
Přes evoluci ptačích genů k odolnosti vůči infekčním chorobám

Volně žijící ptáci se stali modelem pro studium ptačí imunity. Dlouhodobě se výzkumu věnuje tým Michala Vinklera z Přírodovědecké fakulty UK. Má za sebou dvě zajímavé studie publikované v prestižních vědeckých časopisech.



Vědci se shodují, že evoluční biologie je pro budoucí rozvoj lidské společnosti stejně nepostradatelná jako třeba kvantová fyzika nebo informatika. Dokládá to tzv. evoluční medicína se svým současným rozvojem. V ní si odborníci všímají například rychle stoupající rezistence bakterií k antibiotikům, epidemiologie chřipky nebo významu genetické variability při obraně organismu proti infekčním chorobám.

Skupina vědců z Univerzity Karlovy, Ústavu biologie obratlovců Akademie věd ČR, Masarykovy univerzity, Univerzity v Oslo, Univerzity v Edinburhu a Queenslandské univerzity se ve své studii zaměřila na volně žijící ptáky.



„Náš výzkum pomáhá odhalit adaptace, které pomohly ptákům vypořádat se s širokou škálou skupin patogenů, z nichž mnohé sdílejí i s lidmi,“ přibližuje evoluční teorii [Michal Vinkler](#) z Přírodovědecké fakulty UK a dodává: „Evoluční teorii jsme použili k objasnění možného významu konkrétních změn na imunitních receptorech. To nás posunulo k provázání informace o sekvenční rozmanitosti s funkcí, tolik důležitou z hlediska možné aplikace. Jedná se totiž o evolučně osvědčené funkce vrozené imunity ptáků, které je chránily miliony let proti nejrozumnějším infekčním chorobám.“ Výzkumný tým se zaměřil na skupinu receptorů vrozené imunity, tzv. Toll-like receptory (TLR), které tvoří molekulární rozhraní umožňující hostiteli rozpoznat přítomnost patogenů a včas zahájit imunitní odpověď.

Výsledky byly publikovány ve dvou článcích: První část práce publikovaná v časopise [Molecular Biology and Evolution](#) popisuje evoluci těchto molekul napříč celou skupinou ptáků. „Za použití celogenomových sekvenčních dat několika desítek ptačích druhů se nám podařilo nejen zrekonstruovat dosavadní historii kompletního repertoáru těchto ptačích imunitních genů, ale hlavně identifikovat klíčové pozice ve zkoumaných genech, které odpovídají na přírodní výběr ze strany nejrozumnějších patogenů. Těmi jsou například viry či bakterie,“ popisuje výsledky první autorka práce Hana Velová z Přírodovědecké fakulty UK.



Ve druhé práci publikované v časopise

Molecular Ecology na předchozí výsledky autoři částečně navázali a blíže prozkoumali evoluci rozmanitosti vazebného místa jen jednoho vybraného genu, Toll-like receptoru 4, u užšího výběru druhů. Vědci pracovali s genomovou informací celkem 55 druhů pěvců pocházejících z různých klimatických podmínek. Výzkum měl za použití přístupů strukturní bioinformatiky rozpoznat, k jakým konkrétním přizpůsobením tento imunitní receptor koevoluce s patogeny vedl. „Pozorované změny mohou přispívat k rozdílům ve vazbě důležitých struktur patogenů, jakými jsou například bakteriální lipopolysacharidy, které na povrchu svých buněk nesou kupříkladu salmonela nebo helikobakter,“ vysvětluje první autorka práce Tereza Králová z Ústavu biologie obratlovců AV ČR a Masarykovy univerzity.

„Nové poznatky, které obě studie přinesly, nastiňují směr pro výzkum genetické variability u domácích zvířat, využitelný k cílenému zvyšování jejich odolnosti vůči infekčním chorobám. Mimo to představují ale také důležitý základ pro srovnání imunologických rozdílů mezi lidmi a jinými druhy živočichů, který může najít uplatnění například při charakterizaci rizik v souvislosti se šířením různých onemocnění od chřipky až po mor,“ shrnuje Michal Vinkler.

Text: PřF, Marcela Uhlíková

Foto: Tereza Králová, Hana Velová

Datum: 7. 8. 2018