

[Akceptuje](#)

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

Naukowy styl życia

Nauka i biznes

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

[Strona główna](#) > [Informacje](#)

Polacy współautorami pierwszej czterowymiarowej mapy

Naukowcy, m.in. z Polski, opublikowali na łamach „Nature” najpełniejszą mapę 4D ułożenia DNA w jądrze komórkowym człowieka. Pokazali, że sposób jego upakowania w przestrzeni

i w czasie wpływa na działanie genów i może pomóc przewidywać skutki mutacji.

W każdej komórce ludzkiego ciała znajduje się około dwumetrowa nić DNA. Problem w tym, że musi się ona zmieścić w jądrze o średnicy kilku mikrometrów. Jest więc nie tylko ciasno upakowana, ale też precyzyjnie zorganizowana, aby geny i ich regulatory mogły działać w odpowiednim czasie i miejscu. I właśnie tę organizację postanowili zbadać naukowcy z międzynarodowego konsorcjum 4D Nucleome, w tym badacze z Politechniki Warszawskiej i Uniwersytetu Warszawskiego.

Efektom ich prac jest pierwszy atlas 4D nukleomu człowieka, czyli szczegółowa mapa ułożenia nici DNA w trzech wymiarach oraz tego, jak układ ten zmienia się w czasie.

- Można powiedzieć, że projekt 4D Nucleome jest naturalną kontynuacją wcześniejszych badań nad genomem człowieka. Na początku lat 2000, w ramach „Human Genome Project”, międzynarodowy zespół naukowców odczytał pełną sekwencję genomu jednej osoby. Następnie projekt „1000 Genomes” pozwolił poznać sekwencje DNA wielu osób, ujawniając ogromną zmienność między ludźmi - od pojedynczych mutacji nukleotydów po większe warianty strukturalne, takie jak delecje czy duplikacje. Kolejnym krokiem była identyfikacja i interpretacja wzorców epigenomicznych (np. metylacji DNA i innych potranslacyjnych modyfikacji białek oddziałujących z DNA) w wielu liniach komórkowych, reprezentujących główne tkanki ludzkie. I w końcu teraz skupiliśmy się na przestrzennym ułożeniu chromatyny (DNA wraz ze związanymi z nim białkami) w jądrze oraz jego dynamice w czasie, co pozwoli lepiej zrozumieć, jak struktura genomu wpływa na funkcjonowanie komórki - powiedział w rozmowie z PAP prof. dr hab. Dariusz Plewczyński z Wydziału Matematyki i Nauk Informatycznych Politechniki Warszawskiej oraz Centrum Nowych Technologii Uniwersytetu Warszawskiego, jeden z autorów [publikacji](#).

Jak wyjaśnił, choć DNA ma formę długiej nici, to w jądrze komórkowym układa się w skomplikowaną, przestrzenną strukturę, która zmienia się w czasie. Badania z zakresu genomiki 3D oraz wysokorozdzielczego obrazowania ujawniły obecność pętli chromatynowych i domen genomowych, w obrębie których niektóre fragmenty DNA znajdują się bliżej siebie w przestrzeni, a inne dalej. Ma to duże znaczenie dla ich funkcji biologicznej, ponieważ liniowo fragmenty te mogą być oddalone nawet o miliony par zasad, a w przestrzeni mogą się ze sobą kontaktować.

Projekt 4D Nucleome ujawnił, że te odległości nie są przypadkowe - są podyktowane funkcjonalnie istotnymi relacjami pomiędzy promotorami genów a elementami regulacyjnymi, czyli enhancerami. Enhancery odpowiadają za aktywację transkrypcji genów i są specyficzne dla danej tkanki. Dzięki nim np. w neuronach aktywne są geny odpowiedzialne za funkcje układu nerwowego, podczas gdy w komórkach wątroby włączone są geny kodujące białka niezbędne dla funkcjonowania tego narządu.

- Bliskość elementów regulatorowych w przestrzeni trójwymiarowej względem promotora danego genu wpływa na poziom ekspresji tego genu, czyli jego aktywność w danej komórce i w ustalonym momencie. Wykazaliśmy, że zależność między bliskością przestrzenną fragmentów DNA a ich funkcją biologiczną wpływa na aktywność genomu - zaznaczył prof. Plewczyński.

Jego zdaniem można to porównać do paradygmatu znanego z badań nad białkami: sekwencja aminokwasowa determinuje strukturę trójwymiarową białka, a ta z kolei pozwala zrozumieć jego funkcję biologiczną. W przypadku genomu paradygmat jest podobny, choć bardziej skomplikowany i trudniejszy do zbadania, ponieważ zamiast ok. 300 aminokwasów w DNA mamy ponad trzy miliardy par zasad.

Dodatkowo każda komórka cechuje się innym ułożeniem chromatyny. Nie istnieje więc jedna trójwymiarowa struktura charakteryzująca stan komórki; zamiast tego obserwuje się raczej cały

zespół możliwych struktur 3D, unikalny dla danej tkanki.

Ważną częścią projektu 4D Nucleome, poza zmapowaniem przestrzennej organizacji DNA, było określenie, jak ta struktura zmienia się w czasie. Członkowie zespołu badawczego analizowali więc dynamikę genomu, czyli reorganizację chromatyny w jądrze komórkowym, np. w różnych momentach cyklu komórkowego czy w odpowiedzi na różne sygnały z otoczenia. Chcieli zrozumieć, jak przestrzeń i czas razem wpływają na funkcjonowanie komórki i działanie całego organizmu.

- Nie ograniczaliśmy się do jednego „zamrożonego” obrazu genomu. W żywym organizmie DNA cały czas się przemieszcza i reorganizuje. Zrozumienie tej dynamiki ma duże znaczenie praktyczne - powiedział prof. Plewczyński.

Okazuje się bowiem, że niektóre mutacje genetyczne w regionach niekodujących nie zmieniają samej sekwencji kodowanego przez gen białka, ale raczej jego położenie w przestrzeni trójwymiarowej. W efekcie gen może się przemieszczać w inne miejsce jądra i tracić kontakt z ważnymi regulatorami, co wpływa na jego działanie, zmniejszając lub zwiększając poziom transkrypcji i prowadząc do chorób.

Układ DNA w jądrze może zmieniać się również w odpowiedzi na czynniki stresowe, takie jak niedobór tlenu czy stres replikacyjny. Komórka musi na nie reagować - aktywować geny potrzebne do przetrwania, przemieszczając je w przestrzeni trójwymiarowej, aby mogły efektywniej współdziałać z odpowiednimi regulatorami, a jednocześnie wyciszać te geny, które mogłyby w danej sytuacji zaszkodzić lub które nie są potrzebne.

Jak podsumował prof. Plewczyński, badania w ramach projektu 4D Nucleome, pozwolą też w przybliżeniu określić nieznane dotąd funkcje biologiczne różnych regionów DNA, odkrywając trzeci wymiar informacji biologicznej. Analizując ekspresję genu w konkretnym czasie i konkretnej tkance, interakcje przestrzenne DNA oraz zmiany epigenomiczne, można stawiać hipotezy o tym, w jakich komórkach geny są aktywne, i w jakich procesach mogą uczestniczyć. Nie daje to pełnego zrozumienia mechanizmu działania genu, ale pozwala na orientacyjną ocenę jego roli biologicznej w badanym kontekście.

Projekt 4D Nucleome prowadzony był przez międzynarodowe konsorcjum badawcze, skupiające setki naukowców z kilkudziesięciu instytucji na całym świecie. Jest wynikiem połączenia prac genetyków, biologów komórki, specjalistów modelowania komputerowego, bioinformatyków, biofizyków i matematyków.

Polski zespół - prof. dr hab. Dariusz Plewczyński, dr Mateusz Chiliński i dr Kaustav Sengupta z Politechniki Warszawskiej oraz Centrum Nowych Technologii UW - zajmował się dwoma obszarami związanymi z modelowaniem komputerowym. Pierwszym było tworzenie biofizycznych modeli trójwymiarowej struktury chromatyny, odwzorowujących dynamiczne procesy zachodzące w jądrze komórkowym. Drugi obejmował zaawansowane modele sztucznej inteligencji, które przewidywały zmiany ekspresji genów oraz trójwymiarowej struktury genomu, w tym skutki wprowadzanych do DNA mutacji punktowych czy wariantów strukturalnych (np. delecji).

Źródło: pap.pl

<https://laboratoria.net/aktualnosci/32841.html>



13-04-2026

Mity na temat epilepsji

Atak epilepsji nie zawsze przebiega tak samo.



13-04-2026

Marzec był drugim najcieplejszym miesiącem w Europie

Wynika z danych naukowców unijnego programu obserwacji Ziemi Copernicus.



13-04-2026

Sporadyczne picie dużych ilości alkoholu

Może trzykrotnie zwiększać ryzyko uszkodzenia wątroby.



13-04-2026

W nagłych przypadkach ChatGPT Health często uspokaja

Zamiast zalecać szukanie pomocy.



13-04-2026

Dieta bogata w warzywa i owoce zmniejsza ryzyko demencji nawet u...

Sugerują badania opublikowane przez pismo „Neurology”.



13-04-2026

Nie kompromitujcie nas, czyli jak chronić dane biometryczne

Naukowiec przewiduje, czy w przyszłości uda się utrudnić kradzieże.



13-04-2026

Ruszyła Akademia Energii Jądrowej

Pilotażowy program edukacyjny Polskich Elektrowni Jądrowych.



13-04-2026

Neurolog w Światowym Dniu Choroby Parkinsona

Chorych będzie coraz więcej

Informacje dnia: [Mity na temat epilepsji](#) [Marzec był drugim najcieplejszym miesiącem w Europie](#) [Sporadyczne picie dużych ilości alkoholu](#) [W nagłych przypadkach ChatGPT Health często uspokaja](#) [Dieta bogata w warzywa i owoce zmniejsza ryzyko demencji nawet u seniorów](#) [Nie kompromitujcie nas, czyli jak chronić dane biometryczne](#) [Mity na temat epilepsji](#) [Marzec był drugim najcieplejszym miesiącem w Europie](#) [Sporadyczne picie dużych ilości alkoholu](#) [W nagłych przypadkach ChatGPT Health często uspokaja](#) [Dieta bogata w warzywa i owoce zmniejsza ryzyko demencji nawet u seniorów](#) [Nie kompromitujcie nas, czyli jak chronić dane biometryczne](#) [Mity na temat epilepsji](#) [Marzec był drugim najcieplejszym miesiącem w Europie](#) [Sporadyczne picie dużych ilości alkoholu](#) [W nagłych przypadkach ChatGPT Health często uspokaja](#) [Dieta bogata w warzywa i owoce zmniejsza ryzyko demencji nawet u seniorów](#) [Nie kompromitujcie nas, czyli jak chronić dane biometryczne](#)

Partnerzy