



## **Neredukovatelně složitý genom: navrženo od počátku**

Napsal Jeffrey Tomkins, Ph.D. \*

Představa o tom, z čeho se skládají geny a jak fungují, se od počátku moderní genomiky značně změnila. Éra moderní genomiky začala před 35 lety, kdy byl osekvenován první virový gen.<sup>1</sup> Od té doby byly úspěšně osekvenovány celé genomy různých mikrobů, rostlin a zvířat.

Když genový výzkum začínal, domnívali se vědci, že mezi geny a jejich produkty v podobě RNA a proteinů panuje poměr jedna ku jedná. Nicméně projekty zabývající se sekvenováním genomu záhy odhalily, že počet forem RNA a odpovídajících bílkovin více než stonásobně převyšuje počet genů zaznamenaných v sekvenci DNA. Teď už víme, že je to způsobeno mnoha složitými mechanismy, které jsou s fungováním genů spojeny. V případě genů rostlin a zvířat vzniká přepis RNA (transkript nebo též messenger RNA) přepisem několika úseků DNA v rámci jednoho genu. Tyto jednotlivé úseky se nazývají exony, zatímco nekódující úseky (introny) jsou při výrobě RNA vystříženy. Jeden gen tak pomocí různé kombinace exonů, vystřížením některých exonů nebo naopak jejich zdvojením může vytvořit řadu různých produktů-transkriptů. Tento proces se nazývá alternativní sestřih. Například tři lidské neurexinové geny vytvářejí přes 3000 různých transkriptů.<sup>2</sup>

Pokusíme se shrnout klíčové body sekulárního výzkumu v oblasti fungování genů a vytvořit tak souhrn, který by demonstroval neredukovatelnou složitost genomu. Princip neredukovatelné složitosti (to znamená, že systém nemůže vznikat postupným přidáváním jednotlivých prvků, anobrž musí být všechny prvky přítomny hned na začátku, protože jediné tak může daná věc fungovat) ukazuje, že koncepce evoluce - postupného vývoje genomu je přehnaně zjednodušená a nebere v potaz neuvěřitelnou složitost genomu, kterou ukázal výzkum posledních desetiletí.

V současnosti víme, že fungování genů zahrnuje: 1) rozličné regulátorové sekvence DNA, které fungují jako kontrolní prvky rozmístěné na strategických místech genových regionů, 2) komplexní propojení mezi geny a genovými sítěmi, 3) dynamickou regulaci třidimenzionální architektury chromozomů, 4) souhra chemie a konformačních rysů DNA, 5) rozdílné typy buněk v tkáni a jejich fyziologický stav a 6) vliv variací sekvencí DNA v genovém poolu. Každou z těchto kategorií můžeme rozdělit na další podkategorie.

Vědci se snažili u mnoha genů odvodit předem jejich různé formy sestřihu.<sup>3,4</sup> Toto úsilí je však komplikováno alternativním sestřihem mezi geny lokalizovanými na různých chromozomech.<sup>4</sup> Aby k tomuto mohlo dojít, musí se různé oblasti genomu k sobě v prostoru těsně přiblížit a vytvořit tak oblast vysoce složitě „genové továrny“.<sup>3</sup> Na této úrovni fungování genů je zapojeno všech šest výše zmíněných mechanismů, které dohromady vytváří doslova symfonii nevyzpytatelné složitosti.

Naše narůstající poznání DNA ukazuje na inteligentně navrženou abecedu genů a plně diskredituje koncepci, že se genom vyvíjel samovolně. Genom je neredukovatelně složitý systém, který byl od počátku navržen a zabudován ve své jedinečné podobě do každé stvořené bytosti tak, jak píše kniha Genesis.

#### Odkazy

1. See Sherwin, F. 2011. So, What *Is* a Gene? *Acts & Facts*. 40 (10): 16.
2. U of T researchers crack “splicing code,” solve a mystery underlying biological complexity. University of Toronto news release, May 5, 2010.
3. Barash, Y. et al. 2010. Deciphering the splicing code. *Nature*. 465 (7294): 53-59.
4. Horiuchi, T. and T. Aigaki. 2006. Alternative trans-splicing: a novel mode of pre-mRNA processing. *Biology of the Cell*. 98 (2): 135-140.

\* Dr. Tomkins je výzkumným autorem Institutu pro výzkum stvoření a svůj titul Ph.D. v oblasti genetiky získal na univerzitě v Clemsonu.