

# Genetyka w szkole

W tym roku genetycy obchodzą okrągłą rocznicę. 10 lat temu, 26 stycznia 2000 roku, prezydent USA Bill Clinton wraz z premierem Wielkiej Brytanii Tonym Blairem ogłosili, że poznano sekwencję nukleotydową genomu człowieka. Czy to osiągnięcie zmieniło świat i wpłynęło na sposób nauczania biologii w polskich szkołach? Bez wątplenia odpowiedź na pierwsze pytanie brzmi TAK, natomiast na drugie odpowiedź pozostawiam Państwu.

■ PIOTR BORSUK

## Epoka genomu?

Genom człowieka nie był pierwszym, który zsekwencjonowano. Przygodę z genomiką biolodzy molekularni rozpoczęli od znacznie łatwiejszych obiektów, takich jak genomy prostych organizmów prokariotycznych, np. endopasożytniczych bakterii z rodzaju *Mycoplasma* (ok.  $5 \cdot 10^5$  par zasad i  $\sim 500$  genów). Podjęcie analizy małych genomów wynikało z ówczesnego zaawansowania technologicznego, zarówno jeśli chodzi o techniki sekwencjonowania, jak i metody informatycznej analizy uzyskiwanych danych.

Analiza sekwencji nukleotydowej genomów kręgowców, w tym również człowieka, w latach 80. XX wieku wydawała się celem nieosiągalnym. Czy poznanie materiału genetycznego bardzo prostej bakterii było krokiem milowym w rozwoju genetyki? Może to zabrzmieć dziwnie, ale w moim odczuciu nie. Było raczej demonstracją umiejętności. Pokazaniem, że potrafimy badać nie tylko pojedyncze geny, ale również całe ich zespoły. Porównanie jednak choćby wielkości genomu prostego endopasożyta komórkowego z genomem złożonego organizmu eukariotycznego, np. człowieka ( $3 \cdot 10^9$  par zasad), sugeruje, że poznanie budowy tego drugiego już takie proste nie będzie.

Ktoś mógłby zapytać, dlaczego. Przecież do badania genomu człowieka „wystarczyło” zatrudnić 10 tys. razy więcej naukowców, dać

im 10 tys. razy więcej sprzętu i 10 tys. razy więcej pieniędzy na odczynniki i oczekiwać, że stosunkowo szybko uporają się z problemem. Teoretycznie tak, tylko że teoria – teorią, a życie – życiem. Tego po prostu, z różnych przyczyn, nie dawało się tak łatwo zrobić! I nie pieniądze były podstawowym problemem, ale raczej czynnik ludzki. W 1990 roku, gdy ruszył projekt sekwencjonowania genomu człowieka, założono, że jego realizacja potrwa 15 lat i pochłonie, drobiazg, 3 mld dolarów. Dziś wiemy, że sukces przyszedł znacznie wcześniej. Stało się to dzięki rozwojowi półautomatycznych systemów sekwencjonowania i informatyki, również internetu, oraz... dyplomatycznym umiejętnościom prezydenta Cartera, który potrafił nakłonić do współpracy zważnionych naukowców.

Tak było zaledwie 10 lat temu. Dziś głośno jest o projekcie „sekwencjonowania 1000 ludzkich genomów”, który tak naprawdę zakłada poznanie 2500 genomów osób zamieszkujących całą kulę ziemską. Co więcej, uważa się, że projekt ten zostanie zrealizowany w ciągu zaledwie kilku lat. Nadto, specjaliści są przekonani, że już niedługo koszt zbadania genomu każdego z nas będzie wynosił zaledwie 1000 dolarów! Tyle, co stary samochód w bardzo kiepskim stanie!

Już dziś genomika bakterii stała się chlebem powszednim mikrobiologii. Coraz trudniej znaleźć ciekawy mikroorganizm,

którego genomu jeszcze nie zbadano! Zaczyna się czas metagenomiki, równocześnie badania genomów całych zespołów mikroorganizmów.

### Czy warto mieć na dyskiecie sekwencję nukleotydową swojego genomu?

Odpowiem TAK, jeśli ktoś lubi zaszpanować. Inaczej nie ma to sensu. Równie dobrze można sobie wygenerować losowy ciąg zbudowany z  $3 \cdot 10^9$  liter A, C, G, T i twierdzić, że to właśnie jest nasz genom. Z jednego i drugiego korzyść dla przeciętnego Kowalskiego jest taka sama, czyli żadna! Niestety prawdziwa sekwencja nukleotydowa genomu, bez możliwości interpretacji zawartej w niej informacji genetycznej, ma dokładnie taką samą wartość, jak losowo wygenerowany, odpowiednio duży zbiór czterech znaków drukarskich.

Mimo wysiłku tysięcy naukowców dziś jeszcze nie możemy się pochwalić umiejętnością bezbłędną interpretacją całej zawartej w genomie informacji o syntezie RNA, a w konsekwencji – również białek. Być może wyda się Państwu dziwne to, co napisałem, bo przecież dosyć szczegółowo znamy procesy związane z ekspresją informacji genetycznej i to zarówno u pro-, jak i eukariontów.

Problem właśnie w tym, że prawie znamy. Nadal wiele tajemnic kryją procesy regulacji ekspresji informacji genetycznej, w szczególności związane z dojrzewaniem i stabilnością cząsteczek RNA. Z punktu widzenia szkoły bardzo istotna jest aktualna wiedza na temat procesów biologicznych, zwłaszcza tych, którym podlegają nasze nośniki informacji genetycznej. Niestety wiedza, która do Państwa dociera, nie zawsze jest wiarygodna, co w szczególności dotyczy informacji przekazywanych przez mass media. Już chyba przyzwyczailiśmy się, choć to bardzo źle, do bezmyślnego używania terminu *kod genetyczny* w odniesieniu do DNA.

Pusty śmiech wywołują mutacje w kodzie genetycznym. Niestety problem sięga głębiej. Daleko posunięte i niewłaściwie stosowane uproszczenia powodują, że nawet osoby zorientowane w funkcjonowaniu systemów bio-

logicznych zaczynają popełniać poważne błędy. Nadto, przypuszczam, że właśnie pod wpływem mass mediów informacja genetyczna jest postrzegana jako zapis tego, jak wyglądamy, a zdaniem niektórych również tego, jak się zachowujemy. Zwykło się mówić o genach otyłości, cukrzycy, grup krwi, raka inteligencji itd. Tak też często uczymy, czego skutki obserwuję, gdy na ćwiczenia z genetyki trafiają studenci II roku Wydziału Biologii UW.

Niestety również genetyka klasyczna jest oparta na takim właśnie nieprawidłowym postrzeganiu genów. Problem w tym, że ta PRAWIE prawda indukuje poważne konsekwencje.

Zapewne genom można porównać do książki, ale nie takiej, która opisuje, jaki człowiek jest, lecz raczej do książki kucharskiej. Nie znajdziecie w niej Państwo opisu „dania” o nazwie *człowiek*, tylko informację, jak „upichcić” człowieka. To zdecydowanie nie to samo! Porównanie do książki kucharskiej jest o tyle trafne, że każdy, kto choć raz korzystał z książki kucharskiej, wie, że nawet ścisłe trzymanie się przepisu nie gwarantuje udanego „wypieku”. Czynniki środowiskowe to coś – często nieuchwytnie – co może dramatycznie zmienić produkt końcowy. Oczywiście „nasza książka kucharska” jest zdecydowanie bardziej złożona niż cokolwiek, co kiedykolwiek napisali wszyscy żyjący na ziemi kucharze. No bo z ilu składników kucharz sporządza swoje rarytasy... 10, 100? Cóż to jest w porównaniu z ponad 20 tys. genów znajdujących się w naszym genomie!

Złożoność systemów biologicznych potęguje ich dynamiczny charakter. Upieczona szarlotka nie zmienia się, jeśli nie doborą się do niej grzyby, bakterie lub oczywiście... łąkomczuch. Inaczej jest z nami. Dzięki zawartym w genomie instrukcjom powstajemy z pojedynczej komórki, potrafimy dostosować się do zmieniających się warunków środowiskowych, regenerują nasze tkanki, a i starość nie wydaje się być jedynie procesem prostego zużycia się materiałów, z których jesteśmy zbudowani. Dzieje się tak dzięki temu, że zawarta w genomie informacja funkcjonuje na więcej niż jednym poziomie.

Z jednej strony jest stabilnym „przepisem kucharskim”, który w formie kopii jest przekazywany kolejnym pokoleniom, równocześnie będąc kopią roboczą zawierającą wyrwkowe informacje, dostosowywaną do potrzeb komórki, tkanki, narządu czy organizmu.

Z drugiej jest informacją użytkową zawartą w sekwencji nukleotydu, ale również w kształtach cząsteczek białek i RNA. Ta ostatnia bardzo często decyduje o możliwościach ich oddziaływania z innymi cząsteczkami, w konsekwencji determinując funkcję pełnioną w komórce czy to jako elementu strukturotwórczego, czy też mniej lub bardziej aktywnego składnika metabolizmu komórki. Nie muszę chyba dodawać, że kształty cząsteczek, a więc i ich właściwości, mają charakter dynamiczny. Przykładowo białka same mogą zmieniać swój pokrój, ale również może to być efekt odwracalnych modyfikacji enzymatycznych, np. fosforylacji, w sposób istotny wpływających na kształt wielu białek, a co za tym idzie – ich właściwości, np. enzymatyczne.

Jak wynika nawet z tak niezwykle ogólnego opisu, geny i transkrypty, będące bezpośrednią konsekwencją transkrypcji znajdujących się w genomie genów, to struktury niezwykle złożone, niepodlegające prostym, zero-jedynkowym opisom. Ten drugi jest ponadto bardzo, bardzo dynamiczną populacją cząsteczek. Nie tylko syntetyzowanych, ale również degradowanych w ściśle określony i często precyzyjnie kontrolowany sposób.

### Jak prosto uczyć o złożoności

Uważam, że na to pytanie nie ma jednoznacznej odpowiedzi, a przynajmniej bardzo trudno ją znaleźć. Jestem zwolennikiem uczenia przyrody i biologii nie tylko z książek, ale może przede wszystkim przez ich bezpośrednie postrzeganie. Być może jest to w pewien sposób cofanie się do czasów Darwina, ale chyba jednak nie do końca. Oczywiście wiedzy książkowej nie można odrzucać. Jest ona, obok eksperymentu i obserwacji biologicznej, kamieniem węgielnym współczesnej biologii.

Chyba wszyscy się ze mną zgodzą, że – tak jak wielokrotnie pisał o tym na łamach „Bio-

logii w Szkole” Pan dr Sawiński – nauczanie przyrody i biologii to zdecydowanie coś więcej niż rozwiązywanie testów i przygotowywanie ucznia do egzaminów maturalnych. Zaryzykuję stwierdzenie, być może zbyt pompacyjne, że biologia uczy nas, jak żyć. Może dawniej było to bardziej oczywiste, a obecnie staje się nieco abstrakcyjne, no bo czy ktoś gołym okiem widział bakterię..., nie mówiąc już o pojedynczym allelu? Szczerze mówiąc, ja też ich nie widziałem, ale mógłbym przytoczyć tyle dowodów na ich istnienie, że nie ma znaczenia, czy je widziałem, czy też nie. Mój mózg akceptuje to, że są, tak jak akceptuje istnienie przedmiotów, które widziałem lub dotykałem, a na których istnienie nie mam innych dowodów.

Musimy pamiętać, że nasz mózg uczestniczy zarówno w postrzeganiu zmysłowym, jak i w analizie faktów. W nim kształtuje się ostateczna decyzja, czy istnienie obiektu o określonych właściwościach jest przez nas akceptowane, czy też nie. Niestety procesy zachodzące na poziomie molekularnym w komórce, np. transkrypcja, translacja, replikacja, są bezpośrednio dla naszych zmysłów nieosiągalne. Możemy albo przyjąć jako dogmat, że istnieją, wierząc, bez potrzeby dowodzenia, że mają określone właściwości i przebiegają tak, a nie inaczej i to jest, w moim odczuciu, typowy sposób przygotowywania uczniów do matury lub rozwiązywania testów na olimpiadzie biologicznej. W sumie nie różni się on zbyt od tresury wyrabiającej odruchy warunkowe.

Im dłużej się je trenuje, tym dłużej przetrwają nawet nieużywane. Niestety, a może na szczęście, świat się zmienia i często to, co jeszcze 30–40 lat temu uważano w biologii za dogmat, staje się nieprawdą, a przynajmniej prawie prawdą. Nie muszę chyba tłumaczyć, że konsekwencją takiego nauczania jest człowiek, który 20–30 lat po ukończeniu szkoły, jeśli nie pogłębia swojej wiedzy biologicznej, a jedynie akceptuje fakty będące, często pozornie, w zgodzie z wpojonym mu w szkole nie do końca prawdziwym dogmatem, gubi się w biologicznym wymiarze otaczającej go rzeczywistości.

stości, np. zupełnie nie rozumie, jak funkcjonuje jego organizm, a jeśli ma w domu jakiegoś zwierzaka, przez niewiedzę lub błędne interpretowanie faktów często staje się zagrożeniem dla jego życia. Czy po to uczymy biologii? Zapytacie Państwo, co mają z tym wspólnego rewolucja molekularna, która zachodzi w biologii, a w szczególności badania gnomiczne. Otóż mają – choćby to, że są podstawą naszego istnienia.

Współczesna biologia molekularna, a zwłaszcza genetyka są naukami wymagającymi ogromnych nakładów. Nie da się realizować badań bez sprzętu, którego wartość nijak ma się do ceny prostego zestawu, pozwalającego na przeprowadzenie w pracowni szkolnej elektroforezy preparatu DNA otrzymanego np. z cebuli. Najprostsze urządzenie do analizy gnomicznej to wydatek rządu pół miliona złotych. Dlatego genetyka dla przeciętnego człowieka jest czymś abstrakcyjnym. Jeśli nawet wie, że geny są w DNA, to uważa, że bezpośrednio określają one, jacy jesteśmy i niestety jest to wiedza często wyniesiona ze szkoły i ugruntowana przez informacje pojawiające się w mass mediach. Nikt nie myśli o tym, że publikacje te są zwykle przygotowywane przez osoby, które nawet nie rozumieją znaczenia terminu *kod genetyczny!* Niestety jego ciągłe powtarzanie, jak również stosowanie określeń, takich jak np. gen otyłości, gen raka, ugruntowują błędne stereotypy. O konsekwencjach takiego działania pisałem wyżej.

Jak temu zapobiec? Bez cienia wątpliwości – kształć światłych dziennikarzy. Takich, którzy nie tylko wiedzą, ale przede wszystkim rozumieją! Proces ten musi się zaczynać jeszcze w szkole, bo im wcześniej, tym lepiej. Na uczelni często bywa już za późno. Ucznia trzeba nauczyć krytycznego, lecz nie destrukcyjnego myślenia. Oczywiście musi umieć poruszać się w temacie, ale tu wystarczą podstawowe wiadomości. Tylko czy polska szkoła jest przygotowana to takiego uczenia? W moim odczuciu – tak, jeśli chodzi o merytoryczne przygotowanie nauczycieli, lecz zdecydowanie nie z uwagi na system kształcenia.

Tak długo, jak synonimem dobrej szkoły będzie szkoła, której uczniowie świetnie

zdają maturę, tak długo uczenie kreatywne, nauczanie kładące główny nacisk na zrozumienie procesów biologicznych i związków między nimi, pozostanie jedynie w sferze marzeń, niezależnie od tego, jak genialna podstawa programowa zostanie stworzona i jak wzniosłe hasła powiesimy na szkolnych sztandarach. Być może dziedziny, w których pamięciowe opanowanie materiału jest kluczem do sukcesu, bronią się w istniejącym systemie. Niestety te, a należy do nich biologia molekularna, a współczesna genetyka w szczególności, wymagające głębszego zrozumienia problemu są skazane na uczenie pamięciowe, schematyczne, złe i nieprzygotowujące młodego człowieka do życia we współczesnym świecie!

Niestety w procesie uczenia szeroko rozumianej genetyki nie sprawdza się w szkole ani obserwacja biologiczna, ani szkolny eksperyment, o którym w swoim artykule pisze Pan dr Sawiński. Po prostu tego nie da się zrobić nawet w najlepszej szkolnej pracowni biologicznej. Pozostaje jednak logiczna, przeprowadzona na lekcji, analiza związków pomiędzy informacjami dostarczonymi przez podręczniki i/lub nauczyciela. Można, np. będąc na zielonej szkole, bawić się w wyszukiwanie błędów w tekstach lub wypowiedziach kolegów albo przeprowadzić „turnieje wiedzy”, tak aby konieczne było nie tylko podanie faktów, ale również, a może przede wszystkim, ich rozumne użycie.

W trakcie przygotowania do takich zajęć uczeń musi zarówno poznać, jak i zrozumieć zagadnienia, których one dotyczą, a dla tego ostatniego bezcenne są modele zjawisk lub procesów. Może nie do końca prawdziwe, bo takich po prostu nie ma, ale wypuklające najważniejsze, z uwagi na realizowany temat, cechy poznawanego obiektu lub zjawiska. Pozwolę sobie na zaprezentowanie takiego modelu, namawiając Państwa nie tylko do jego stosowania, ale również, a może przede wszystkim, wyszukania wszelkich jego wad!

### Nasza książka kucharska

Proponuję potraktować genom jak... szczególną książkę kucharską. Dlaczego

szczególną? Ano dlatego, że można w niej znaleźć zarówno przepisy, np. na ciasta, jak też instrukcje, jak zbudować różne urządzenia, np. piece przydatne do ich pieczenia. Więcej – są tam wskazówki podpowiadające, co upichcić w zależności od tego, kto nas odwiedza! Pomysł na posłużenie się analogią do książki kucharskiej podsunął mi na swoim wykładzie o genomie dr hab. Paweł Golik, przyrównując zawartą w nim informację genetyczną do przepisu na szarlotkę. Przypuszczam, że takie z życia wzięte przykłady, które mogą się w pierwszym momencie wydać nie całkiem poważne, do uczniów powinny trafiać najlepiej.

Namawiam również do skorzystania z przykładów genów, których funkcja jest doskonale poznana. Powyższe, może nieco

frywolne, porównania powinny przekonać uczniów do pomysłu postrzegania genomu jako pewnego, bardzo szczególnego rodzaju książki kucharskiej. Kiedyś posługiwałem się innym porównaniem, doszukując się podobieństwa pomiędzy genomem a komputerem, w którym instrukcje programów odpowiadałyby genom. Podobnie jak w komórce instrukcje nie opisują produktu końcowego, np. obrazu na monitorze, tylko sposób jego uzyskania. Z pewnych jednak względów model ten wydał mi się nie do końca trafiony. Czy jednak jest on lepszy od porównania genomu do książki kucharskiej? Chyba warto się nad tym wspólnie z uczniami zastanowić.

Wykoncypowane modele warto wspierać przykładami zaczerpniętymi z życia.

### **Problem do przedyskutowania z uczniami: Czy genom jest bardziej podobny do komputera, czy do książki kucharskiej?**

Proponuję przeprowadzić dyskusję w formie turnieju, pozwalając uczniom na wcześniejsze przygotowanie się do rozgrywki. Klasę dzielimy na dwa obozy: zwolenników książki i zwolenników komputera. W trakcie rozgrywki strony powinny na zmianę przytaczać po jednym argumentem na rzecz swojego porównania i przeciw pogładowi oponentów. Oczywiście przed rozpoczęciem „Turnieju genomowego” należy wylosować kolejność „zadawania ciosów”. Każda ze stron dysponuje „mieczem” (argument przeciw pogładowi oponentów) i „tarczą” (argument odpierający atak przeciwnika). Naturalnie obóz zadający pierwszy cios nie używa „tarczy”, natomiast obóz kończący turniejowe zmaganie nie powinien używać „miecza”. Dlatego powinna to być ta sama grupa uczniów. Trzeba również wybrać sędziego lub sędziów turnieju. Oczywiście może być nim nauczyciel, jednak przydzielenie tej funkcji uczniom wprowadza dodatkowe emocje i aktywizuje klasę. Wcześniej należy również ustalić, czy walczą całe grupy, czy też turniej składa się z indywidualnych pojedynków oraz ile rund rywalizacji przewidujemy. Walki grupowe mają swoją zaletę, ponieważ promują pracę w zespole. Niestety może się zdarzyć, że słabsi uczniowie skryją się za plecami lepszych, nie angażując się w rozgrywkę. W przypadku rozgrywek indywidualnych wynik może być nieco niesprawiedliwy, ponieważ bardzo zależy od zestawienia walczących ze sobą par.

Proponowany powyżej sposób przeprowadzenia lekcji jest oczywiście pomysłem i wymaga precyzyjnego, a co ważniejsze – indywidualnego opracowania. W jednych klasach korzystne może się okazać skłonienie uczniów do pracy zespołowej, podczas gdy w innych – promowanie indywidualnego działania. Dodatkową zaletą „Turnieju genomowego” jest wdrożenie uczniów w uporządkowany schemat dyskusji. Wydaje mi się to szczególnie ważne w czasach, gdy dyskusje, również te prowadzone w mass mediach, dalece odbiegają od pożądanego standardu wymiany poglądów, a bardziej przypominają walkę zacietrzewionych kogutów, które na dokładkę, równocześnie pieją, okładają się skrzydłami.

## Gdy białe jest białe, ale z dwóch białych może powstać czarne

Swego czasu układałem sporo zadań z genetyki klasycznej. Nawet wymyśliłem sobie „znak firmowy” – wydumane zwierzątko, które nazwałem *psztymocel*. Oczywiście psztymocel jest gatunkiem polimorficznym i rozmnażającym się płciowo (bez tego ostatniego nie ma genetyki klasycznej). Zwykle ma ciemne futerko, ale trafiają się osobniki albinotyczne. Jeśli je ze sobą skrzyżujemy, to zazwyczaj wszystkie potomne psztymocle są albinosami, lecz czasem z takiej krzyżówki (no może nie do końca takiej) rodzą się wyłączone (!) psztymocle o futerku ciemnym, takim jak u osobników typu dzikiego. Tak, ten drugi przypadek to krzyżówka dwugenowa.

Czemu ją przytaczam? Bo dobrze ilustruje, że pojedynczy gen nie jest genem opisującym cechę. Więcej – on nie opisuje cechy, tylko podaje przepis na cechę, a właściwie jego fragment. Przepis może być wieloetapowy, np. zrób to, tamto, a następnie... Może być bardzo skomplikowany i posiadać alternatywy albo etapy wspólne z innymi, często wieloma przepisami, co nie zmienia faktu, że jest przepisem! W tym przypadku instruującym, jak z tyrozyny wytworzyć barwnik (meleniny). Do procesu tego potrzeba więcej niż jednego enzymu, a każdy enzym jest kodowany przynajmniej przez jeden gen. Oczywiście różne enzymy z reguły są kodowane przez różne geny. Ponadto ich ekspresja zależy od wielu białek kodowanych jeszcze przez inne geny. Jednym słowem – to, jak z prekursora zrobić ciemny barwnik, zależy od wielu instrukcji-produktów ekspresji wielu genów.

## Gen jest składnikiem przepisu, a nie elementem opisu

Ugruntujmy nasze przekonanie, że tak właśnie jest, przytaczając przykład z życia wzięty. Przecież psztymocel – psztymoclem, a życie – życiem. Zapewne każdy słyszał o albinizmie, czyli bielactwie. Opis sposobu dziedziczenia albinizmu, również u człowieka, jest często wykorzystywany do przedstawienia, jak dziedziczy się cechy warunkowane przez recesywne allele genów znajdujących się na auto-

somie. Zgodnie z terminologią stosowaną w mass mediach należałoby go nazwać genem albinizmu, w konsekwencji za uprawnione przyjmując twierdzenie, że wywołuje on u zwierząt, np. człowieka, albinizm. Osoba orientująca się w genetyce łatwo dostrzeże, że powyższe rozumowanie jest błędne! Gen nie koduje albinizmu! Nie warunkuje również tej choroby! Zastanówmy się, jak jest naprawdę.

W klasycznych przykładach potomkami albinotycznych zwierząt mogą być jedynie albinosy. Nawet Wikipedia twierdzi, że: „Albinizm wywołany jest przez brak enzymu tyrozynazy przekształcającego prekursor melaniny w barwnik melaninę. Warunkuje go gen recesywny”. Niestety myli się i to bardzo, ponieważ istnieje wiele postaci bielactwa, a jego forma związana z mutacją w genie tyrozynazy, powodującą brak w organizmie aktywności tego enzymu, jest co prawda zdecydowanie najczęstszą, ale nie jedyną genetyczną przyczyną albinizmu u człowieka. Pownowem warto tu przywołać naszą genetyczną książkę kucharską z przepisem na melaninę. Zalecenie: „Weź tyrozynę i dodaj do niej tyrozynazę” nie wystarczy do „upichcenia” melaniny, a bez niej myszka nadal będzie biała... no może lekko żółtawa J Melanina powstanie, jeśli poza tyrozynazą w komórce będą jeszcze inne potrzebne do jej syntezy aktywne białka, np. enzymy.

Większość cech człowieka wymaga instrukcji zapisanych w wielu genach. Przykładowo nasz wzrost zależy od „przepisu kucharskiego” opisanego 100 genami. I nie jest to nic niezwykłego, a raczej norma. Sytuacja, gdy cecha zależy od jednogenowej instrukcji, jest czymś szczególnym. Pamiętajmy o tym podczas uczenia genetyki. Pamiętajmy również, że w dobie genomiki uczenie się na pamięć, np. jak jest zbudowany gen, jest tym samym, czym wkucie nazw części, z których składa się samochód. Zupełnie nie wystarcza, by zrozumieć, dlaczego jedzie. Więcej – nic nie daje kierowcy, nie mówiąc już o mechaniku.

dr PIOTR BORSUK

Institut Genetyki i Biotechnologii UW.