

Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN

Publikacja zespołu prof. Grzegorza Wilczyńskiego w Nature Communications

2020-05-25



W Nature Communications ukazała się praca z wiodącym udziałem zespołu z Instytutu Nenckiego, kierowanego przez prof. Grzegorza Wilczyńskiego. Publikacja, zatytułowana „Ultrastructural visualization of 3D chromatin folding using volume electron microscopy and DNA in situ hybridization”, dotyczy nowego sposobu analizy chromatyny w jądrze komórkowym. Chromatyna jest kompleksem DNA i specyficznych białek. To co jest absolutnie fascynujące to to, że ludzki łańcuch DNA, mający długość ok. 2 m, jest dzięki interakcjom z białkami (głównie tzw. histonami) upakowany w jądrze o rozmiarze ok. 10 mikrometrów (to niesamowity stopień upakowania, sięgający ponad 100-krotnego zagęszczenia). Dlatego, naukowcy twierdzą, że prawa rządzące upakowaniem chromatyny mogą mieć niebagatelny wpływ na ekspresję genów, a tym samym na skład białkowy komórki. Z badań biochemicznych wiadomo, że fragmenty chromatyny mogą fizycznie oddziaływać ze

sobą. Brak jest jednak dotąd obrazów pokazujących szczegółowo ukształtowanie chromatyny. Osiągnięciem polskiego zespołu, ze współpracą z zespołem pod kierownictwem prof. Yijuna Ruana z Jackson Laboratories for Genomic Medicine, USA, było porównanie rzeczywistych trójwymiarowych obrazów chromatyny w kilkuset ludzkich komórkach (zespół prof. Wilczyńskiego) z przewidywaniami biochemicznymi opartymi na uśrednionym badaniu wielu komórek (zespół profesora Ruana). Korelacja wyników pokazała zasadniczo zgodność mikroskopii z biochemia.

Główną zasługą zespołu z Instytutu Nenckiego było opracowanie i zastosowanie mikroskopii elektronowej do obrazowania domen chromatyny, z rozdzielczością nawet 10 razy większą niż podejścia oparte na najnowocześniejszych osiągnięciach mikroskopii świetlnej. Takie podejście mikroskopowe nie było dotychczas nigdy stosowane.

Zachęcamy do lektury: <https://www.nature.com/articles/s41467-020-15987-2>