

EWA BARTNIK

*Instytut Genetyki i Biotechnologii Uniwersytetu Warszawskiego  
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN  
Pawińskiego 5a, 02-106 Warszawa  
E-mail: ebartnik@igib.uw.edu.pl*

## GMO W PERSPEKTYWIE EWOLUCJI

Kilkanaście lat temu w dawnym Zakładzie Genetyki Uniwersytetu Warszawskiego w Alejach Ujazdowskich na tablicy ogłoszeń wisiał wycięty z jakiegoś pisma rysunek, który zginał przy przeprowadzce na ul. Pawińskiego, i którego nie udało mi się odnaleźć. Na rysunku było zwierzę złożone z elementów wielu różnych organizmów, a obok stało dwóch panów, z których jeden mówił do drugiego: „I mówicie kumie, że to nie żadna inżynieria genetyczna tylko zwykła ruja i poróbstwo?”.

GMO są z nami od ponad 30 lat i obawy przed nimi są tak powszechne, i tak głębokie, że trudno z nimi walczyć. Znacznie bardziej boimy się rzeczy nieistniejących w naturze, niż naturalnych – na przykład w połowie lat 70. w prestiżowej uczelni amerykańskiej Massachusetts Institute of Technology znacznie więcej zezwoleń wymagało wprowadzenie genu bakterii *Escherichia coli* do tej samej bakterii niż praca z wirusem białaczki kociej. Zresztą wówczas przeciwnicy GMO (wtedy były to tylko mikroorganizmy – rośliny i zwierzęta pojawiły się później) twierdzili, że nie ma sensu prowadzić badań z ich zastosowaniem, bo można i aplikacyjne i podstawowe badania prowadzić starymi i znanymi metodami, osiągając te same efekty. Oczywiście nikt nie jest prorokiem, ale patrząc na osiągnięcia ostatnich 30 lat – takie jak rekombinowane leki, szczepionki przeciwko wielu chorobom, znajomość genomu ludzkiego, możliwości wczesnego wykrywania wielu chorób czy terapii specyficznych dla pewnych nowotworów, i mając nadal przed sobą perspektywy terapii genowej, można się tylko cieszyć, że przeciwnikom GMO nie udało się powstrzymać postępu nauki.

Jednak cel tej pracy jest trochę inny – nawiązując do tego, co było napisane na samym początku, natura bez ingerencji człowieka dokonywała rzeczy dziwnych i interesujących w dziedzinie przenoszenia genów z jednego organizmu do drugiego – i gdyby nie to, świat w obecnej swojej postaci by nie istniał. Nie jest możliwe opisanie wszystkich przypadków tego typu, ograniczę się więc do ogólnego zarysu zjawiska i paru szczegółowych przykładów. Chciałabym napisać o powstaniu komórki eukariotycznej, powstaniu organelli i zmniejszaniu genomów przodków chloroplastów i mitochondriów oraz o przenoszeniu genów między bakteriami i między organizmami eukariotycznymi i bakteriami.

Od 1976 r. uważa się, że istnieją 3 wielkie gałęzie (domeny) drzewa ewolucyjnego organizmów – archeony, bakterie (eubakterie) i eukarionty (DOOLITTLE 1999). Pierwsza komórka będąca przodkiem współczesnych eukariontów powstała prawdopodobnie przez zlanie się dwóch bakterii – należących do Eu- i Arche- bakterii. Geny jądrowe eukariontów wykazują podobieństwa do genów obu grup bakterii, ale bardzo ogólnie geny związane z metabolizmem są bardziej podobne do genów eubakteryjnych, a aparat transkrypcji, translacji itp. do genów archebakterii. Nie uważa się już obecnie, że kiedykolwiek istniały eukarionty pozbawione mitochondriów, raczej powstanie mitochondrium i powstanie komórki eukariotycznej są tym samym momentem. Komórki eukariotyczne pozbawione mitochondriów, dawniej koronny dowód na istnienie prymitywnych eukariontów przed wejściem eubakterii do wczesnej komórki eukariotycznej, wykazują

ślady, że kiedyś miały mitochondria. Eubakteryjny partner tej fuzji najprawdopodobniej był dość podobny do współczesnych alfa-proteobakterii. Miał około 1000 genów, które powoli były przekazywane do genomu jądrowego. Ten proces przebiegał różnie w różnych gałęziach eukariontów, w których pozostało w genomie mitochondrialnym od kilku do około stu genów, a u niektórych organizmów DNA mitochondrialny całkowicie został usunięty. Czyli nastąpiło przenoszenie genów na ogromną skalę, na ogół z powodzeniem, ale nie zawsze – w genomie ludzkim znajdują się na przykład niefunkcjonalne pseudogeny homologiczne do genów znajdujących w mitochondrialnym DNA (DOOLITTLE 1999; GRAY i wsp. 1999).

W ewolucji mitochondriów zaszło dziwne zjawisko – bakteryjna polimeraza RNA, którą musiała pierwotnie posiadać bakteria, z której powstały mitochondria, została zastąpiona przez polimerazę pochodzącą od wirusa bakteryjnego z grupy bakteriofagów T-nieparazytycznych (CERMAKIAN i współaut. 1997). Jednak to zjawisko nie nastąpiło od razu – mitochondria pierwotniaka *Reclinomonas americana*, mające najwięcej genów w swoim DNA, który najbardziej przypomina pierwotny genom mitochondrialny, mają bakteryjną, a nie fagową polimerazę RNA (GRAY i współaut. 1999). Czyli możemy jako przykład przenoszenia genów w procesie ewolucji podać także gen faga, który jest w mitochondriach ogromnej większości organizmów eukariotycznych, a który wbudował się kiedyś do DNA mitochondrialnego, zastępując bakteryjną polimerazę, i już tam pozostał.

U roślin oprócz mitochondriów obecne są też chloroplasty, potomkowie wnikięcia bakterii do komórki eukariotycznej. Tu także nastąpiło przekazywanie genów z DNA wczesnych chloroplastów do genomu jądrowego, z dodatkowymi komplikacjami przekazów w trójkącie jądro-chloroplast-mitochondrium. Warto może dodać, że w odróżnieniu od w miarę stabilnych genomów mitochondrialnych zwierząt, u roślin genomy te mają różne wielkości u jednego gatunku i rekombinują między sobą (GRAY i współaut. 1999).

Bakterie mają szereg mechanizmów, które umożliwiają przenoszenie genów między nimi, są to: transformacja (czyli pobieranie DNA przez bakterie i wbudowywanie go do genomu), transdukcja (czyli przenoszenie fragmentów DNA przez bakteriofagi) i koniugacja (czyli proces przekazywania DNA w zjawisku, gdzie bakterie dwóch

różnych płci łączą się ze sobą, i bakteria męska przekazuje geny bakterii żeńskiej). Zjawisko transformacji kilkadziesiąt lat temu było tym, które udowodniło, że materiałem genetycznym jest DNA a nie białka, jak wówczas przypuszczało wielu naukowców. Przenoszenie genów wśród bakterii jest zjawiskiem niesłychanie powszechnym. Z praktycznego punktu widzenia może stanowić poważny problem, przy przenoszeniu oporności na leki z jednej bakterii do innych; ale także stanowi problem przy badaniach nad pokrewieństwem między bakteriami. Na ogół badania takie oparte są na porównywaniu sekwencji wybranych genów i okazuje się często, że różne geny dają różne wyniki. Dla przykładu warto podać, że porównanie kilku różnych odmian tego samego gatunku może dać szokujące wyniki pod kątem liczby wspólnych genów – często spora część genów jest charakterystyczna tylko dla danego szczepu. Na przykład dwa szczepy *E. col*, K12 i O157: H7, mają oprócz wspólnych genów takie, które występują wyłącznie w jednym ze szczepów, ale nie w drugim – jest ich odpowiednio 528 i 1387, co stanowi znaczną część genomu tej bakterii (PERNA i współaut. 2001). Badając 8 szczepów *Streptococcus agalactiae* stwierdzono, że genom tego organizmu zawiera 3 klasy genów: obecne we wszystkich szczepach, obecne w pewnych, ale nie wszystkich izolatach i takie, które są tylko w jednym, ale nie w pozostałych (patrz FRASER-LIGGETT 2006).

Przenoszenie genów z bakterii do organizmów wielokomórkowych wydaje się być bardzo rzadkie. Nieliczne przykłady obejmują m.in. obecność genomów endosymbionta *Wolbachia* w genomie gospodarza *Drosophila* (HOTOPP i współaut. 2007), jednak linia płciowa organizmów wielokomórkowych wydaje się być w znacznym stopniu chroniona przed tego typu „wtrętami”. Większość podawanych przykładów przenoszenia genów bakterii do organizmów eukariotycznych obejmuje organizmy jednokomórkowe pobierające pokarm za pomocą fagocytozy (ANDERSSON 2005). W literaturze jest wiele przykładów zjawiska zwanego bądź LGT (ang. lateral gene transfer) bądź HGT (ang. horizontal gene transfer) – horyzontalnego przenoszenia genów. Na ogół zakłada się, że gen jest wynikiem takiego procesu jeśli jest podobny w znacznym stopniu do genu innego organizmu. W miarę jak rośnie liczba genomów o w pełni poznanej sekwencji

prawdopodobnie liczba znanych przykładów LGT/HGT będzie rosła.

Warto wspomnieć jeszcze o tym, że przenoszenie genów nie jest zakończonym procesem, odbywa się nadal. W genomach obecne są ruchome sekwencje (sekwencje insercyjne, transpozony), czy też endonukleazy typu „homing”, spotykane w genomie mitochondrialnym wielu grzybów i w genomie jądrowym bakterii i drożdży, które „wskakują” do genomów nie zawierających tych ruchomych sekwencji. Czyli genomy nasze i innych żywych organizmów są w stanie ciągłych zmian, z których niektóre będą też przechodzić na następne pokolenia.

Gdyby nie wiele zjawisk w przeszłości, w których geny przechodziły z jednej bakterii

do drugiej, czy z organelli do jąder komórkowych, świat istot żywych by wyglądał inaczej. Inżynieria genetyczna wykorzystuje całkiem naturalne enzymy i fragmenty DNA po to by precyzyjnie zmieniać organizmy, szczególnie takie, które mają znaczenie przemysłowe. Na rynku jest wiele leków pozyskiwanych z organizmów typu GMO; będzie ich na pewno więcej. W USA spore obszary upraw obsadzone są przez rośliny transgeniczne. Nie jest celem tego artykułu zachęcanie wszystkich do hodowania transgenicznych roślin czy zwierząt, ale może warto zastanowić się nad tym, że w naturze przenoszenie genów było czymś, co zachodziło przez wiele lat bez pomocy inżynierii genetycznej.

## GMO IN THE LIGHT OF EVOLUTION

### Summary

Genetically modified organisms are perceived by many as unnatural man-made creations, which are an inappropriate intervention into the natural order. In

this paper I try to show that had genes not jumped and recombined, we would not be here.

### LITERATURA

- ANDERSSON J. O., 2005. *Lateral gene transfer in eukaryotes*. Cell. Mol. Life Sci. 62, 1182-1197.
- CERMAKIAN N., IKEDA T. M., CEDERGREN R., GRAY M. W., 1997. *Sequences homologous to yeast mitochondrial and bacteriophage T3 and T7 RNA polymerases are widespread through the eukaryotic lineage*. Nucleic Acids Res. 24, 648-654.
- DOOLITTLE W. F., 1999. *Phylogenetic classification and the universal tree*. Science 284, 2124-2128.
- FRASER-LIGGETT C. M., 2005. *Insights on biology and evolution from microbial gene sequencing*. Genome Res. 15, 1603-1610.
- GRAY M. W., BURGER G., LANG B. F., 1999. *Mitochondrial evolution*. Science 283, 1475-1480.
- HOTOPP J. C., CLARK M. E., OLIVIEIRA D. C., FOSTER J. M., FISCHER P., TORRES M. C., GIEBEL J. D., KUMAR N., ISHMAEL N., WANG S., INGRAM J., NENE R. V., SHEPARD J., TOMKINS J., RICHARDS S., SPIRO D. J., GHEDIN E., SLATKO B. E., TETTELIN H., WERREN J. H., 2007. *Widespread lateral gene transfer from intracellular bacteria to multicellular eukaryotes*. Science 317, 1753-1756.
- PERNA N. T., PLUNKETT G. III, BURLAND V., MAU B., GLASNER J. D., ROSE D. J., MAYHEW G. F., EVANS P. S., GREGOR J., KIRKPATRICK H. A. POSFAI G., HACKETT J., KLINK S., BOUTIN A., SHAO Y., MILLER L., GROTBEC E. J., DAVIS N. W., LIM A., DIMALANTA E. T., POTAMOUCIS K. D., APODACA J., ANANTHARAMAN T. S., LIN J., YEN G., SCHWARTZ D. C., WELCH R. A., BLATTNER F. R., 2001. *Genome sequences of enterohaemorrhagic Escherichia coli O157:H7*. Nature 409, 529-533.