

"Polska mafia" nadaje ton nauce



Mariusz Jaskólski 2011-11-08, ostatnia aktualizacja 2011-11-08 19:08:03.0

Mało kto wie, że dzięki odkryciom polskich naukowców powstały skuteczne leki dla chorych na AIDS. A w przewidywaniu struktury białek Polacy nie mają na świecie sobie równych. Za tydzień w Warszawie odbędzie się konferencja krystalograficzna, na którą zjedzie kwiat polskiej nauki z całego świata

Nauki biologiczne przeżyły w ostatnich kilku dekadach dwa niesamowite przyspieszenia, które nie tylko posunęły naszą wiedzę niemal o kilka epok do przodu, ale jednocześnie przeniosły nowoczesną biologię do nauk ścisłych. Pierwszy z tych przełomów dokonał się w połowie XX wieku i związany był z wykorzystaniem metodyki krystalograficznej, polegającej na dyfrakcji promieni Röntgena do wyznaczania struktury przestrzennej makromolekuł biologicznych - białek i kwasów nukleinowych. Warto sobie uzmysłowić, że te "molekuły życia" to gigantyczne konstrukcje zbudowane z tysięcy, a w skrajnych przypadkach nawet z setek tysięcy atomów. Aby zrozumieć funkcjonowanie tych olbrzymów, należy poznać ich dokładną budowę atomową - tym właśnie zajmuje się krystalografia. Pionierem tych badań był Max Perutz, brytyjski biochemik i krystalograf pochodzenia austriackiego, który w 1937 r. postanowił wyznaczyć strukturę hemoglobiny. Udało mu się to dopiero w 1959 r., za co zresztą otrzymał 3 lata później Nagrodę Nobla. Dziś znamy 80 tys. struktur, z czego 88 proc. zawdzięczamy krystalografii.

Kolebką badań biokrystalograficznych była Wielka Brytania, choć podstawy metodyki stworzyli fizycy niemieccy, jak Wilhelm Konrad Röntgen czy Max von Laue. Polska dołączyła do krajów uprawiających krystalografię białek bardzo późno. Pierwsze laboratorium, Centrum Badań Biokrystalograficznych w Instytucie Chemii Bioorganicznej PAN (IChB PAN), powstało w 1994 r. w Poznaniu, następne kilka lat później w Międzynarodowym Instytucie Biologii Molekularnej i Komórkowej (MIBMiK) w Warszawie. Tak późny start szczególnie dziwi, gdy przypomnimy, że Tadeusz Baranowski w słynnej lwowskiej szkole biochemicznej Jakuba Parnasa już w 1939 r., a więc niemal równocześnie z Perutzem, krystalizował białka i planował ich badania rentgenograficzne, co niestety, przerwała wojna.

To, że Polska była przez kilka dekad pustynią biokrystalograficzną nie oznacza, że dyscypliny tej nie uprawiali ludzie urodzeni nad Wisłą. Wręcz przeciwnie, duży odsetek emigracji naukowej lat 70. i 80. (a niestety, i dzisiejszej) to nazwiska, które na świecie są często synonimem osiągnięć biologii strukturalnej. Jako przykład wymienić można dr Aleksandra Włodawera, zmuszonego do opuszczenia Polski w 1968 r. (obecnie pracuje w Narodowym Instytucie Raka w USA), odkrywcę struktury ważnych enzymów retrovirusów (w tym HIV). Dzięki jego odkryciom powstały skuteczne leki dla chorych na AIDS, blokujące działanie tych enzymów. Inne nazwiska to profesorowie Zbigniew Otwinowski (University of Texas, USA) i Władysław Minor (University of Virginia, USA), których program do analizy danych dyfrakcyjnych jest w Panteonie najczęściej cytowanych prac, a uzyskane za jego pomocą wyniki służą nie tylko zaspokajaniu ciekawości naukowców, ale przyczyniają się np. do szybszego opracowywania skutecznych leków, a więc służą nam wszystkim.

Warto wspomnieć jeszcze dr Andrzeja Joachimiaka, dyrektora Centrum Biologii Strukturalnej w Argonne National Laboratory, pod Chicago, kierującego programem genomiki strukturalnej. Genomika strukturalna to "koń pociągowy" dzisiejszej biologii strukturalnej. Wyrostała na styku krystalografii i genomiki - ze znacznym udziałem bioinformatyki. Stawia sobie za cel poznanie struktury wszystkich białek poszczególnych organizmów, dla których ustalono sekwencję DNA całego genomu. Eksperymenty dyfrakcyjne prowadzi się wykorzystując promieniowanie rentgenowskie generowane w potężnych cyklotronach zwanych synchrotronami. Największy synchrotron znajduje się właśnie w Argonne. Przykłady polskich krystalografów "na uchodźstwie" można mnożyć - dość powiedzieć, że ich diaspora nazywana jest żartobliwie - i z nutką zazdrości - "polską mafią krystalograficzną".

Drugi przełom w naukach biologicznych przypadł z grubsza na przełom XX i XXI wieku i wiązał się z gwałtownym rozwojem informatyki. Metody bioinformatyczne były konieczne, by ogarnąć lawinę informacji genetycznej generowaną przez coraz lepsze metody sekwencjonowania genomów kolejnych organizmów, a nawet całych ekosystemów. Udział Polaków w wybuchowym rozwoju bioinformatyki, szczególnie metod modelowania struktury biomolekuł, wyglądał nieco inaczej, gdyż w tej dyscyplinie nasi obecni byliśmy od początku, często kładąc podwaliny nowych metod. Odmienność sytuacji polega też na tym, że metody komputerowe są znacznie tańsze niż doświadczalne - być może dlatego bardzo dobre polskie zespoły bioinformatyczne pojawiły się dość wcześnie, zarówno w kraju jak i za granicą. Do grona tego należą, przykładowo, prof. Andrzej Koliński (Uniwersytet Warszawski) i dr Adam Godzik (Burnham Institute, San Diego, USA) oraz z młodszego pokolenia dr Leszek Rychlewski (BioInfoBank) i prof. Janusz Bujnicki (MIBMiK i Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu). O sile bioinformatyków o polskich korzeniach świadczy zdobywanie przez nich najwyższych laurów w organizowanych co dwa lata międzynarodowych zawodach w przewidywaniu struktury białek.

Czy obecność tak wielu znakomitych uczonych o polskich korzeniach w tak wielu miejscach za granicą i stosunkowo niewiele w Polsce, to powód do dumy, czy raczej do zadumy? Chyba i jedno, i drugie. Najważniejsze, że te znakomite umysły i talenty znalazły na świecie warunki, gdzie mogły się w pełni rozwijać. Smutne jest jednak, że tak rzadko zdarza się to w Polsce i na dobrą sprawę nikogo to nie zastanawia. A przecież inwestowanie w naukę i edukację - choćby poprzez wykształcenie tak wspaniałego grona "polskiej mafii krystalograficznej" - doskonale się opłaca. Rozumieją to inni, tylko nie nasi politycy. Pojawiają się jednak nieliczne promyki nadziei. Fundacja na rzecz Nauki Polskiej od 20 lat czyni heroiczne wysiłki, wspierając najlepszych, aby mogli stać się jeszcze lepsi. Również Narodowe Centrum Nauki zainaugurowało działalność w dobrym stylu. Te jasne punkty nie tworzą jednak jeszcze świetlanej sytuacji, zwłaszcza, że nakłady na naukę w Polsce są ciągle żenująco niskie.

Z tego rodzaju refleksji, jak również ze zwyczajnej chęci spotkania się w Starym Kraju ludzi, których nierzadko łączą więzy przyjaźni, zrodził się pomysł zorganizowania zjazdu biologów strukturalnych wywodzących się z Polski. Jego inicjatorem był prof. Witold Filipowicz, światowej sławy biochemik z Instytutu Badań Biomedycznych im. F. Mieschera w Bazylei. Konferencja pod nazwą [Multi-Pole Approach to Structural Biology](#) odbędzie się 16-19 listopada br. w Warszawie. "Multi-Pole" oznacza, że w biologii strukturalnej ma wiele do powiedzenia sporo Polaków. Ale multipole (bardziej złożone niż dipole) to również struktury elektronowe w badanych strukturach molekularnych, a także skomplikowane wielobiegunowe magnesy stosowane w synchrotronach generujących promieniowanie rentgenowskie.

Choć głównymi luminarzami konferencji będzie około 35 wybitnych uczonych o polskich korzeniach, ma ona charakter międzynarodowy. Będziemy na niej mówić o najnowszych osiągnięciach biologii strukturalnej, z naciskiem na odkrycia dokonane z udziałem osób polskiego pochodzenia, przeważnie wykształconych w Polsce. Ale nie tylko. Prof. Wojciech Rypniewski wykształcił się w Anglii, a pracuje w Polsce (IChB PAN). Prof. Matthias Bochtler z Niemiec znalazł doskonałe warunki w MIBMiK, osiadł w Polsce i na konferencji wystąpi jako jeden z członków "polskiej mafii". Wykłady wygłoszą także młodzi liderzy nauki. Chcemy wykazać, że inwestowanie w szkolnictwo wyższe i naukę w Polsce jest bardzo opłacalne oraz zachęcić studentów do pracy badawczej w tej fascynującej dziedzinie jaką jest biologia strukturalna.

Najlepszym tego przykładem jest niezwykła historia, która zostanie zaprezentowana na konferencji, z pogranicza krystalografii, bioinformatyki i gier komputerowych. Jeden z polskich zespołów biokrystalograficznych długo zmagał się z rozszyfrowaniem struktury białka retrowirusowego, która daje nadzieję na otwarcie nowych możliwości terapeutycznych w przypadku AIDS. W desperacji krystalografowie zwrócili się do bioinformatyków w USA o pomoc, ale i ich zaawansowane, lecz tradycyjne metody, zawiodły. Zrodził się wówczas szalony pomysł, aby zagadkę struktury tego białka przedstawić internautom w formie gry komputerowej. W trwającym trzy tygodnie "turnieju" ok. 250 tys. internautów wygenerowało ponad milion modeli badanego białka, a jeden z nich był tak doskonały, że pozwolił "od ręki" rozwiązać wieloletnią zagadkę naukową!

Biologia strukturalna weszła właśnie w fazę kolejnego przyspieszenia, które bez wątpienia przeniesie nas w obszary wymykające się wyobraźni. Z jednej strony, ogromny postęp techniczny, głównie metod generowania promieniowania rentgenowskiego o astronomicznej jasności, stwarza możliwości badania coraz większych kompleksów makromolekularnych (takich jak rybosom), a nawet tak złożonych obiektów jak komórki organizmów. Z drugiej, genomika strukturalna wzięła pod lupę wiele groźnych patogenów. Na rozszyfrowanie struktury ich białek czekają niecierpliwie specjaliści od projektowania leków. Można z dużą dozą nadziei oczekiwać, że przyniesie to już wkrótce znaczący postęp w medycynie.

Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski pracuje w Zakładzie Krystalografii na Wydziale Chemii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza oraz kieruje Centrum Badań Biokrystalograficznych w Instytucie Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu, które stworzył od podstaw. Bada strukturę białek roślin i współzwiązanych z nimi organizmów, a także czynników patogennych wywołujących choroby człowieka. W 2001 r. odkrył mechanizm agregacji jednego z białek tworzących amyloid w mózgu, za co otrzymał "polskiego Nobla" - prestiżową Nagrodę Fundacji na rzecz Nauki Polskiej.

Czym jest biokrystalografia?

Proces badawczy biokrystalografii rozpoczyna się zwykle od:

1. Przygotowania na drodze inżynierii genetycznej bardzo czystego białka, które następnie poddaje się procesowi krystalizacji (obecnie z zastosowaniem robotów).
2. Właściwe badania krystalograficzne polegają na zarejestrowaniu dyfrakcji na kryształach przy użyciu superintensywnego promieniowania rentgenowskiego generowanego w cyklotronie, zwanym synchrotronem. Obraz dyfrakcyjny po skomplikowanych obliczeniach zostaje przekształcony w mapę gęstości elektronowej kryształu, która

ujawnia obraz atomowy badanej molekuly.

3. Najciekawszy etap badań polega na interpretacji uzyskanych wyników i wiąże się nie tylko z odkrywaniem tajemnic molekularnych życia, ale i z zastosowaniami praktycznymi, takimi jak projektowanie leków, lepszych enzymów, czy rozwiązań dla produkcji żywności. W cyklu badawczym najczęściej występuje sprzężenie zwrotne - uzyskane wyniki podpowiadają nowe koncepcje badawcze.

Tekst pochodzi z serwisu Wyborcza.pl - <http://wyborcza.pl/0,0.html> © Agora SA
