

[Akceptuję](#)

W ramach naszej witryny stosujemy pliki cookies w celu świadczenia państwu usług na najwyższym poziomie, w tym w sposób dostosowany do indywidualnych potrzeb. Korzystanie z witryny bez zmiany ustawień dotyczących cookies oznacza, że będą one zamieszczone w Państwa urządzeniu końcowym. Możecie Państwo dokonać w każdym czasie zmiany ustawień dotyczących cookies. Więcej szczegółów w naszej [Polityce Prywatności](#)

[Portal Informacje](#) [Katalog firm](#) [Praca](#) [Szkolenia](#) [Wydarzenia](#) [Porównania międzylaboratoryjne](#)
[Kontakt](#)



[Laboratoria](#)
[.net](#)
[Innowacje](#)
[Nauka](#)
[Technologie](#)

[Logowanie](#) [Rejestracja](#) [pl](#)

Newsletter

zapisz się



- [Nowe technologie](#)
- [Felieton](#)
- [Tygodnik "Nature"](#)
- [Edukacja](#)
- [Artykuły](#)
- [Przemysł](#)

[Strona główna](#) > [Tygodnik "Nature"](#)

Ujawniono „przepis” na główne organy człowieka



Mapę epigenomu, tj. chemicznych modyfikacji DNA, kilkunastu najważniejszych narządów człowieka - opublikowali naukowcy z USA na łamach czasopisma „Nature”. Epigenom decyduje o specyficznej strukturze i funkcji danego narządu.

Zdaniem autorów pracy atlas epigenomu najważniejszych narządów człowieka będzie punktem wyjścia do tego, by lepiej zrozumieć ich rozwój, prawidłowe funkcje oraz powstawanie zaburzeń w ich działaniu.

Od ponad dekad naukowcy dysponują mapą ludzkiego genomu, czyli kompletną sekwencją DNA, w którym zapisane są informacje na temat budowy i funkcji naszego organizmu. Jednak sama informacja o sekwencji DNA nie wystarczy by zrozumieć, jak działa nasz organizm, nie pozwala także m.in. na poznanie przyczyn zaburzeń mogących prowadzić do rozwoju wielu schorzeń. To trochę tak, jakby podać listę składników na daną potrawę bez instrukcji jej wykonania.

Dowodem na to jest fakt, że choć wszystkie nasze komórki mają identyczne DNA, to ich wygląd i funkcja są bardzo odmienne w zależności od tego jaką tkankę czy narząd tworzą. Jest to spowodowane m.in. tym, że różnią się one znacznie pod względem aktywności genów, która jest regulowana przez różne mechanizmy.

Najlepiej poznany z nich jest chemiczna modyfikacja materiału genetycznego, która polega na dołączaniu grup metylowych do DNA (tzw. metylacja). Nie zmienia ona sekwencji DNA, ale sprawia, że odpowiednie geny zostają unieczynnione w tych komórkach, w których ich aktywność nie jest potrzebna. Dlatego na przykład komórki mózgu nie produkują enzymów trawiennych, które są wydzielane przez komórki obecne w układzie pokarmowym.

Charakterystyczny dla danej osoby wzorec wszystkich chemicznych modyfikacji DNA (jak również białek, na które DNA jest nawinięte, tzw. histonów) jest określany mianem epigenomu. Potencjalnie jest on również dziedziczny, podobnie jak sekwencja DNA. Wiadomo jednak, że czynniki środowiska, w tym nasz styl życia, mogą przyczyniać się do zmian w epigenomie, a przez to wpływać na ryzyko różnych zaburzeń czy chorób.

Dlatego poznanie epigenomu różnych narządów, a także czynników, które mają wpływ na jego zmiany, jest tak ważne.

Naukowcy z Salk Institute for Biological Studies w La Jolla w Kalifornii wykonali analizę epigenomu 18 różnych tkanek pobranych od czterech zmarłych osób.

„Odkryliśmy, że wzorzec metylacji DNA w komórkach poszczególnych narządów jest na tyle odmienny, że na jego podstawie można ocenić, czy jest to tkanka mięśniowa, czy pobrana np. z grasicy” – komentuje współautor pracy prof. Joseph R. Ecker, dyrektor Genomic Analysis Laboratory w Salk Institute. Tak jak oczekiwano, metylacja okazała się odzwierciedlać funkcje pełnione przez daną tkankę.

Pewną niespodzianką było to, że w komórkach niektórych tkanek proces metylacji DNA był bardzo intensywny, jak np. w grasicy, a w innych wyjątkowo słaby, np. w trzustce. Na razie naukowcy nie potrafią wyjaśnić dlaczego.

Innym zaskakującym odkryciem było to, że nietypowa metylacja, określana z j. ang. non-CG methylation (tj. metylacja poza parami zasad cytozyna-guanina), którą wcześniej obserwowano jedynie w komórkach macierzystych, komórkach tkanki mózgu oraz mięśniach szkieletowych, jest bardziej rozpowszechniona w genomie i występuje w różnych tkankach dorosłego organizmu człowieka. Badacze nie wiedzą jeszcze, jaką rolę pełni ten specyficzny wzorzec metylacji, ale podejrzewają, że jego obecność świadczy o występowaniu w danej tkance komórek macierzystych, będących źródłem odnowy i regeneracji komórek.

Autorzy pracy podkreślają, że wyniki ich analizy to zaledwie pierwszy krok na drodze do zrozumienia wzorca metylacji w różnych tkankach. Pozostało jeszcze wiele narządów do zbadania, trzeba też m.in. lepiej zrozumieć czynniki mające wpływ na zmiany zachodzące w epigenomie.

Badacze liczą, że w przyszłości rezultaty tych badań pomogą lepiej poznać mechanizm rozwoju wielu schorzeń, których źródłem są zmiany w epigenomie.

Można sobie wyobrazić, że w przyszłości u pacjentów z danym schorzeniem będziemy nie tylko charakteryzować zmiany w komórkach pobranych z chorego narządu, czy mutacje w genach, ale też zmiany epigenetyczne, podsumowuje prof. Ecker.

Źródło: www.naukawpolsce.pap.pl
<http://laboratoria.net/naturecom/23720.html>

Informacje dnia: Twój blat w dygestorium nie spełnia Twoich oczekiwań? Potrzebne regulacje dot. norm i zasad hałasu turbin wiatrowych Naukowcy zbadali, jakie obrazy zapadają częściej w pamięć Człowiek poprzez emisję gazów spowodował ocieplenie Sztuczna inteligencja diagnozuje spektrum autyzmu Autonomiczne hulajnogi elektryczne Twój blat w dygestorium nie spełnia Twoich oczekiwań? Potrzebne regulacje dot. norm i zasad hałasu turbin wiatrowych Naukowcy zbadali, jakie obrazy zapadają częściej w pamięć Człowiek poprzez emisję gazów spowodował ocieplenie Sztuczna inteligencja diagnozuje spektrum autyzmu Autonomiczne hulajnogi elektryczne

Partnerzy