

ENCODE: pauso handi bat genomaren funtzionamendua ulertzeko bidean

Duela ia hilabete aurkeztu ziren ENCODE egitasmoaren emaitzak, eta, horren bidez, genetikak eta giza genomak komunikabide gehien arreta bereganatu zituzten, baita zientziak bereziki arduratzen ez diren horiena ere.

Proiektuaren neurria aintzat hartuta, ez da harritzekoa halako oihartzuna lortu izana. DNAREN elementuen entziklopedia da ENCODE (*Encyclopedia of DNA Elements*), eta duela hamar bat urte hasi ziren sortzen. Nazioarteko 32 laborategitako 442 ikertzaile aritu dira lan horretan, eta horren emaitza aurkeztu zuten irailaren 6an, hiru zientzia-aldizkarietan (*Nature*, *Genome Biology* eta *Genome Research*).

Guztira 30 artikulua dira; irekiak dira, hau da, edonork irakur ditzake, eta elkarren artean konektatuta daude. Gainera, datuak modu birtualean ikusteko eta eskuratzeko tresnak ere eskaini dituzte. Horrek garbi erakusten du proiektuaren asmoa: egindako lana erabilgarria izatea ikertzaile guztientzat.

Dena dela, aurkezpenak komunikabideetan halako oihartzuna lortu bazuen ez zen horregatik izan, baizik eta emaitzak zabaltzeko eman zituzten datuengatik. Adibidez *Nature* aldizkariaren artikuluetako batean, genomaren % 80 funtzionala dela nabarmendu dute, eta hori aukeratu zuten komunikabide askok izenbururako.

Alabaina, aspalditik zen ezaguna zabor-DNA terminoa okerra zela, eta proteinak kodetzen ez dituzten genomaren zatiek (alegia, geneak ez direnak) funtzio garrantzitsuak dituztela. Esate baterako, zati batzuek geneen etengailu gisa egiten dute lan; alegia, haien ardura da geneak piztea edo itzaltzea, eta, beraz, proteina jakin bat sortzea edo ez sortzea. Are gehiago, DNA-zati batzuen araberakoa da zenbat sortu ere.

Jakina, ENCODE egitasmoak hori baino askoz gehiago atera du argitara. Besteak beste, lau milioi gene-etengailu identifikatu dituzte, eta



Nature aldizkariaren irailaren 6ko azala.

bestelako 120 funtzio ere aurkitu dituzte geneak ez diren eremu horietan.

Zenbakiak eta definizioak

Zenbaki handiak dira, eta nahita erabili dituzte “jende gehiagorengana iristeko”, egitasmoaren koordinatzaileetako batek, Ewan Birney bioinformatikariak bere blogean aitortu duenez. Horren inguruko ñabardura batzuk ere egin ditu; hala, onartu du, funtzionala izatea nola ulertzen den, genomaren % 80 funtzionala dela esatea gehiegizkoa izan daitekeela.

Hain zuzen, *Nature* aldizkarian ere aipatzen da terminoak definitzeari buruzko zailtasunak egon direla, baina, azkenean, ikertzaile guztiak koordinatuta eta irizpide berberekin aritza lortu izana bera ere nabarmentzeko dela uste dute egileek. Hori bai, ikerketen emaitzak ikusita, zalantza jarri dute genearen definizioa: “Genearen definizioa eta herentziaren gutxienezko unitatea berraztertzea behartzen gaituzte aurkikuntza hauek” idatzi dute *Nature*ko artikulua horretan.

Egileen iritziz, sekulako lana egin dute. 147 zelula-mota eta

199 transkripzio-faktore aztertu dituzte (transkripzioan parte hartzen duten proteinak, baina RNA polimerasaren parte ez direnak), eta datu-pila bat lortu, sailkatu eta ikertzaileen eskura jarri dituzte. “Giza genomaren Google Maps-aren parekoa da ENCODE katalogoa”, esan du Elise Feingold doktoreak. Eta baliagarria izango dela espero dute, batez ere medikuntzan.

Baina lana ez da amaitu. Hurrengo urteetan, oraindik aztertu ez dituzten zelula-motak eta faktoreak ikertzeko asmoa dute; horrez gain, Birneyk iragarri duenez, “datozen hamarkadetan, ekarpen asko jasoko dira arlo esperimentaletik eta eboluzioaren eta populazioen arloetatik, milioika pertsonaren sekuentzien datuekin!”.

Eragina, gerora

Asier Fullaondo EHUko genetikariaren ustez ere ENCODErekin ez da dena amaitzen. Haren esanean, “egitasmo garrantzitsua da, baina izenburuetan nabarmendu dituzten gauzetako asko jakinak ziren lehendik”.

Aitortu du denbora beharko duela dena ondo irakurtzeko eta aztertzeko, ikerketa asko argitaratu baitituzte aldi berean; hala ere, ez du zalantza jartzen baliagarria izango dela. Hori bai, bere kasuan ez du uste emaitza praktikorik ekarriko dionik epe motzean. “Niretzat, gizakia ilargia bidaltzearen parekoa da”, adierazi du, “egin beharreko zerbait da, baina nigan ez du eraginik, oraingoz behintzat”. Normalean, halako ikerketa handiek eragina gerora izaten omen dute.

Bestalde, horren parekoak izan daitezkeen beste egitasmo batzuk ere aipatu ditu, hala nola giza proteoma aztertzen ari dena (Human Proteome Project) eta mila pertsonaren genomak sekuentziatzeko egitasmoa (1000 Genomes Project). Fullaondoren hitzetan: “Horrelakoei esker, gero eta gehiago dakigu, baina irekitzen dugun ate bakoitzaren atzean ireki beharreko beste ate batzuk daudela ikusten dugu”.