



Przełomowe odkrycia i koncepcje po II wojnie światowej

Boska cząsteczka

WŁODZIMIERZ ZAGÓRSKI

Leży przede mną niepozorna książka, oprawna w granatowe płótno z wytłoczonymi na okładce inicjałami autora JDW i tytułem *The Double Helix*, wydana w 1968 roku, a opisująca, jak doszło do zapewne najważniejszego w XX wieku odkrycia w dziedzinie nauk przyrodniczych – czyli poznania struktury DNA. Odkrycie to przedstawia krótka praca Francisca Cricka i Jamesa D. Watsona, opublikowana w „Nature” (1953), zatytułowana *Genetical Implications of the Structure of Deoxyribonucleic Acid* i kończąca się zdaniem tchnącym lakonicznością, wyznaczającym nową erę biologii. To *veni, vidi, vici* zwycięzców w wyścigu o poznanie struktury genów brzmi: „nie uszły naszej uwadze implikacje biologiczne tej struktury”. W tym zdaniu zawiera się wszystko, co od tego czasu do dziś zdarzyło się w biologii.

Tak przynajmniej uznał Sir Lawrence Bragg w swoim wstępie do tej książki, w którym opisał pracę Jamesa D. Watsona i Francisca Cricka w kierowanym przez niego Cavendish Laboratory w Cambridge, stwierdzając wprost, że było to jedno z najważniejszych odkryć dokonanych w minionym stuleciu, transformujące właściwie całą naszą wiedzę o świecie ożywionym. Watson był tego świadomy, czego nie ukrywał, gdy namawiając swoją siostrę do przepisania na maszynie rękopisu pracy wysyłanej do „Nature”, przekonywał ją, że pozwala jej na udział w największym wydarzeniu w biologii od czasów dzieła Darwina. Wspominał o tym trochę kpiąco, ale też z młodzieńczą pewnością siebie. Pamiętać warto, że napisał to człowiek wyróżniony wraz z F. Crickiem i M. Willisem Nagrodą Nobla w 1962 roku, mający 25 lat w chwili ukazania się w „Nature”, owej przełomowej pracy.

Nie miejsce tu na opisywanie owej struktury ani sposobu, w jaki doszli do jej poznania przyszli nobliści. Ze strukturą tą dziś zapoznajemy się w szkole, gdzie dowiadujemy się, że DNA to splecione ze sobą dwa przeciwbieżne łańcuchy fosfonukleozydowe, na zewnątrz eksponujące reszty fosforo-cukrowe, a do środka helisy – związane z cukrami zasady azotowe (guaninę, tyminę, cytozynę, adeninę). Obowiązuje tu zasada komplementarności. G i C oraz A i T mogą tworzyć ze sobą pary, łącząc się wewnątrz helisy wiązaniami wodorowymi. Trik polega na tym, że ko-

lejność zasad w jednym łańcuchu (w zasadzie dowolna) narzuca poprzez komplementarność sekwencję ułożenia ich w drugim, przeciwnym łańcuchu. Tak więc sekwencja np. ...A-T-G-T..., wyznacza sekwencję drugiej nici zgodną z zasadą komplementarności, czyli ...T-A-C-U... Mówimy, że te naprzeciwległe sekwencje są jakby: jedna – matrycą, a druga – odciskiem. Rzeźba matrycy – jej kolejne elementy, znajdują swoje odbicie w odcisku – a to znaczy, że z odcisku można odtworzyć kolejność elementów matrycy, a matrycą zrobić nowy odcisk. I w tej zasadzie kryje się wszystko – czyli zdolność do powielania się organizmów, z utrzymaniem typu rodzicielskiego. Jednocześnie stało się natychmiast jasne, że kolejność zasad w matrycy nie musi być monotonna, a jak wspominałem – dowolna. To znaczy, że ta kolejność może nieść zapis liniowy, na takiej samej zasadzie jak zapis w alfabecie Morse’a, tyle że bardziej złożony, bo oparty nie na użyciu dwu (kropki i kreski), ale aż czterech rodzajów znaków (zasad A, G, C, T). Tak więc autorzy owej pracy mogli przyjąć, że np. liniowa sekwencja ...AAUUGCTC... może nieść zakodowaną treść i to inną niż zbudowana z tych samych elementów sekwencja choćby ...UUAACGCT... Sama struktura DNA, podana przez Watsona i Cricka, zawierała od razu sugestię, że ta makromolekuła jest liniowym zapisem kodu genetycznego. To, że właśnie DNA jest nośnikiem informacji genetycznej, wiedziano już wcześniej.

Pierwszą propozycję rozszyfrowania tego kodu podał w 1954 roku wielki astrofizyk George Gamow. Zwrócił uwagę, że istnieje 20 różnych aminokwasów (cegiełek budulcowych białek, polimerów o budowie kontrolowanej przez geny), a znaki w kodzie genetycznym są 4. Wynika z tego, że kod nie może być dwójkowy, lecz minimum trójkowy. Permutacja 2 elementów daje tylko 12 różnych sąsiedztw. Uznał też, iż kod powinien być zachodzący. Te spostrzeżenia rozwinęli Crick i Watson, przyjmując, że kod jest trójkowy, liniowy, jednak niezachodzący. W sumie np. zapis w DNA w postaci trzech zasad, np. UUU, znaczyć miał wbudowanie w kodowane białko jednego aminokwasu – tu akurat, jak się okazało – fenyloalaniny. Kod taki miał być zdegenerowany, czyli że jeden aminokwas mogło kodować kilka zbliżonych, ale nieidentycznych kodonów. ▶

► Trójkowość, liniowość i niezachodzenie kodu udo-
wnił Crick eksperymentalnie, a treść kodu, czyli roz-
szyfrowanie, która trójka koduje jaki aminokwas, została
podana przez innych badaczy, wyróżnionych za to ko-
lejnymi Nagrodami Nobla. Oczywiście proste założenia
Cricka i Watsona okazały się nie zawsze obowiązujące.
Dziś wiemy, że aminokwasów w białku jest więcej (22),
że istnieją rejony, gdzie geny się na siebie nakładają i kod
odczytywany jest w dwu fazach (1 i +1), a w pewnych przy-
padkach odczyt może się „cofnąć” lub „przeskoczyć” jakiś
odcinek, a także odrzucić fragment kodu w wyniku „cięcia
i składania”. Ale mimo tych odstępstw reguła, że kod jest
zapisany w nici DNA, pozostaje w mocy. Rozszyfrowanie
struktury DNA i poznanie treści kodu genetycznego w ude-
rzający sposób wynika ze współdziałania genetyków i fi-
zyków. To biolog Georg Mendel wskazał (1866) istnienie
genów – jednostek dziedziczenia. Biolog Weissman (1922)
lokalizuje je w chromosomach, biochemik Haldane (1937)
zwraca uwagę, że powielanie genów prawdopodobnie
przypomina zasady rządzące produkcją płyt gramofo-
nowych, gdzie matryca odbija kopie, a kopie mogą być
użyte do odtworzenia matrycy. Fizyk Pasquale Jordan pro-
ponuje, że mechanizmy kwantowe stabilizują oddziały-
wania podobnego z podobnym i że ta zależność rządzi
replikacją genu. Fizycy Max Delbrück i Linus Pauling wyka-
zują teoretycznie, że większą stabilność będą miały kom-
pleksy dwu komplementarnych cząsteczek chemicznych
oddziałujących ze sobą naprzemianlegle. Biolog James
Watson, związany z Maxem Delbrückiem, wraz z fizy-
kiem Francisem Crickiem w mekke fizyki – Laboratorium
Cavendisha, wskazują (1953), że cząsteczka DNA jest
dwuniciowa, helikoidalna i zbudowana z dwu komplemen-
tarnych łańcuchów naprzemianległych. Problem genów,
zdefiniowany przez biologów, rozwiązali w rezultacie fizycy-
-teoretycy i doświadczalnicy – podając strukturę DNA
i reguły rządzące przepływem informacji genetycznej.

Dziś właściwie rozwój całego przyrodoznawstwa
opiera się na wykorzystywaniu wiedzy o DNA i zapisanej
w nim informacji. W ostatnich latach jesteśmy świadka-
mi poznawania sekwencji całych kompletów DNA wielu
organizmów. Biologia przechodzi tu na nowy etap. Opis
zjawiska życia zaczyna się na poziomie sekwencji geno-

mów łączyć z informatyką, powstaje nowa dziedzina –
biologia systemów. Znaczenie znajomości struktur DNA
dla cywilizacji wydaje się tak kluczowe, jak poznanie przez
fizyków subtelnej struktury materii. Biolodzy uzyskali kon-
trolę nad procesami życiowymi, stając się inżynierami
genetycznymi, przemieszczającymi wybrane odcinki DNA
wewnątrz i między gatunkami. Wszystko to wynika z po-
znania budowy DNA przez Watsona i Cricka.

Pro domo sua warto zaznaczyć, że w tej rewolucji
naukowej biorą udział zespoły naukowe IBB PAN, będące
współautorami prac podających pełne sekwencje DNA
drożdży, pantofelka, ziemniaka.

Czy podanie przez Watsona i Cricka struktury DNA
jest najważniejszym odkryciem naukowym XX wieku?
Jestem skłonny tak twierdzić. Zostawmy jednak to zagad-
nienie liczykropom naukometrii, którzy z chęcią wskażą,
że sumaryczny *impact factor* prac opartych na modelu
Watsona i Cricka jest taki a taki, oraz zwolennikom kremów
DNA albo przeciwnikom technik GMO i energumenom,
którzy – antropomorfizując cząsteczki chemiczne – wbi-
jają do mózgu publiki a to, że geny są samolubne a to,
że altruistyczne. A może dobre, a może złe. A te biedne
geny, czyli odcinki DNA, nie mają uczuć, tylko stałe aso-
cjacji z polimerazami DNA czy transkryptazami. Ale owe
rozprzestrzeniające się La Fontaine'owskie ujęcia dowodzą
tylko jednego: omawiane odkrycie ukazało nam otacza-
jącą rzeczywistość w nowym świetle, co niepokoi profa-
nów, skłaniając ich do mitologizacji genu.

WŁODZIMIERZ ZAGÓRSKI

Instytut Biochemii i Biofizyki PAN
członek korespondent PAU

Prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja jest biochemikiem
i biologiem molekularnym specjalizującym się w badaniach
mechanizmu biosyntezy białka i związanej z tym ekspresji genetycz-
nej wirusów roślinnych. W Instytucie Biochemii i Biofizyki PAN
w Warszawie zajmuje się mechanizmami syntezy białka i eks-
presją genetyczną wirusów o genomie występującym w postaci
tzw. nici (+) RNA.

List do redakcji

Prof. Alicja Wołodźko-Butkiewicz nagrodzona Medalem Puszkina

Szanowni Państwo,

Administracja polską nauką nie obchodzi się dobrze
z emerytowanymi naukowcami. Nawet gdy są nagradzani
za granicą – nikt o tym nie informuje. Dlatego posyłam
notkę (ja ją sporządziłam) o prof. Alicji Butkiewicz-Wo-
łodźko, em. profesor Uniwersytetu Warszawskiego (rusy-
cystyka), którą nagrodzono Medalem Puszkina za wybitne
osiągnięcia literaturoznawcze i translatorskie. Może ze-
chcieliby Państwo opublikować to w „PAUzie Akademickiej”?

Z miłymi wyrazami,

EWA ŁĘTOWSKA

8 listopada 2013

Alicja Wołodźko-Butkiewicz, emerytowana profesor
Uniwersytetu Warszawskiego (w latach 2002–2012 Dy-
rektor Instytutu Rusycystyki UW), we wrześniu 2013 roku
została odznaczona przez Prezydenta Federacji Rosyj-
skiej Medalem Puszkina. Odznaczenie to przyznawane
jest obywatelom Rosji i obcokrajowcom za najwyższe
zasługi w dziedzinie kultury i sztuki, nauk humanistycz-
nych i literatury, za wybitny wkład w rozwijanie kontaktów
naukowych i kulturalnych.

Prof. A. Wołodźko-Butkiewicz, niezależnie od pracy
naukowej i dydaktycznej na UW, ma bogaty dorobek trans-
latorski (m.in. słynna pieriestrojkowa powieść Czingiza
Ajtmatowa *Golgota; Michaił Bułhakow. Leksykon życia
i twórczości* Borysa Sokołowa; tom publicystyki Aleksandra
Sołżenicyna *Żyj bez kłamstwa*). Jej zasługą jest przyswo-
jenie polskiemu czytelnikowi kilkudziesięciu pozycji lite-
ratury rosyjskiej, wydawanej głównie przez PIW.