym portalu przeznaczone są do użytku prywatnego osób odwiedzających te strony. Można je pobierać, drukować i przeglądać jedynie w celach informacyjnych, bez czerpania z tego tytułu korzyści finansowych lub pobierania wynagrodzenia w dowolnej formie. Modyfikacja zawartości stron oraz skryptów jest zabroniona. Niniejszym udziela się zgody na swobodne kopiowanie dokumentów portalu Racjonalista.pl tak w formie elektronicznej, jak i drukowanej, w celach innych niż handlowe, z zachowaniem tej informacji.

Plik PDF, który czytasz, może być rozpowszechniany jedynie w formie oryginalnej, w jakiej występuje na portalu. **Plik ten nie może być traktowany jako oficjalna lub oryginalna wersja tekstu, jaki zawiera.**

Treść tego zapisu stosuje się do wersji zarówno polsko jak i angielskojęzycznych portalu pod domenami Racjonalista.pl, TheRationalist.eu.org oraz Neutrum.eu.org.

Wszelkie pytania prosimy kierować do [redakcja@racjonalista.pl](mailto:redakcja@racjonalista.pl)