

### [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

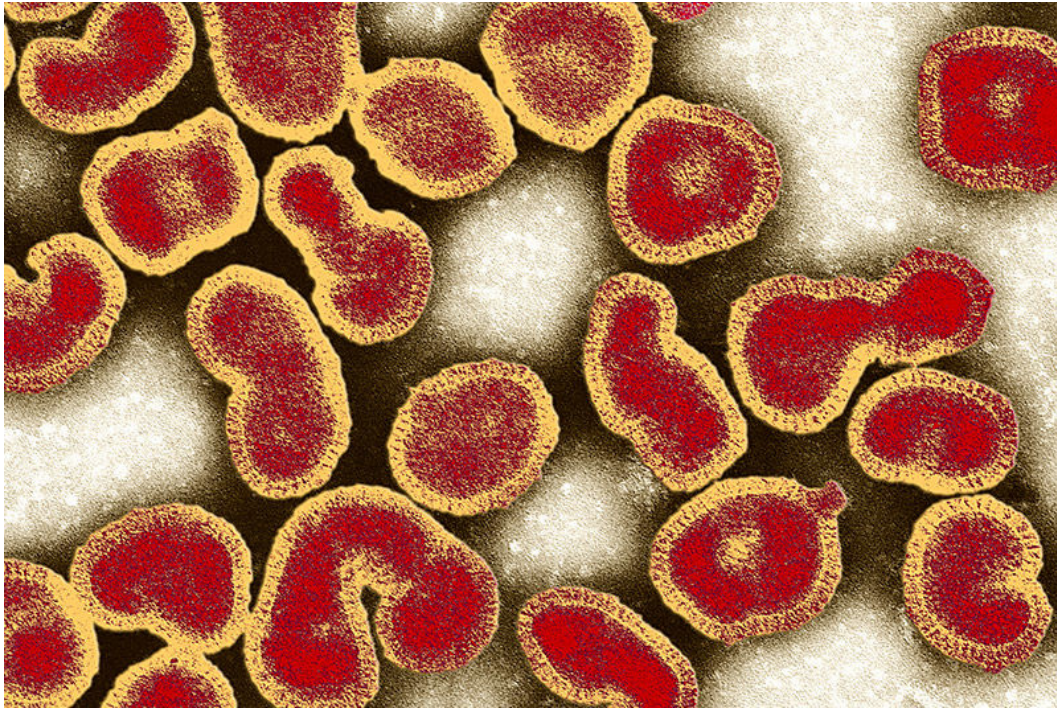


- [Nowe technologie](#)
- [Felieton](#)
- [Tygodnik "Nature"](#)
- [Edukacja](#)
- [Artykuły](#)
- [Przemysł](#)

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

## Wirus grypy zsekwencjonowany w formie pierwotnej

Bezpośrednie sekwencjonowanie cząsteczek RNA, takich jak genomy wirusów, może pomóc odkryć rolę zagadkowych modyfikacji chemicznych w materiale genetycznym.



*Wirus grypy to pierwszy RNA wirus, który został zsekwencjonowany w stanie pierwotnym. Zdjęcie: Dr. Gopal Murti/Getty*

Genom wirusa grypy został po raz pierwszy w pełni zsekwencjonowany w naturalnej formie RNA. Wcześniej, wszystkie genomy grypy, jak również innych wirusów, które zawierają materiał genetyczny jako RNA, były określane poprzez przenoszenie cząsteczki na DNA. Pierwotny genom grypy został opracowany przy zastosowaniu technologii sekwencjonowania nanoporowego, polegającej na odczytywaniu nici RNA przechodzących przez miniaturowy otwór w cząsteczce.

- Po raz pierwszy możemy naprawdę spojrzeć na istotę genomu w jego oryginalnej postaci - mówi John Barnes - mikrobiolog z amerykańskiego Centrum ds. Zapobiegania i Kontroli Chorób (CDC) w Atlancie, który przeprowadził temu osiągnięciu, opisanemu w przeddruku opublikowanym na serwerze bioRxiv 12 kwietnia. - To naprawdę zaczyna otwierać wiele możliwości.

Barnesa i innych naukowców najbardziej interesują badania genomów wirusów oraz innych form RNA u różnych rodzajów organizmów, również ludzkich. Naukowcy chcą zbadać tajemnicze chemiczne ornamenty na cząsteczkach RNA, które mogą wpłynąć na ich funkcje w komórkach, ale dotąd były trudne do zbadania. - Największą ekscytację budzą modyfikacje RNA - mówi Ewan Birney, bioinformatyk i współkierownik Europejskiego Instytutu Bioinformatyki w Hinxton w Wielkiej Brytanii. Birney mówi, że podejście jest "transformatywne".

Pod względem chemicznym RNA jest podobny do swojego bardziej znanego kuzyna - DNA. W organizmach komórkowych służy jako pośrednik pomiędzy genami kodowanymi w DNA a białkami, oraz pełni inne funkcje w komórce. Lecz wiele wirusów - w tym wywołujące polio, gorączkę Ebola i pospolite przeziębienie - zapisuje informacje genetyczne jako RNA, a nie DNA. Barnes - kierownik zespołu ds genomiki grypy w CDC, mówi, że nikt wcześniej nie zsekwencjonował genomu RNA wirusa, bo wydawało się to prawie niemożliwe. Poprzednio stosowane metody sekwencjonowania pierwotnych nici RNA polegały na rozkładzie zasad, lub liter, jedna po drugiej, i nie zmieniły się za wiele od ich wynalezienia pod koniec lat siedemdziesiątych XX wieku. W ramach rekompensaty, niemal całe "sekwencjonowanie RNA" wykorzystuje enzym wirusa zwany odwrotną transkryptazą, która przepisuje RNA na bardziej przyjazne dla sekwencera nici DNA.

## Mały znaczy wielki

Nanopory oferują prostszy sposób sekwencjonowania rzeczywistych cząsteczek RNA, takich jak genomów wirusów. Technologia polega na dostarczaniu prądu elektrycznego do porów cząsteczkowych w skali nano, a następnie na pomiarze wskazań drgań prądu podczas przechodzenia materiału genetycznego.

W styczniu, badacze z wiodącej instytucji pracującej nad tą technologią - brytyjskiego Oxford Nanopore Technologies, zsekwenkowali bezpośrednio RNA używając urządzenia o wymiarach tabliczki czekolady zwanego MinION. Ta inicjatywa badała transkrypty matrycowego RNA - rodziny cząsteczek RNA przenoszących informacje z DNA do zbudowania białek.

Zespół Barnesa zastosował tę metodę do genomu grypy A, który zawiera około 13 500 liter RNA i składa się z ośmiu segmentów. Barnes mówi, że podejście jego zespołu nie jest gotowe na najlepszy czas antenowy. Wymagało ono dużo wirusa grypy oraz wielokrotnego przetwarzania surowych danych, aby likwidować niemożliwe do uniknięcia błędy sekwencjonowania. Jednak technologia nanoporów szybko się rozwija i Barnes ma nadzieję, że z kolejnymi usprawnieniami, bezpośrednie sekwencjonowanie grypy i innych RNA wirusów będzie rutynowym postępowaniem.

U góry listy życzeń jego i innych naukowców znajdują się metody identyfikacji modyfikacji chemicznych RNA. Do tej pory zidentyfikowano ich ponad 100, ale naukowcy nie wiedzą, jaką większość z nich odgrywa rolę, głównie dlatego, że nie dało się ich systematycznie badać. Zespół Oxford Nanopore odkrył dwie częste modyfikacje RNA, zwane metkami. Birney, który jest konsultantem tej firmy, spodziewa się, że technologia pozwoli na znalezienie więcej modyfikacji, gdy algorytmy uczenia maszynowego zostaną wykorzystane do odkrycia cech metek.

Sekwencjonowanie zmodyfikowanych zasad RNA byłoby "dużą sprawą" w branży, mówi Bryan Cullen, wirusolog w Duke University w Durham, w Karolinie Północnej. Jego zespół odkrył w zeszłym roku, że metka nazwana m6A wydaje się zmieniać ekspresję genów grypy podczas infekcji u myszy, co wspiera replikację wirusa. Cullen dodaje, że obecne metody wykrywania takich modyfikacji są czasochłonne i drogie. Stacy Horner, współkierowniczka Duke's Center for RNA Biology, mówi, że sekwencjonowanie nanoporowe mogłoby również ujawnić ukrytą różnorodność RNA wirusów, która zostaje utracona przy innych metodach polegających na preparowaniu o wiele krótszych elementów materiału genetycznego do stworzenia genomu.

Birney mówi, że choć metody nie są jeszcze doskonałe, biologowie są podekscytowani tym, że wkrótce będą mogli zsekwenkować całe genomy wirusów i inne cząsteczki RNA w ich naturalnej formie. - Nagle mamy technologię, żeby tego dokonać. To dość niesamowite.

Źródło: [www.nature.com/articles/d41586-018-04908-5](http://www.nature.com/articles/d41586-018-04908-5)

<http://laboratoria.net/naturecom/28392.html>

**Informacje dnia:** [W Polsce żyje miasto ludzi uratowanych dzięki przeszczepom szpiku](#) [Popularny lek na tarczycę może mieć związek z zanikiem kości](#) [W ostatnich 60 latach światowa produkcja żywności stale rosła](#) [Sztuczna inteligencja niesie zagrożenia dla rynku pracy](#) [Program naprawczy dla NCBR IChF PAN z grantem KE](#) [W Polsce żyje miasto ludzi uratowanych dzięki przeszczepom szpiku](#) [Popularny lek na tarczycę może mieć związek z zanikiem kości](#) [W ostatnich 60 latach światowa produkcja żywności stale rosła](#) [Sztuczna inteligencja niesie zagrożenia dla rynku pracy](#) [Program naprawczy dla NCBR IChF PAN z grantem KE](#) [W Polsce żyje miasto ludzi uratowanych dzięki przeszczepom szpiku](#) [Popularny lek na tarczycę może mieć związek z zanikiem kości](#) [W ostatnich 60](#)

[latach światowa produkcja żywności stale rosła Sztuczna inteligencja niesie zagrożenia dla rynku pracy Program naprawczy dla NCBR IChF PAN z grantem KE](#)

## **Partnerzy**