

DUŻO WIEDZY,

dr Agnieszka Kloch

Uniwersytet Warszawski

Miałam kiedyś okazję zwiedzić laboratorium kryminalistyczne policji, w którym prowadzone są analizy genetyczne. Oprowadzająca nas osoba z dumą zaprezentowała świeżo nabytą stację pipetującą. Jest to urządzenie, które służy do sporządzania mieszanin reakcyjnych w bardzo małych objętościach, rzędu tysięcznych części mikrolitra. Zażartowałam wtedy, że u nas tę pracę wykonuje student, który jest znacznie tańszy. Koszty mają jednak drugorzędne znaczenie tam, gdzie liczy się dokładność. Ani niezwykle skrupulatny student, ani doświadczony laborant nie osiągnie nigdy precyzji maszyny, która w ciągu kilkunastu minut przygotowuje bezbłędnie kilkaset reakcji.

Współcześnie w pracy laboratoryjnej większość zadań przydzielanych kiedyś technikom wykonują różnego rodzaju maszyny. Nikt już nie ogląda rozmazów krwi pod mikroskopem, ponieważ jej skład dużo szybciej i dokładniej określi cytometr przepływowy. Nikt nie liczy testów statystycznych z kalkulatorem w rękę i mało kto potrafi jeszcze korzystać z suwaka logarytmicznego czy wagi laboratoryjnej z odważnikami. Nawet odczynniki często kupuje się w odpowiednio dopracowanych zestawach o ściśle ustalonym przeznaczeniu (np. „do izolacji DNA ze śliny”), których skład objęty jest ochroną patentową.

Czy to znaczy, że naukowcom grozi bezrobocie? Wydaje się, że na razie można odsunąć to widmo. Automatyzacji podlegają przede wszystkim zadania rutynowe, ponieważ wymaga ona nie tylko konstrukcji odpowiedniego urządzenia, ale także jego odpowiedniej kalibracji, a więc niejako „nauczenia” charakterystyki badanych prób. Jest to proces czasochłonny i kosztowny, dlatego dostępne na rynku udogodnienia mają zastosowanie prawie wyłącznie w pracy z gatunkami modelowymi, takimi jak myszy, drożdże czy muszki owocowe. Biolodzy zainteresowani innymi obiektami ciągle muszą samodzielnie sprawdzać, czy takie rozwiązanie przyda się w ich pracy. Czy zestaw do oznaczania stężenia hormonów we krwi myszy laboratoryjnej można wykorzystać do myszokoczka? Jaki w ogóle myszokoczek ma skład krwi, jeśli nikt go wcześniej nie badał? Jaki poziom hormonów u tego gatunku mieści się „w normie”, a jaki poza nią? Nierzadko więc zdarza się, że zamiast sprawdzać przydatność kolejnych rozwiązań komercyjnych do nietypowego zadania, łatwiej jest wykonać analizy „ręcznie”, tak jak robiono to kiedyś: samodzielnie przygotować reakcje i odczytać ich wynik na mniej zaawansowanym, za to bardziej uniwersalnym sprzęcie.

Kwestia automatyzacji jest więc nierozdzielnie związana z opłacalnością konkretnych metod. W małych grupach badawczych czy w zespołach badających wiele różnych gatunków niemodelowych wysiłek włożony w opracowanie procedury, którą można potem poddać automatyzacji, może się po prostu nie zwrócić. Trzeba wziąć pod uwagę czas potrzebny na nauczenie się specyfiki nowej maszyny i dostosowanie jej parametrów do potrzeb projektu. Poza tym,

MAŁO CZASU

jeśli do przebadania jest stosunkowo mała próba, wykorzystanie dużej maszyny może być po prostu zbyt drogie. Czasem więc łatwiej przejrzeć kilkaset rozmazów pod mikroskopem w poszukiwaniu interesujących badacza pasożytów krwi, niż głowić się, jak do tego celu wykorzystać cytometr. W tego rodzaju badaniach bardziej niż szybkie wykonanie procedur liczą się uczeni i ich twórcze podejście do problemów technicznych, które nieuchronnie pojawiają się z każdym nowym gatunkiem, który biorą na warsztat.

Postępująca automatyzacja prac laboratoryjnych ma też swoje drugie oblicze. Pierwszy genom człowieka sekwencjonowano przez dziesięć lat z wysiłkiem około setki laboratoriów i rzeszy naukowców, obecnie może to zrobić jedna osoba w kilka dni. Coraz łatwiej jest generować dane, ale coraz trudniej jest je przeanalizować – nie tylko ze względu na ich ilość, ale także złożoność. Czasami niemałego wysiłku wymaga zrozumienie, co tak naprawdę uzyskaliśmy z maszyny. Jeśli mamy pomysł na analizę – potrzeba czasu obliczeniowego, żeby terabajty danych przerobić i odszukać w nich odpowiedź na pytanie biologiczne. Z tego powodu wiele grup badawczych zrezygnowało z pozyskiwania własnych danych i opierają się w całości na informacjach dostępnych w publicznych repozytoriach, gdzie umieszczane są np. sekwencje pojedynczych genów, ale też całe genomy czy charakterystyki białek. Trochę zaczyna to przypominać sytuację z „Wizji lokalnej”, w której Stanisław Lem opisuje pewną planetę. Uczeni zebrali na niej tak wiele danych, że do przeszukiwania dysków i pamięci trzeba było zatrudnić wszystkie komputery, a nowe dziedziny nauki zajmowały się wyłącznie ustaleniem, czego faktycznie nie wiadomo, a co już zbadano i o czym zapomniano.

W biologii molekularnej jedną z podstawowych technik jest reakcja PCR. Służy do uzyskania wielu kopii badanego genu za pomocą polimerazy – enzymu replikującego DNA. Żeby reakcja się udała, mieszanina reakcyjna musi być poddawana cyklicznie działaniu trzech różnych temperatur. Obecnie cały proces dzieje się w maszynie zwanej termocyklerem. Na początku jednak po prostu przenoszono próbówki między termostatami o odpowiedniej temperaturze. Kiedy opowiadam o tym na wykładzie, wyobrażam sobie studentów, którzy kiedyś pełnili funkcję tego urządzenia. Jak ze stoperem w ręku pieczołowicie przekładają próbówki co kilkanaście sekund z jednej łaźni wodnej do drugiej, w kółko, przez półtorej–dwie godziny. Nazwisko pomysłodawcy reakcji PCR przeszło do historii nauki, ale nie wspominamy inżyniera, który skonstruował pierwszy termocykler. Myślę jednak o nim ciepło – i o innych anonimowych konstruktorach wykorzystywanych na co dzień w laboratorium urzędów – bo ich wynalazki uwolniły badaczy od roli automatów i pozwoliły zająć się tym, do czego nadajemy się dużo lepiej: do tworzenia nowych idei. A tu jak na razie żaden robot jeszcze nas nie jest w stanie zastąpić*.

*Obawiającym się utraty stanowiska pracy na rzecz maszyny proponujemy zajrzeć na strony willrobotstakemyjob.com lub www.replacedbyrobot.info, gdzie można wyliczyć ryzyko zastąpienia przez robota. Dla biologów obecnie jest ono szacowane na 1,5-6%. Możemy więc chyba spać spokojnie?



Dr Agnieszka Kloch

pracuje na Wydziale Biologii UW. Zajmuje się ewolucją układu paszyt – żywiciel w warunkach naturalnych. Pomaga też w projektach z zakresu biologii konserwatorskiej, w badaniach zmienności genetycznej u wilków i susłów. W 2010 r. otrzymała stypendium START Fundacji na rzecz Nauki Polskiej. Redaktorka działu Nauki biologiczne „Academii”.

akloch@biol.uw.edu.pl