

Ελονοσία: το DNA των κουνουπιών ξέρει πολλά...

/ [Πεμπτούσια](#)

Image not found or type unknown



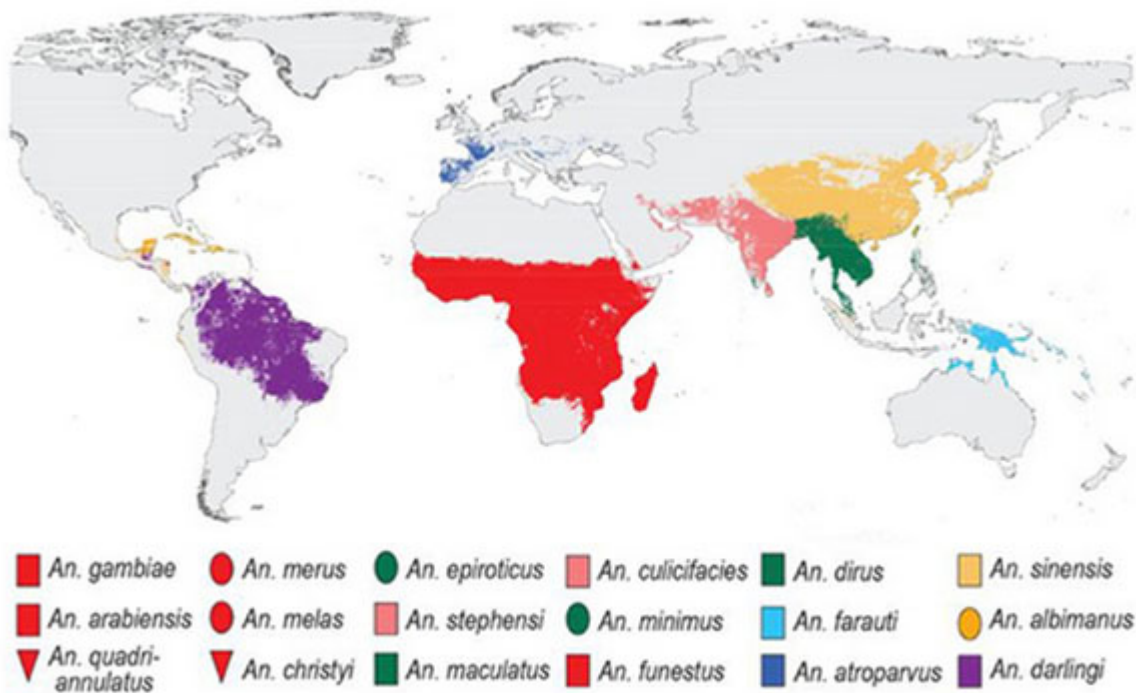
Με στόχο τη μελέτη των γενετικών διαφορών μεταξύ των ακίνδυνων ειδών κουνουπιών και αυτών που μεταδίδουν την ελονοσία, μια διεθνής ομάδα ερευνητών με την συμμετοχή στην προσπάθεια, από ελληνικής πλευράς, του Ινστιτούτου Μοριακής Βιολογίας και Βιοτεχνολογίας (IMBB) του Ιδρύματος Τεχνολογίας και Έρευνας (ΙΤΕ) και του Πανεπιστημίου Κρήτης, προσδιόρισε και ανέλυσε την αλληλουχία των γονιδιωμάτων 19 ειδών ανωφελών κουνουπιών.

Τα ανωφελή κουνούπια είναι υπεύθυνα για την διάδοση των παθογόνων παρασίτων της ελονοσίας οπότε είναι η «αιτία» για περίπου 200 εκατομμύρια κρούσματα της ασθένειας που καταλήγουν σε πάνω από 600 χιλιάδες θανάτους στον κόσμο ετησίως. Από τα περίπου 500 διαφορετικά είδη του γένους *Anopheles* μόνο μερικές

δεκάδες είναι φορείς της ασθένειας αυτής.

Τα αποτελέσματα αυτής της έρευνας δημοσιεύτηκαν στην χθεσινή ηλεκτρονική έκδοση της επιστημονικής επιθεώρησης Science, περιγράφοντας λεπτομερείς συγκρίσεις των γονιδιωμάτων αυτών των ειδών καθώς και του «φονικότερου» όλων, του αφρικανικού *Anopheles gambiae*. Οι νέες γνώσεις για τις γενετικές συσχετίσεις των ειδών αυτών μεταξύ τους και για το πώς η δυναμική εξέλιξη των γονιδιωμάτων μπορεί να έχει συνεισφέρει στην ευελιξία τους να προσαρμόζονται σε νέα περιβάλλοντα και να τρέφονται με ανθρώπινο αίμα, οδηγούν εν δυνάμει σε έναν πιο αποτελεσματικό έλεγχο των φορέων μιας ασθένειας που, επιδημιολογικώς, μπορεί μόνο να αντιμετωπισθεί με εντομολογικές παρεμβάσεις.

Τα παράσιτα που προκαλούν ελονοσία μεταδίδονται στους ανθρώπους μόνο από κουνούπια του γένους *Anopheles*, και από αυτά, πολύ λίγα είδη είναι αποτελεσματικοί φορείς. Ενώ λοιπόν ο μισός, σχεδόν, παγκόσμιος ανθρώπινος πληθυσμός έχει πιθανότητα να νοσήσει από ελονοσία, τα περισσότερα θανατηφόρα κρούσματα παρατηρούνται στην Υποσαχάρια Αφρική, πατρίδα του κύριου φορέα της ασθένειας *Anopheles gambiae*.



Διαφοροποιήσεις στην ικανότητα ειδών κουνουπιών του γένους *Anopheles* να μεταδώσουν ελονοσία καθορίζονται από πλήθος γενετικών παραγόντων συμπεριλαμβανομένης της συμπεριφοράς τους, όπως π.χ. οι διατροφικές προτιμήσεις τους. Σε μεγάλο βαθμό η κατανόηση τέτοιων διαδικασιών προέρχεται από την αλληλούχιση του γονιδιώματος του *Anopheles gambiae* το 2002, έρευνα στην οποία συμμετείχε επίσης το IMBB με την ομάδα του ομοτ. Καθηγητή και

ερευνητή στο IMBB Κίτσου Λούη. Αυτή επέτρεψε και διευκόλυνε πλήθος λειτουργικών μελετών που προσέφεραν νέες γνώσεις για το πώς το συγκεκριμένο κουνούπι εξειδικεύθηκε σε μεγάλο βαθμό να ζει ανάμεσα και να τρέφεται από ανθρώπους.

Μέχρι σήμερα, η απουσία ανάλογων δεδομένων για τα υπόλοιπα ανωφελή κουνούπια περιόριζε την δυνατότητα για την κατανόηση της ικανότητάς τους να μεταδίδουν παράσιτα. Για να απαντηθούν αυτές οι ερωτήσεις, ερευνητές απ' όλον τον κόσμο, με την πρωτοβουλία της Καθηγήτριας Nora Besansky του Πανεπιστημίου Notre Dame (ΗΠΑ) αλληλούχισαν τα γονιδιώματα 19 ειδών ανωφελών κουνουπιών. Με την ολοκλήρωση της αλληλούχισης των δειγμάτων, οι ομάδες από τα διάφορα ερευνητικά ιδρύματα συνέβαλαν με την εμπειρία και τις γνώσεις τους στην εξέταση των γονιδίων που συμμετέχουν σε διαφορετικές πτυχές της βιολογίας των κουνουπιών όπως οι αναπαραγωγικές διαδικασίες, οι ανοσολογικές αποκρίσεις, η ανθεκτικότητα σε εντομοκτόνα κτλ.

Στην ερευνητική αυτή προσπάθεια, τα αποτελέσματα της οποίας δημοσιεύονται στο περιοδικό Science, συμμετείχαν από πλευράς Κρήτης, οι ομάδες του Κίτσου Λούη, και του Αναπλ. Καθηγητή του Πανεπιστημίου Κρήτης Γιάννη Βόντα, επίσης συνεργαζόμενου ερευνητή στο IMBB. Η πρώτη ομάδα ήταν υπεύθυνη για την εύρεση και ταυτοποίηση, στα 19 γονιδιώματα, των οικογενειών γονιδίων που συνθέτουν μόρια RNA που δεν κωδικοποιούν πρωτεΐνες. Επιπλέον, οι δυο ομάδες, συνεργάστηκαν και για την επισημείωση των γονιδίων που είναι υπεύθυνα για την ανθεκτικότητα των κουνουπιών στα εντομοκτόνα. Εκτός της συμμετοχής 6 ερευνητών του Ηρακλείου στην κύρια δημοσίευση στο περιοδικό Science, τα αποτελέσματα πάνω στα «μη κωδικοποιούντα RNA» δημοσιεύονται ταυτοχρόνως στο επιστημονικό περιοδικό BMC Genomics, με ενεργή συμμετοχή και του Επίκ. Καθηγητή του Πανεπιστημίου Κρήτης Νίκου Πουλακάκη όσον αφορά την ανάλυση των δεδομένων από εξελικτικής πλευράς.

Η ανάλυση των αλληλουχημένων γονιδιωμάτων βασίσθηκε σε αποκλειστική βιοπληροφορική ανάλυση που έγινε με κύριο συντονιστή τον Δρ. Παντελή Τοπάλη και κύριους ερευνητές την Δρ. Βίκυ Ντρίτσου, την Δρ. Έλενα Δεληγιάννη, τον κ. Μανώλη Διαλυνά και τον μεταπτυχιακό φοιτητή Μανώλη Λυράκη. Η ιδιαίτερη δυσκολία συνίστατο στην παράλληλη ανάλυση 19 γονιδιωμάτων, πράγμα που απαίτησε ιδιαίτερα αυξημένη υπολογιστική ισχύ, και την χρησιμοποίηση πολλών διαφορετικών προγραμμάτων λόγω της τεράστιας πολυπλοκότητας του υπό μελέτη υλικού, καθώς αλληλουχίες DNA μήκους άνω των 10 δις βάσεων, έπρεπε να μελετηθούν για την εύρεση και ταυτοποίηση πολλών διαφορετικών οικογενειών γονιδίων και με μέλη, η κάθε μία απ' αυτές, από 50 έως πάνω από 300!

Παρόμοιες έρευνες πάνω στα κουνούπια, τόσο στην γονιδιωματική όσο και στην βιοπληροφορική, ανοίγουν τώρα τον δρόμο σε έναν πιο αποτελεσματικό έλεγχο ασθενειών όπως π.χ. ο Δάνγκειος πυρετός και λοιμώξεις από τον ιό του Δυτικού Νείλου.