

# Pierwsza pełna symulacja organizmu żywego

11 sierpnia 2012

W ostatnim numerze „Cell” ukazała się informacja, że naukowcy z Uniwersytetu Stanforda stworzyli pierwszy kompletny komputerowy model organizmu żywego. Zespół profesora Markusa Coverta przeanalizował ponad 900 prac naukowych, by poznać szczegóły działania każdej molekuly Mycoplasma genitalium – najmniejszej na świecie samodzielnie żyjącej bakterii.

Naukowcy mają nadzieję, że dzięki komputerowemu modelowi będą mogli np. poznać odpowiedzi na pytania, których w inny sposób nie można uzyskać. „Kompletne modele komputerowe całych komórek mogą zwiększyć naszą wiedzę o ich funkcjonowaniu oraz pomóc w opracowaniu nowych metod diagnostyki i leczenia chorób” – powiedział James M. Anderson, dyrektor Wydziału Koordynacji Programów, Planowania i Inicjatyw Strategicznych w Narodowych Instytutach Zdrowia.

Mycoplasma genitalium, mimo iż nie jest z nią łatwo pracować w laboratorium, ma tę olbrzymią zaletę, że jej DNA składa się z zaledwie 525 genów. Bardziej powszechna w laboratoriach, E. coli, ma ich aż 4288.

Mimo tak niewielkich rozmiarów genomu odtworzenie całego organizmu były poważnym wyzwaniem. Naukowcy dowiedzieli się, że muszą opracować ponad 1900 wirtualnych parametrów. Każdy z procesów biologicznych modelowali jako 28 różnych „modułów” zarządzanych przez własne algorytmy. Po wykonaniu każdego z kroków obliczeniowych moduły komunikowały się ze sobą, a wynikiem tej interakcji było symulowanie konkretnego procesu życiowego M. genitalium.

„Naszym celem nie jest tylko lepsze zrozumienie M. genitalium. Chodzi nam o lepsze zrozumienie biologii w ogóle” – mówi jeden ze współautorów badań, Jonathan Karr.

Opracowanie: Mariusz Błoński  
Na podstawie: Stanford University  
Źródło: [Kopalnia Wiedzy](#)