



Priopćenje za javnost

Kontakt: Ured za odnose s javnošću
Mob.: +385 (98) 480-671
e-mail: info@irb.hr

Zagreb, 15. 07. 2010.

Ruđerovci objavili dva vrhunska rada o evoluciji genoma

Znanstvenici iz Zavoda za molekularnu biologiju IRB-a nedavno su objavili dva rada u vrlo uglednom znanstvenom časopisu *Molecular Biology and Evolution*. Ovaj časopis rangiran je kao drugi najbolji časopis u području evolucijske biologije i ima izuzetno visok faktor utjecaja (9.872). Oba rada donose novosti u području istraživanja genoma višestaničnih organizama, koristeći kao model organizme kukce kornjaše i spužve.

Današnja tehnologija omogućuje brzo i relativno jednostavno „čitanje“ genetičke informacije sadržane u strukturi, odnosno u sekvenci molekule DNA. Tako je u genomskim projektima određena sekvenca DNA mnogih organizama, uključujući i čovjeka, ali ipak je još uvijek nepoznato koja je uloga najvećeg dijela DNA molekule. Naime, geni, odnosno zapisi u kojima je sadržana informacija koja određuje izgled i funkciju organizama, čine tek oko 2% ukupnog genoma. Preostali sadržaj u najvećem dijelu predstavlja nepoznanicu, poput tamne materije u svemiru.

Dr. sc. Matija Harcet, dr. sc. Helena Četković i dipl. inž. Drago Perina iz Laboratorija za molekularnu genetiku u suradnji s profesorom Kristianom Vlahovičekom i dipl. inž. Mašom Roller s Biološkog odsjeka PMF-a u Zagrebu, te profesorom Wernerom E.G. Müllerom i dr. sc. Matthiasom Wiensom sa Sveučilišta u Mainzu, autori su rada pod nazivom "Demosponge EST sequencing reveals a complex genetic toolkit of the simplest metazoans".

Ovaj rad predstavlja prvu sustavnu studiju gena i genoma spužava. Spužve su jedna od najjednostavnijih skupina višestaničnih životinja, koje su se među prvima razvile na Zemlji. Vrlo su jednostavne građe, ne posjeduju prava tkiva ni organe (za razliku od složenijih životinja), i imaju svega desetak vrsta stanica. Upravo evolucijski položaj spužvi i njihova izravna srodnost sa zajedničkim pretkom svih životinja čine ih izuzetno zanimljivim modelom istraživanja, posebno na razini DNA. Takva istraživanja nam mogu dati uvid u «početno stanje» genoma zajedničkog pretka prije no što je nastala većina raznolikih životinjskih vrsta kakve poznajemo danas, a također mogu ukazati i na trendove u evoluciji genoma pojedinih razvojnih linija životinja.

Istraživači su ustanovili da spužve imaju složen genom koji se sastoji od neočekivano velikog broja gena koji obavljaju raznolike funkcije, a time su ukazali i na to da je složenost genoma svojstvo koje je bilo prisutno već kod zajedničkog pretka svih životinja, prije pojave drugih složenijih elemenata tjelesne građe.



Nadalje, uočili su neobično veliku sličnost između proteina spužve i čovjeka što upućuje na razmjerno sporu evoluciju unutar te dvije razvojne linije te dodatno pokazali i da je u evoluciji nekih razvojnih linija unutar skupine životinja gubitak gena vrlo važan evolucijski proces.

Objavljeni rad autori su posvetili pokojnoj dr. sc. Veri Gamulin, dugogodišnjoj voditeljici Laboratorija za molekularnu genetiku na IRB-u, koja je velik dio svojeg znanstvenog rada posvetila istraživanjima molekularne genetike spužava, a potaknula je i ovo istraživanje.

Rad pod nazivom „Parallelism in Evolution of Highly Repetitive DNAs in Sibling Species“ koji su u istom časopisu objavili dr. sc. Brankica Mravinac i dr. sc. Miroslav Plohl iz Laboratorija za strukturu i funkciju heterokromatina Instituta „Ruđer Bošković“, donosi rezultate istraživanja na misterioznim sekvencama DNA. Radi se o motivima koji se u određenim dijelovima genoma ponavljaju na desetine tisuća puta, kao kada bi se u tekstu kojega čitamo neka nerazumljiva riječ uzastopno ponavljala u dugom nizu. Takve motive nalazimo u područjima ključnim za funkcioniranje kromosoma, a time i genoma u cjelini, kao što su centromerna područja, presudna u diobi stanica. Jedna od osobitosti uzastopno ponovljenih nizova sekvenci DNA jest i ta da se razlikuju čak i među blisko srodnim vrstama i vjerojatno su odgovorne za reproduktivnu izolaciju, odnosno nemogućnost stvaranja međuvrskih križanaca.

U objavljenom radu proučavana je struktura i evolucija uzastopno ponovljenih sekvenci DNA u genomima dviju blisko srodnih vrsta kukaca kornjaša, koje je gotovo nemoguće razlikovati po morfološkim osobinama.

Autori su otkrili da razlika među vrstama postoji u sekvenci DNA dva tipa uzastopno ponovljenih elemenata, ali ne i u njihovoj organizacijskoj strukturi unutar centromernog područja. Rezultat navodi na zaključak da su ovi elementi evoluirali usporedno u obje vrste, stvarajući time komplementarne, ali ipak različite strukture. Usporedna evolucija ukazuje na selektivni pritisak koji održava moguću ulogu ponovljenih genomskih elemenata, za koje se dugo vremena mislilo da predstavljaju beskoristan genomska „otpad“.

Ovaj rad razrješava određena pitanja vezana uz strukturu, evoluciju i ulogu uzastopno ponovljenih sekvenci DNA, a predstavlja dio dugogodišnjih istraživanja u Laboratoriju za strukturu i funkciju heterokromatina, po čemu su znanstvenici ovog laboratorija prepoznati u svijetu. Posebna vrijednost ovog rada objavljenog u jednom od najprestižnijih svjetskih znanstvenih časopisa iz područja molekularne evolucije jest u tomu što je to u cjelosti „domaći proizvod“, osmišljen i izrađen u Institutu „Ruđer Bošković“.

Korisne poveznice: <http://mbe.oxfordjournals.org/cgi/content/abstract/msq174>
<http://mbe.oxfordjournals.org/cgi/content/abstract/msq068>

