

Tutaj zaczyna się przyszłość

Rozmowa z profesorem **Charlesem E. Alpersem** o współczesnej biologii molekularnej, nowoczesnych urządzeniach badawczych i umiejętnym wykorzystaniu ich potencjału.

Profesor Charles E. Alpers z University of Washington w Seattle, USA, jest jednym z najbardziej znanych ekspertów w dziedzinie patologii nerek. Jego prace wyznaczają standardy diagnostyki histopatologicznej nerki, a rozdział *The Kidney* (Nerka) z „Dużego Robbinsa”, który redagował, jest biblią wszystkich patomorfologów. Jego zdaniem Uniwersytet Medyczny w Białymstoku, choć znacznie mniejszy od Uniwersytetu Stanu Waszyngton, posiada wszystko, czego potrzeba, aby odkrywać kolejne wielkie rzeczy.

Tomasz Dawidziuk: Czy, jako uniwersytet, jesteście daleko w tyle za Uniwersytetem w Seattle?

Prof. Charles E. Alpers: Wprawdzie jestem tu zbyt krótko, żeby stwierdzić to jednoznacznie, ale sądząc po wielkości uczelni i porównując obie jednostki naukowe, w Białymstoku po prostu nie ma możliwości zrobienia wszystkich tych rzeczy, które wykonujemy w Seattle. University of Washington to wielkie centrum, jeden z czołowych ośrodków w Stanach. Mamy tam na przykład wydział, który nazywa się *Genome Sciences* (nauki genomowe). To jedna z największych instytucji zajmujących się sekwencjonowaniem genomu w Stanach i na świecie. Jego podjednostka, *Department of Computational Biology*, zatrudnia około trzydziestu pracowników, których jedynym zadaniem jest zbieranie danych matematycznych i analiza ich na miejscu, bez konieczności przesyłania wyników badań do ośrodków zewnętrznych. Uniwersytet Medyczny w Białymstoku jest w obecnym stadium rozwoju za mały,



fot. Tomasz Dawidziuk

Prof. Charles E. Alpers.

żeby pomieścić tego typu jednostki, ale praca naukowa, którą się zajmujecie, wykonywana jest tak samo dobrze, jak w innych ośrodkach na świecie.

A czy takie porównywanie w ogóle ma sens?

Zwróciłem na to uwagę, ponieważ brak możliwości przetwarzania i analizy danych matematycznych często stwarza problemy. Sama analiza to jeden z wymogów współczesnej biologii. Wolność, jaką zapewnia błyskawiczny przepływ informacji, obrabianie ich przez zespół informatyków specjalizujących się wyłącznie w jednej dziedzinie, z wypracowanymi przez nich metodami, algorytmami i technikami prezentacji wyników, daje

przewagę i wiele rzeczy ułatwia. Czasami nawet naukowcom trudno jest zrozumieć matematykę, która za tym stoi.

Przecież mamy jednostkę, która zajmuje się biostatystyką.

Nie mówię o statystyce, tylko o modelach matematycznych, pozwalających odkrywać i zrozumieć wzajemne relacje między elementami strukturalnymi żywych organizmów.

To jest odrębna dziedzina?

Tak, określana jest jako *computational biology* [coś, co po polsku można nazwać informatyką biologiczną – przyp. T.D.], ponieważ samo pojęcie biostatystyki jest zbyt wąskie. Wymóg ostatnich czasów to

umiejętne wykorzystanie szerokiego, matematycznego podejścia, które pozwala zrozumieć złożoność życia na poziomie molekuł.

Budowanie matematycznych modeli życia?

Raczej analizowanie danych o ekspresji genów. Geny są między sobą powiązane, więc szukamy znaczenia powstałych w ten sposób biologicznych sieci zależności. Zastanawiamy się, jak wpływają one na funkcjonowanie komórki. Rzecz w tym, że przestało się liczyć podejście typu: jeden gen działa, a drugi nie. Geny ulegają ekspresji w zestawach i wpływają na inne zestawy genów. Analiza zgromadzonych danych jest niezwykle skomplikowana. Zresztą same dane są na tyle obszerne, że bez użycia komputerów ich przechowywanie nie byłoby możliwe.

Jednym słowem współczesna biologia opiera się na matematyce?

Informatyzacja w dziedzinie biologii dotyczy nowatorskiego podejścia do genetyki, poszukiwania odpowiedzi na pytania o to, jakie zależności tworzą się między poszczególnymi genami, w jaki sposób wpływają one na ekspresję pozostałych i, ostatecznie, jak wpływa to na procesy zachodzące w komórkach. Taki jest obecny poziom biologii molekularnej, te skomplikowane sieci zależności, które nazywamy *networks*. Jeżeli tutaj, na Uniwersytecie Medycznym w Białymstoku, chcecie osiągnąć światowy poziom, powinniście się właśnie tym zająć.

Z pewnością potrzebujemy do tego pracowni z potężnymi komputerami?

Komputery na pewno się przydadzą, ale spierałbym się, czy słowo „potężne” to dobre określenie. Wystarczą zwyczajne stacje robocze i komputery klasy PC. Są one wyłącznie narzędziami. W Seattle wcale nie korzystamy z wielkich komputerów, stojących w piwnicy, chłodzonych wodą, którą później ogrzewa się budynek. Zwykle laptopy potrafią zadziwić poziomem wydajności, jeżeli ktoś umiejętnie się nimi posługuje.

Wobec tego najdroższą rzeczą, pomijając sprzęt, są pewnie programy komputerowe?

Wcale nie. Najważniejsi są ludzie. Zapewnienie im warunków lokalowych i dobrze wyposażonych miejsc pracy to kolejne kroki do sukcesu.



foto. Tomasz Dawidziuk

Prof. Alpers podczas zwiedzania laboratoriów Zakładu Patomorfologii UMB, towarzyszą mu dr n. med. Jolanta Kowalewska oraz kierownik zakładu prof. Lech Chyczewski.

A czy podczas zwiedzania laboratoriów Katedry Biostruktury coś Panu zaimponowało?

Posiadacie sprzęt, który działa dokładnie tak samo, jak ten na Uniwersytecie w Seattle. Procesor tkankowy, czyli automatyczna linia do utrwalania preparatów histopatologicznych, różni się od naszego tylko producentem. Najbardziej jednak zaimponowały mi urządzenia do ekstrakcji kwasów nukleinowych z tkanek. Macie dwa takie przyrządy, a jest to najnowocześniejsza i najbardziej zaawansowana z dostępnych obecnie technologii. Rzadko spotyka się takie urządzenia.

I mamy to w Zakładzie Klinicznej Biologii Molekularnej. Czyli jesteśmy na dobrej drodze.

Z pewnością tak. Chociaż, jak wspominałem, postęp nie polega na tym, by mieć najnowocześniejsze i najdroższe narzędzia. Ważne jest, żeby z nich umiejętnie korzystać. Niektóre rzeczy są dodatkowo drogie w eksploatacji, jak choćby mikroskop konfokalny.

Niektórzy postrzegają go jak coś wziętego z kosmosu.

Bo jest to technologia kosmiczna. I w dodatku produkuje obrazy w pełnym kolorze. Umiejętne wykorzystywanie tej wspaniałej technologii to nie lada wyzwanie. Potrzeba ludzi śmiałych, o otwartych umysłach, am-

bitnych i pracowitych. Jeżeli już się takich znajdzie, wystarczy zapewnić im środki, by mogli wykorzystać swój talent. Przy okazji warto zwrócić ich uwagę na to, żeby pozostawali otwarci na jeszcze nowsze technologie, jak na przykład na nowe techniki obrazowania mikroskopowego, oparte na wychwycie fotonów. Takie urządzenia nie wypalają preparatów jak mikroskopia konfokalna, a poza tym obserwator może przeniknąć do najgłębszych struktur komórek.

Najważniejsze jest wobec tego nasłuchiwanie, aby poznać światowe nowinki?

Może nie tyle nasłuchiwanie, co przyczynianie się do ich powstawania. Przyszłość nie jest tajemnicą, a jej poznawanie nie jest zarezerwowane. Zaczyna się właśnie tutaj, w laboratorium, czy nawet przy stoliku z kawą, kiedy ktoś wpadnie na znakomity pomysł. Należy wsłuchiwać się w takie pomysły i wspólnymi siłami je realizować. Macie zaplecze i potencjał. Kto wie, być może kolejna wielka rzecz, jakkolwiek by ona nie była, wyjdzie właśnie tutaj, w Białymstoku?

Miejmy nadzieję, że będzie więcej takich rzeczy.

Wszystko jest kwestią czasu i wykorzystania nadarzających się okazji.

Rozmawiał **Tomasz Dawidziuk**