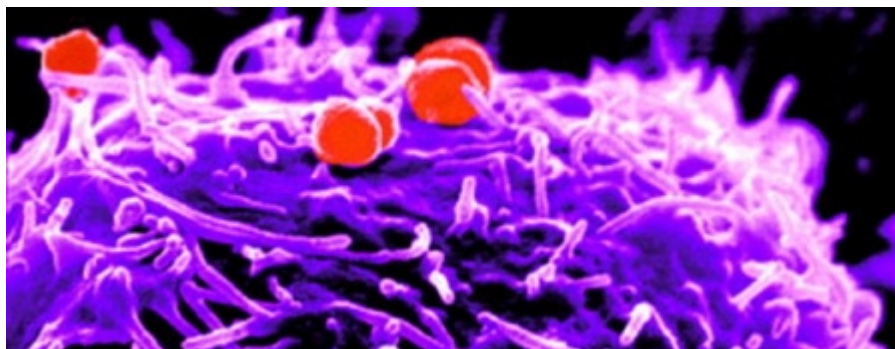


Rzeżączka przyswoiła ludzkie DNA

Autor tekstu: **Ed Yong**

Tłumaczenie: **Krzysztof Achinger**



Co roku miliony ludzi zarażają się rzeżączką, ale bakteria, która wywołuje chorobę ([Neisseria gonorrhoe](http://en.wikipedia.org/wiki/Neisseria_gonorrhoeae) (http://en.wikipedia.org/wiki/Neisseria_gonorrhoeae)), również dostała coś w zamian. Nosi ona w swoim genomie fragment ludzkiego DNA. Wygląda więc na to, że zarazek, który jest przyczyną choroby, jest częściowo ludzki.

Ludzką częścią *N.gonorrhoeae* jest 'sekwencja LINII-1 (L1)' — krótki fragment DNA, który [może się kopiować i wklejać w nowych miejscach ludzkiego genomu](http://blogs.discovermagazine.com/notrocketscience/2011/02/16/2010/11/17/jumping-genes-mobile-in-the-brains-of-people-with-h-rett-syndrome/) (<http://blogs.discovermagazine.com/notrocketscience/2011/02/16/2010/11/17/jumping-genes-mobile-in-the-brains-of-people-with-h-rett-syndrome/>). Nie ma on innej dostrzegalnej funkcji, poza kopiowaniem samego siebie; jest w tym jednak bardzo dobry. Sekwencji L1 w ludzkim genomie jest około pół miliona i łącznie stanowią około 1/5 całego DNA. Jednej z tych sekwencji udało się przeskoczyć do *N.gonorrhoeae*.

[Mark Anderson and Steven Seifert](http://bugs.mimnet.northwestern.edu/labs/Faculty/seiferth.html) (<http://bugs.mimnet.northwestern.edu/labs/Faculty/seiferth.html>) z Northwest University odkryli fragment znajdującego się w dziwnym miejscu DNA, a udało się im to, ponieważ cały genom 14 szczepów *N.gonorrhoeae* jest już w pełni poznany [i dostępny](http://www.youtube.com/watch?v=mcnoL1kJ4so&feature=youtu.be) (<http://www.youtube.com/watch?v=mcnoL1kJ4so&feature=youtu.be>). W bazie danych tego DNA znaleźli niewielki fragment kodu, który jest prawie identyczny z ludzkim L1. Sekwencjonowanie wielu szczepów bakterii pomogło Andersonowi i Seifertowi odkryć L1 w jednym na dziewięć szczepów i żadnego u najbliższych krewnych bakterii.

N. gonorrhoeae może atakować komórki swojego nosiciela, ale nie może się dostać do jądra, gdzie znajduje się największa część DNA. Więc jak to się udało z L1? Anderson i Seifert uważają, że owo brzemienne w skutkach wydarzenie miało miejsce podczas śmierci zainfekowanej komórki i jej rozpadu, co wyeksponowało DNA. Nawet wówczas droga do pokonania do genomu *N. gonorrhoeae* nie jest łatwa. L1 może podskakiwać wokół genomu, ale tylko, gdy ma odpowiednie miejsca do lądowania. Genom bakterii nie dostarcza żadnych. Można tylko próbować zgadywać, jak do tego doszło. Anderson i Seifert spekulują, że bakteria mogła przykleić fragment zawierający L1 do złamanego fragmentu własnego genomu.

Ten skomplikowany łańcuch zdarzeń może tłumaczyć, dlaczego transfery ludzkiego DNA do bakterii są tak rzadkie (jest to w rzeczywistości pierwszy przykład takiego przypadku). Inne genetyczne wymiany są znacznie powszechniejsze. Bakterie mogą wymieniać geny równie łatwo, jak ludzie wymieniają opinie, a genom *N.gonorrhoeae* jest mieszanką genów kilku gatunków. Ów "[horyzontalny transfer genowy](http://blogs.discovermagazine.com/notrocketscience/2011/02/16/category/genetics/horizontal-gene-transfer/)" (<http://blogs.discovermagazine.com/notrocketscience/2011/02/16/category/genetics/horizontal-gene-transfer/>)" jest świetnym sposobem na napędzanie ewolucji. Poprzez handel genami, bakteria może osiągnąć nowe, [ofensywne](http://blogs.discovermagazine.com/notrocketscience/2011/02/16/2008/10/23/the-secret-of-drug-resistant-bubonic-plague/) (<http://blogs.discovermagazine.com/notrocketscience/2011/02/16/2008/10/23/the-secret-of-drug-resistant-bubonic-plague/>) lub [defensywne](http://blogs.discovermagazine.com/notrocketscience/2011/02/16/2008/04/03/super-bacteria-eat-antibiotics-for-breakfast/) (<http://blogs.discovermagazine.com/notrocketscience/2011/02/16/2008/04/03/super-bacteria-eat-antibiotics-for-breakfast/>), zdolności już w następnej generacji.

Transfery są tak powszechne, że 1/6 genomu *Escherichia coli* — popularnej bakterii jelitowej — składa się z zapożyczonych fragmentów. Rzadko zdarza się, że bakteria wymienia DNA także ze swoim nosicielem. W jednym ze znanych przypadków, gatunek zwany *Wolbachia* zdołał [wprowadzić swój cały genom do genomu muszki owocowej](http://blogs.discovermagazine.com/notrocketscience/2011/02/16/2009/07/30/an-entire-bacterial) (<http://blogs.discovermagazine.com/notrocketscience/2011/02/16/2009/07/30/an-entire-bacterial>

-genome-discovered-inside-that- of-a-fruit-fly/). Znajduje się tam po dziś dzień, tworząc genetyczną mieszaninę muchy i mikroba. Transfery w drugą stronę, z nosiciela do bakterii, są rzadsze.

Nie jest jasne czy pożyczona od człowieka część genomu w *N.gonorrhoeae* ma jakąkolwiek funkcję, ale z pewnością nie zmieniła się znacząco od momentu, gdy opuściła człowieka. Wszystkie L1 we wszystkich szczepach są bardzo podobne i ciągle znajdują się w tym samym miejscu. Jaki ewolucyjny nacisk mógłby powstrzymać ten fragment DNA przed zmianami, wskazując na jego możliwe wykorzystanie. Nie wiadomo jednak, co by to mogło być — ostatecznie Anderson i Seifert nie doszukanali się różnic między szczepami posiadającymi L1 i tymi, które go nie posiadają. Inna opcja to taka, że L1 przeskoczyło całkiem niedawno i nie miało czasu, aby się zmienić. Tłumaczyłoby to, dlaczego zaledwie 1/9 bakterii w ogóle go posiada.

Jest jeszcze jedna oczywista możliwość: ludzkie DNA mogło pochodzić człowieka. Kiedy genetycy zajmują się swoimi próbkami, kawałki ich skóry lub włosów mogą wpaść, dodając ludzkie DNA do wcześniej nieskazitelnej próbki. Jest to spory problem. W innym badaniu, Mark Longo z Uniwersytetu Connecticut odkrył ludzkie sekwencje w ponad 450 innych genomach, od bakterii poprzez pszenicę i danio pręgowanego.

Longo odnalazł te zabłąkane sekwencje przez przypadek. Pierwotnie przeglądał genom danio pręgowanego w poszukiwaniu [pozostałości pradawnych wirusów, które zakorzeniły się w genomach naszych przodków](http://blogs.discovermagazine.com/notrocketscience/2011/02/16/2010/11/18/i-am-virus-anim-al-genomes-contain-more-fossil-viruses-than-ever-expected/) (http://blogs.discovermagazine.com/notrocketscience/2011/02/16 / 2010/11/18/i-am-virus-anim-al-genomes-contain-more-fossil-viruses-than-ever-expected/). Te genetyczne skamieliny odnajdowane są u rozmaitych zwierząt i posiadają podobieństwa, które odzwierciedlają ich wspólną przeszłość. Ale Longo znalazł coś innego - krótkie fragmenty DNA zwane [elementami Alu](http://en.wikipedia.org/wiki/Alu_element) (http://en.wikipedia.org/wiki/Alu_element), które są unikalne dla ludzi i innych naczelnych. Sekwencje te nie były tylko powierzchownie podobne. Pasowały dokładnie do swoich ludzkich odpowiedników i nie ma możliwości, aby były w danio pręgowanym. Były z pewnością zanieczyszczeniami.

Podobnie jak L1, Alu mogą się przemieszczać w obrębie genomu. Jednak Longo wyeliminował możliwość, że to mobilne DNA przeskoczyło z ludzi na inne gatunki, tak jak miało to miejsce w przypadku L1 i rzeźączki. Szukał i znalazł ciągi DNA, które otaczały Alu w ludzkim genomie, i które nie mogą przeskakiwać z miejsca na miejsce. Te sekwencje nie zintegrowały się z innymi genomami. Były jak zabłąkane fragmenty innej układanki, które wylądowały w złym pudełku. Przynajmniej piąta część opublikowanych genomów zawiera obce elementy.

Może to sprawiać problemy naukowcom badającym ewolucję zwierząt. Ale wyzwania są jeszcze większe, gdy ludzkie DNA zanieczyszcza ludzkie próbki. Może to brzmieć dziwnie, ale pamiętajmy, że niebawem [będziemy mogli bez wysiłku sekwencjonować genomy poszczególnych ludzi](http://blogs.forbes.com/matthewherper/2011/01/07/de-bating-the-1000-genome/) (http://blogs.forbes.com/matthewherper/2011/01/07/de-bating-the-1000-genome/). Lekarze mogliby podejmować medyczne decyzje w oparciu o takie wyniki i mogliby podejmować błędne decyzje, gdyby geny jednej osoby zanieczyszczały geny innej.

W między czasie, Jonathan Eisen, który bada genomy mikrobów, stwierdził, że problem zanieczyszczenia irytuje także naukowców zajmujących się gatunkami, które często wymieniają się genami. „Z jednej strony zanieczyszczenia przyczyniły się prawdopodobnie do mylnego twierdzenia o pobocznym transferze genów w przeszłości” — mówi. „Jednakże eliminowanie wszystkich 'dziwnych' DNA prowadzi do przeoczenia LGT. Ostatecznie będzie to bardzo trudno do całkowitego wykluczenia”.

Istnieją jednak kroki, które naukowcy mogą powziąć. W badaniu Longo, mówi się, że tylko te genomy wirusów grypy, które traktowano z największą ostrożnością, są wolne od zanieczyszczeń. Longo sprawdził 172 genomy grypy i nie znalazł ani jednego śladu Alu.

Rachel O'Neill, która kierowała badaniami Longo, twierdzi, że naukowcy mogą zredukować prawdopodobieństwo zanieczyszczeń, obchodząc się z próbkami z największą ostrożnością. Mogą również przeprowadzać niezależne badania w różnych laboratoriach, aby porównywać wyniki. Eisen dodaje, że idealnym sposobem na pozbycie się obcych sekwencji jest prawdziwe zakończenie sekwencjonowania genomu (wiele „pełnych” genomów to tak naprawdę tylko szkice) oraz wielokrotne i wszechstronne sprawdzenie wszystkiego.

Ostatecznie chodzi o pobudzenie czujności społeczności naukowców, przez wskazanie na skalę problemu i zachęcenie do skupiania się na kontroli jakości i poprawności, jak również na szybkości technologicznej. O'Neill powiada: „Najważniejszą rzeczą jest świadomość, że taka możliwość istnieje”. Eisen zgadza się, mówiąc o ważności „[informowania] wszystkich o możliwych problemach tak, żebyśmy przez kolejne kilka lat nie dostawali tysięcy prac na temat dziwnych pobocznych transferów”.

Czy zatem ludzkie DNA w rzeźączce mogło być właśnie takim zanieczyszczeniem? Raczej nie.

Anderson i Seifert wrócili do oryginalnych szczepów, których genom sekwencjonowali i przeanalizowali je ponownie. Otrzymali ten sam wynik i fakt, że L1 pojawia się w tym samym miejscu w trzech różnych szczepach przypieczętował sprawę. Wygląda to na jeden z tych „dziwnych pobocznych transferów”, który jest prawdziwy.

Źródło: Anderson, M., & Seifert, H. (2011). Opportunity and Means: Horizontal Gene Transfer from the Human Host to a Bacterial Pathogen *mBio*, 2 (1) DOI: [10.1128/mBio.00005-11](https://doi.org/10.1128/mBio.00005-11)

Longo, M., O'Neill, M., & O'Neill, R. (2011). Abundant Human DNA Contamination Identified in Non-Primate Genome Databases *PLoS ONE*, 6 (2) DOI: [10.1371/journal.pone.0016410](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0016410)

[Tekst oryginału](http://blogs.discovermagazine.com/notrocketscience/2011/02/16/gonorrhoea-has-picked-up-human-dna-and-that%E2%80%99s-just-the-beginning/) (<http://blogs.discovermagazine.com/notrocketscience/2011/02/16/gonorrhoea-has-picked-up-human-dna-and-that%E2%80%99s-just-the-beginning/>).

Not Exactly Rocket Science/Discover, 19 lutego 2011

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: 26-02-2011)

[Oryginał.](http://www.racjonalista.pl/kk.php/s,954) (<http://www.racjonalista.pl/kk.php/s,954>)

Contents Copyright © 2000-2011 Mariusz Agnosiewicz

Programming Copyright © 2001-2011 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 prezentuje.

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