

Lidové noviny, 18.10.2008, Čárové kódy pro zvířata EVA VLČKOVÁ

Databáze vybraných částí DNA pomůže vědcům snadno a rychle určit živočišné druhy

Je treska na talíři opravdu treska? Kolik různých živočichů žije na Zemi? I na tyto otázky může odpovědět celosvětová databáze části kódu DNA. Do roku 2014 má obsahovat půl milionu druhů.

V genetické informaci každého živého organismu se nachází jedinečná kombinace párů nukleových kyselin označovaných písmeny A,G,C a T. Podle ní spolehlivě poznáme, o jaký druh jde. Přečíst celý genom je ovšem časově i finančně náročné. Například u primátů obsahuje genetická informace tři a půl miliardy písmen a kompletní přečtení lidského genomu trvalo několik let.

Před časem ale profesora Paula Heberta z University of Guelph v Kanadě napadlo, že by k určení druhů mohlo stačit analyzovat jen krátký úsek DNA. „Procházel jsem mezi regály v samoobsluze a přemýšlel o čárových kódech na zboží. Čtečka je pozná podle dvanáctimístné kombinace tenkých a tlustých čar. Napadlo mě, zda by se podobně jedinečná informace nenašla i v písmenech DNA,“ vzpomínal Hebert nedávno na stránkách měsíčníku Scientific American.

Pokud se podaří najít vhodný úsek DNA a vytvořit na jeho základě přístupnou databázi všech druhů rostlin a živočichů, teoreticky pak stačí analyzovat malý vzorek tkáně, připojit se k databázi a zjistit, jakému druhu daný kód odpovídá. Nebo případně zjistit, že jde o dosud neznámý a nepopsaný druh.

Nejvhodnější gen Jaký úsek dědičné výbavy si ale vybrat? Genetické informace se nacházejí nejen v buněčném jádru, ale také v mitochondriích. Ty v buňkách plní funkci jakýchsi energetických továren. A právě mitochondriální DNA (mtDNA) se ukázala být pro hledání „čárového kódu“ nejvhodnější.

„Tyto geny se předávají po mateřské linii, takže nemutují tak rychle jako jaderná DNA. K určování druhů se proto hodí nejlépe,“ vysvětluje docent Pavel Stopka, vedoucí katedry zoologie Přírodovědecké fakulty UK v Praze. „Spermie totiž před vniknutím do vajíčka odhodí bičík s mitochondriemi a dál nese geny jen v jádru,“ dodává český odborník.

Další výhodou je fakt, že mtDNA je hojnější než jaderná, takže se snáze získává i ze starých nebo částečně poškozených vzorků tkáně.

Stále ale zbývalo najít nejvhodnější úsek šroubovice, dostatečně krátký na to, aby šel přečíst za rozumnou dobu, a zároveň dost dlouhý na to, aby mohl spolehlivě identifikovat jednotlivé druhy.

Metodou pokus-omyl vědci nakonec dospěli ke genu CO1, který vyrábí enzym zvaný „podjednotka 1 cytochrom oxidázy“. Například u myši obsahuje vybraný úsek tohoto genu 648 písmen. U dvou lidí se tento gen liší zpravidla v jednom až dvou písmenech. Při srovnání genu člověka a šimpanze najdeme rozdíly na 60 místech, od goril nás odlišuje 70 písmen. Aby databáze pro určování druhů byla spolehlivá, je zapotřebí získat od každého druhu alespoň deset jedinců.

Gen CO1 mají všichni živočichové. „Cytochrom oxidáza je součástí dýchacího řetězce, kde katalyzuje redukci kyslíku na vodu. Protože jde o klíčový buněčný enzym, jeho sekvence musela úspěšně čelit výrazným selekčním tlakům. Proto ji lze použít jako molekulární marker pro taxony napříč celým živočišným spektrem,“ říká Čestmír Vlček, vedoucí oddělení genomiky a bioinformatiky **Ústavu molekulární genetiky AV ČR**.

S rostlinami je to složitější. Proti živočichům se snáz kříží a vznikají mezidruhovní hybridy s pomíchanými geny. Vhodný stabilní gen pro určování druhů ještě vědci nenašli, ale intenzivně po něm pátrají – testují například některé chlorofylové geny.

Není myš jako myš A k čemu to všechno bude dobré? Od dob Carla Linného, autora dodnes používané taxonomie, se příslušnost k jednotlivým druhům určovala podle vnějších znaků. Tímto způsobem biologové popsali na devět tisíc živočišných druhů.

„Metody molekulární genetiky v uplynulých letech umožnily toto číslo mnohonásobně zvýšit, protože se podařilo mezi známými živočichy odhalit tzv. skryté druhy. Například obyčejná myš domácí je celým komplexem druhů, kde najdeme myš východoevropskou, západoevropskou a podobně,“ upozorňuje docent Pavel Stopka.

Pro odborníky tedy může mít databáze genetických čárových kódů význam především při zjišťování celkové biodiverzity na Zemi i pro zhodnocení druhové pestrosti na konkrétních místech.

Už třetím rokem funguje projekt s názvem Barcode of Life („Čárový kód života“), jehož cílem je sestavit databázi sekvencí genu CO1 nejrůznějších živočichů. Do roku 2014 by měla obsahovat záznamy o půl milionu druhů včetně jejich popisu, fotografií a místa výskytu.

Od každého druhu je třeba analyzovat deset jedinců, to je celkem pět milionů vzorků. Na projektu se proto podílejí stovky výzkumných institucí z více než 50 zemí světa. Některé skupiny, například severoameričtí ptáci, jsou už v databázi téměř kompletní. Čeští vědci se do projektu zatím nezapojili, podle docenta Stopky je to ale jen otázka času.

Víte, co jíte?

Iniciátoři projektu Paul Hebert a Mark Stoeckle předpokládají, že se v budoucnu začnou prodávat příruční čtečky, které rychle a za rozumnou cenu analyzují libovolný vzorek. Připojením k databázi a porovnáním s jejími záznamy pak určí, o jaký druh se jedná.

Na stránkách časopisu Scientific American dvojice vědců nastiňuje vize, jak si zákazník během chvilky ověří, zda jídlo objednané v restauraci skutečně připravili z uvedených surovin.

Dcera Marka Stoecklea, osmnáctiletá studentka Kate, se spolužačkou Louisou Straussovou nedávno odebrala vzorky ze 60 ryb nabízených v restauracích v New Yorku a poslala je do otcovy laboratoře. Výsledky odborníky šokovaly: ve čtvrtině případů se na talíři ocitla jiná ryba, než tvrdil jídelní lístek.

Docházelo k záměnám středomořských parmic s karibskými, suši z bílého tuňáka ve skutečnosti obsahovalo maso levnější tilapie mosambické. Rybí filé, údajně z chňapala červeného, tedy ryby žijící hojně ve vodách Karibiku, ve skutečnosti pocházelo z ohroženého okouníka žíhaného ze severního Atlantiku.

Výsledky analýzy zveřejnil nedávno časopis New Scientist. Jasně z nich vyplývá, jak užitečnou službu by taková příruční čtečka poskytla. Podle Stoecklea se může uplatnit třeba i při hraničních kontrolách nebo na farmách, kde si zemědělci snadno zjistí, jaký škůdce jim ničí úrodu – a podle toho zvolí nejvhodnější metodu, jak se ho zbavit.

Zní to lákavě, ale podle českých odborníků tato představa zůstane ještě dlouho v oblasti sci-fi: „V dohledné době nebudou mít laikové jednoduchý a levný technický prostředek k přečtení čárového kódu z DNA. Zatím jde o časově i finančně náročnou metodu, k níž jsou zapotřebí laboratorní přístroje za několik milionů korun. Je to vlastně vědecký experiment, i když rutinní,“ podotýká Čestmír Vlček.

Nejprve se musí pomocí speciální soupravy izolovat veškerá DNA ze vzorku. Z ní se pak úsek, který nás zajímá (tedy písmena genu CO1), namnoží a potom přečte. V další fázi speciální počítačový program porovná výsledek se záznamy v databázi. Celý proces trvá několik hodin.

„Všechny přístroje se postupně miniaturizují a zdokonalují, takže teoreticky si takovou ruční čtečku umím představit. Určitě to ale nebude zítra a zpočátku nepůjde právě o levnou záležitost,“ uzavírá Pavel Stopka.

Inventura zvířat

Celosvětový projekt Barcode of Life (Čárový kód života) shromažďuje část genetických informací nejrůznějších druhů zvířat do přístupné databáze. Podle autorů v budoucnu umožní snadno a rychle poznat, k jakému druhu patří živočich, ze kterého jsme odebrali vzorek. Jde o neinvazivní metodu, pro analýzu stačí například chlup nebo stěr ze sliznice.

Foto popis| Metoda čárového kódu umožní určit i druhy živočichů, které si jsou velice podobné. Například kostarický motýl *Astraptes fulgerator*: až analýza DNA odhalila, že se pod tímto názvem skrývá deset různých druhů. Housenky se liší zbarvením, ale dospělí jedinci jsou k nerozeznání.

Foto popis| Jako čárový kód slouží gen CO1 z mitochondriální DNA. Jako kód slouží jeho 648 párů čtyř nukleových kyselin (C, A, T, G) uspořádaných do specifického pořadí pro každý druh. Přečtením genu z odebraného vzorku tkáně a jeho porovnáním s databází lze určit, k jakému druhu jedinec patří.

Foto popis| mitochondriální DNA gen CO1 se využívá jako čárový kód k identifikaci druhů

Foto autor| FOTO: BARCODE IN LIFE, SCIENTIFIC AMERICAN, ARCHIV // KOLÁŽ ŠIMON / LN

URL| <http://archiv.newton.cz/ln/2008/10/18/06fab85c030c53ffde4d29209f480e6d.asp>