

K. ŚWIEŻYŃSKI

## ROZMNAŻANIE PŁCIOWE I PROCESY PARASEKSUALNE JAKO ŹRÓDŁO ZMIENNOŚCI ORGANIZMÓW<sup>1</sup>

### WSTĘP

Gwałtowny rozwój genetyki ostatnich lat zmusza do rewidowania wielu ustalonych poglądów, rzuca nowe światło na szereg zjawisk biologicznych i pozwala lepiej je zrozumieć. Niniejsze opracowanie jest próbą naświetlenia niektórych zagadnień dziedzicznej zmienności organizmów z punktu widzenia osiągnięć genetyki ostatniego okresu.

#### Zjawisko dziedzicznej zmienności organizmów

Przedmiotem rozważań będzie zmienność dziedziczna, a zatem zmienność determinowana różnicami w genotypie.

Na genotyp organizmu składa się ogół jego genów. Zmiany genotypu — to zmiany w liczbie lub jakości genów. Wiele argumentów przemawia za słuszością teorii stwierdzającej, że geny zbudowane są z kwasu dezoksyrybonukleinowego (KDN). Specyficzna aktywność genów determinowana jest według tej teorii odpowiednim uporządkowaniem zasad purynowych i pirymidynowych w tym kwasie. Genotyp organizmu jest to zatem zespół określonej liczby cząsteczek KDN, determinujących dziedziczne właściwości. Zmiany genotypu — to zmiany w liczbie, wielkości lub wewnętrznej strukturze tych cząsteczek.

Genotyp wykazuje zasadniczo duży stopień stabilności i wiernie odtwarza się z pokolenia w pokolenie. Tym niemniej stabilność jego nie jest absolutna, a sporadyczne zmiany, którym podlega, mają daleko idące konsekwencje. One to są podłożem obserwowanego w przyrodzie genetycznego zróżnicowania organizmów i procesu ewolucji świata organicznego.

#### Czynniki determinujące dziedziczną zmienność organizmów

Możemy wyróżnić dwa podstawowe elementy, których współdziałanie determinuje charakter zmienności dziedzicznej:

<sup>1</sup> Streszczenie referatu wygłoszonego na posiedzeniu Oddziału Warszawskiego PTB w dn. 7 czerwca 1962 r.

- a) Plastyczność substancji będącej nosicielem dziedziczności (plastyczność KDN);
- b) Presja selekcyjna środowiska.

Omówimy pokrótce obydwie te elementy.

O dużej plastyczności genotypu i wchodzących w jego skład genów łatwo przekonać się doświadczalnie indukując różnego rodzaju mutacje; plastyczności tej dowodzi również proces ewolucji. Zmienność poszczególnych genów jest bardzo daleko idąca. Benzer (1961) zanalizował gen r II u bakteriofaga T 4. Znalazł on w obrębie tego genu 308 różnych pozycji, w których następowały mutacje. Pozycje te ulegały rekombinacji na drodze crossing over i wszystkie 308 pozycji można było liniowo uporządkować. Tak złożona struktura genu nie jest wyłączną właściwością bakteriofagów. Demerec (1961) przytacza wyniki obliczeń dokonanych dla bakterii *Salmonella typhimurium*. Wskazują one, że jeden z genów tej bakterii złożony jest z 2000 par nukleotydów, a więc zdaje się zawierać 2000 potencjalnych miejsc, w których mógłby zmutować. Złożoną strukturę genów wykryto nie tylko u dużej liczby mikroorganizmów, ale całe serie mutacji jednego genu znajdowano m. in. u muszki owocowej *Drosophila melanogaster*, u kukurydzy i u człowieka (Demerec i Hartman 1959, Pontecorvo 1959, Chernoff 1961), niewątpliwie jest to więc zjawisko ogólnobiologiczne.

Zmienność dziedziczna organizmów nie jest ograniczona do zmienności indywidualnych genów. Drugą dużą dziedzinę zmienności stanowi zmienność grup genów. Geny z reguły zorganizowane są w większe kompleksy zawarte w chromosomach. Liczba chromosomów i ich budowa charakterystyczna jest dla danego gatunku, może jednak ulegać daleko idącym zmianom. Najbardziej znane zmiany polegają na zwielokrotnieniu liczby chromosomów. W ten sposób u tetraploidów w stosunku do wyjściowych form diploidalnych obserwujemy podwojenie liczby chromosomów, a zatem i podwojenie liczby genów, u heksaploidów znajdujemy potrójną, u oktoploidów — poczwórną liczbę genów itp. Obserwowane też bywają zmiany polegające na utracie lub zyskaniu dodatkowej pary chromosomów.

Tego rodzaju zmiany występowały wielokrotnie w procesie ewolucji dając początek seriom o różnym stopniu poliploidalności znanym np. w obrębie rodzajów: *Prunus*, *Solanum*, *Triticum* i in. Również i podstawowa liczba chromosomów ulegała zmniejszeniu lub zwiększeniu w procesie ewolucji. Typowe tego przykłady znajdujemy w obrębie rodzajów *Crepis* i *Allium*.

Formy takie uzyskiwano również eksperymentalnie tworząc np. formy tetraploidalne w obrębie rodzajów: *Secale*, *Trifolium*, *Beta* i in. Niekiedy udawało się również uzyskiwanie form o pojedynczych dodatkowych parach chromosomów, lub posiadających dodatkowo fragmenty chromosomów. Strata chromosomu lub jego części jest zazwyczaj zmianą letalną, proces jednak może zachodzić stopniowo i niewątpliwie odgrywał również rolę w rozwoju ewolucyjnym świata organicznego (Darlington 1958, Stebbins 1958).

Opisane przykłady zmiany budowy genów i zmiany liczby genów dowodzą plastyczności genotypu, wykazują, że jest on podatny na zmiany, nie przesądzają jednak kierunku tych zmian.

Zasadniczym czynnikiem, determinującym kierunek zmian dziedzicznych, jest presja selekcyjna środowiska. Największe szanse przetrwania, względnie wydania potomstwa mają te gamety, osobniki czy populacje osobników, które mają genotypy zapewniające im przewagę w stosunku do innych gamet, osobników czy populacji, a zarazem te, które są najlepiej przystosowane do środowiska.

Odkryte przez Darwina zjawisko selekcji naturalnej, którego interpretacja została przez biologów współczesnych znacznie pogłębiona, jest zasadniczym czynnikiem kształtującym zmienność organizmów i określającym kierunki ewolucji. Nie będziemy się zajmowali analizą całokształtu tego skomplikowanego i niezmiernie zróżnicowanego procesu. Momentem istotnym dla naszych rozważań jest to, że środowisko determinuje kierunek zmienności nie tylko w sposób bezpośredni, poprzez zwiększenie szans przetrwania osobników najlepiej przystosowanych. Tak prosty mechanizm działania nie wystarczałby dla umożliwienia tego bogactwa przemian ewolucyjnych i pojawiania się tak złożonych i różnorodnych przystosowań, jakie obserwujemy w świecie organicznym.

Współzależność między wpływem środowiska a zmiennością organizmów kształtuje się w sposób złożony, a zasadniczym czynnikiem stwarzającym korzystne warunki dla różnicowania się organizmów pod wpływem presji selekcyjnej środowiska jest rozmnażanie płciowe.

#### Rozmnażanie płciowe jako źródło zmienności organizmów

Dwa podstawowe elementy składają się na rozmnażanie płciowe: kariogamia i mejoza. Pierwszy proces prowadzi do podwojenia liczby chromosomów, drugi zaś redukuje ich liczbę do połowy, czyli do liczby wyjściowej.

Gamety łączące się w zygotę w procesie kariogamii są u większości organizmów 2 rodzajów, występując w postaci gamet żeńskich, które cechuje większe nagromadzenie substancji zapasowych i mniejsza ruchliwość oraz gamet męskich, zazwyczaj mniejszych i bardziej ruchliwych.

Gamety męskie i żeńskie mogą być wytwarzane przez te same osobniki — mówimy wówczas o hermafrodytyzmie, albo też są wytwarzane przez różne osobniki — mówimy wówczas o dwupłciowości. Przy tym osobniki wytwarzające większe i mniej ruchliwe gamety nazywamy osobnikami żeńskimi, a osobniki wytwarzające gamety bardziej ruchliwe nazywamy osobnikami męskimi.

Jest interesujące, że zjawisko zróżnicowania gamet, którego zaczątki obserwujemy już u bakterii, występuje powszechnie u organizmów wyższych, zarówno roślinnych, jak i zwierzęcych, choć mechanizm determinacji płci jest ogromnie różnorodny i często zmienny jest nawet w obrębie niewielkich grup systematycznych (Darlington 1958).

Rozmnażanie płciowe jest źródłem zmienności organizmów w 2 zasadniczych aspektach:

- a) umożliwiając istnienie osobników heterozygotycznych,
- b) umożliwiając rekombinację genów.

Na skutek podwajania się liczby chromosomów przy powstawaniu zygoty, wszystkie komórki, powstające na drodze podziałów mitotycznych z zygoty, są diploidalne, zawierają po 2 geny każdego rodzaju. U wyższych roślin i zwierząt powstają tą drogą diploidalne osobniki. Zazwyczaj występowanie genu w pojedynczej liczbie wystarcza dla zdeterminowania kierowanych jego obecnością funkcji, a zatem jeśli allel normalnie funkcjonującego genu ma mniejszą wartość adaptacyjną w danych warunkach, nie przeszkadza to normalnemu funkcjonowaniu organizmu. Niekiedy obecność 2 różnych alleli jest nawet dla organizmu korzystna. Zachodzi to w wypadku superdominacji. W każdym razie istnienie par genów u organizmów diploidalnych umożliwia występowanie w postaci heterozygotycznej genów, które występując w postaci homozygotycznej obniżają żywotność organizmu. W ten sposób utrzymują się np. w populacjach ludzkich geny determinujące albinizm, daltonizm, hemofilię, anemię sierpowatą i wiele innych wad rozwojowych, albo nawet zgoła geny letalne. Podobnie w populacjach roślinnych powszechnie występują geny, które w stanie homozygotycznym wywołują najrozmaitsze anomalie chloroplastów, osłabienie wzrostu, obniżenie płodności itp. Prawa rządzące dynamiką populacji powodują, że geny te będą się uporczywie utrzymywały z pokolenia w pokolenie, o ile nie są szkodliwe dla form heterozygotycznych, a z reguły szkodliwe nie są.

Geny takie, zazwyczaj bezpośrednio mało dla organizmów użyteczne, utrzymując się w dużych ilościach w populacjach mogą sporadycznie ulegać dalszym przekształceniom na drodze mutacji, ewentualnie przybierając postać, która będzie determinowała jakąś nową, nie istniejącą dotąd w populacji, cenną właściwość dziedziczną. W ten sposób występowanie form heterozygotycznych stwarza możliwość stopniowego wykształcania się nowych, pożądanych dla organizmu genów.

Stworzenie warunków dla utrzymywania się różnorodnych genów w populacji oraz warunków dla formowania się nowych genów nie jest jedyną rolą rozmnażania płciowego. Drugą istotną jego funkcją z punktu widzenia zmienności organizmów jest umożliwienie rekombinacji genów. Na skutek losowego rozchodzenia się chromosomów ojcowskich i matecznych w I podziale redukcyjnym mejozy następuje rekombinacja genów położonych w różnych chromosomach, na skutek zaś *crossing over* następuje rekombinacja genów położonych na tej samej parze chromosomów homologicznych.

Liczba możliwych kombinacji genów w potomstwie jest olbrzymia. Przypuśćmy, że formy rodzicielskie różniły się pod względem 15 tylko genów, wówczas w II pokoleniu mieszańców może pojawić się  $3^{15}$  klas tj. ponad 14 milionów osobników, z których każdy będzie genetycznie różny od wszystkich osobników pozostałych. Oczywiście, przy krzyżowaniu osobników niespokrewnionych, będą się one różniły między sobą znacznie większą liczbą genów, a stąd możliwe genetyczne kombinacje potomstwa będą szły w grube miliardy. Stwarza to szerokie możliwości dla pojawiania się osobników o coraz korzystniejszych kombinacjach genów, przy tym mogą kombinować się ze sobą geny, które pojawiły się w niezależnie od siebie rozwijają-

cych się populacjach, jeśli tylko możliwe jest, choćby sporadyczne przekrzyżowywanie się osobników należących do tych populacji.

Rozmnażanie płciowe zatem, stwarzając warunki dla formowania się nowych genów i dobierania się korzystnych ich kombinacji, stwarza podstawowe warunki dla stałego doskonalenia się organizmów w procesie ewolucji.

#### Procesy paraseksualne, jako źródło zmienności organizmów

U wielu organizmów niższych, a w szczególności u bakterii, wirusów i u znacznej liczby grzybów właściwy proces płciowy nie jest znany. Powstaje zagadnienie, czy u tych organizmów nie występują procesy zastępcze, dające z punktu widzenia zmienności i ewolucji efekty podobne do rozmnażania płciowego.

Okazało się, że tego rodzaju procesy zachodzą. Zostały one przez prof. Pontecorvo nazwane w 1954 r. procesami paraseksualnymi. Według jego definicji proces paraseksualny jest to taki proces, który prowadzi do rekombinacji genów w sposób odmienny niż na drodze regularnie po sobie następujących procesów kariogamii i mejozy.

Omówimy kilka typów procesów paraseksualnych, obserwowanych u różnych grup mikroorganizmów.

Proces paraseksualny u workowców. Klasycznym obiektem badań zespołu prof. Pontecorvo, w którego pracowni proces ten został odkryty, jest *Aspergillus nidulans*.

Okazało się, że w strzępkach tego grzyba od czasu do czasu pojawiają się jądra o podwójnej liczbie chromosomów, dając początek sektorom grzybni diploidalnej. Nie obserwowano bezpośrednio tego procesu, ale można przypuszczać, że następuje on w wyniku podziału w bliskim sąsiedztwie dwóch różnych jąder poprzez formowanie się jądra potomnego obejmującego po jednym komplecie chromosomów każdego z dwu jąder wyjściowych.

W takich jądrach diploidalnych następuje od czasu do czasu somatyczny *crossing over* prowadzący do wymiany odcinków między chromosomami homologicznymi. O ile wyjściowe jądra były genetycznie zróżnicowane, powstaje w ten sposób możliwość pojawiania się nowych kombinacji genów.

Genetycznie zróżnicowane jądra łatwo mogą pojawiać się w grzybni, powszechnym zjawiskiem bowiem jest, że sąsiadujące kolonie grzyba zlewają się ze sobą, dając początek grzybni o jądrach mieszanych, czyli tzw. grzybni heterokariotycznej.

Jądra diploidalne nie są trwałe. Ich liczba chromosomów ulega stopniowej redukcji. Prawdopodobnie proces zachodzi w wyniku sporadycznego nierozchodzenia się indywidualnych par chromosomów w mitozie, co powoduje, że jedno z jąder potomnych otrzymuje obydwie chromosomy popodziałowe, a drugie z jąder nie otrzymuje żadnego.

Końcowym produktem procesu redukcji liczby chromosomów jest ponownie jądro haploidalne. Na skutek tego, że chromosomy traczone są mniej więcej losowo,

jądro potomne z reguły zawiera chromosomy pochodzące od obu jąder wyjściowych, w wyniku zaś somatycznego *crossing over* mogą również następować rekombinacje genów położonych na tym samym chromosomie.

Somatyczny *crossing over* zachodzi przy tym u *A. nidulans* bardzo regularnie, a uszeregowanie genów, ustalane przy wykreślaniu map chromosomów tego grzyba odpowiednio na podstawie somatycznego i mitotycznego *crossing over* okazało się być całkowicie zgodne (Pontecorvo i Käfer 1958).

Opisany proces zapewnia rekombinowanie się genów w sposób podobny do procesu płciowego. Analogiczny proces obserwowano u szeregu innych gatunków z rodzajów: *Aspergillus*, *Penicillium*, *Fusarium* i *Cochliobolus* (Pontecorvo 1959, Tinline 1962).

Powstaje zagadnienie, czy u tych mikroorganizmów realizowana jest w jakiś sposób druga podstawowa funkcja rozmnażania płciowego, a mianowicie tworzenie warunków dla «gromadzenia zmienności» i różnicowania się nowych genów. Funkcja ta realizowana jest, choć w mniej doskonały sposób, na drodze heterokariotyzyacji. Grzybnie mają łatwość tworzenia różnego rodzaju heterokarionów, w nich zaś mogą utrzymywać się, a nawet znajdować pomyślne warunki rozwojowe jądra o składzie genetycznym, który uniemożliwia wytworzenie silnie rosnącej grzybni homokariotycznej, zawierającej wyłącznie jądra o danym genotypie.

Procesy paraseksualne u bakterii. Są one bardzo różnorodne, a poznanie ich rzuciło dużo światła na sam mechanizm dziedziczenia. Trzy z tych procesów omówimy:

a) «Koniugacja» bakterii. U *Escherichia coli* występuje proces mający wiele cech charakterystycznych procesu płciowego. Wśród osobników tych bakterii znaleziono formy, określane terminem HFR, których przedstawiciele mają zdolność wprowadzania swego chromosomu do innych bakterii tego gatunku. U tych ostatnich zatem liczba genów ulega podwojeniu. Stan ten nie jest trwały, a w potomstwie bakterii, które ze sobą koniugowały, często znajdujemy osobniki zawierające genotyp rekombinacyjny. Trudno tu mówić o właściwym procesie płciowym, nie wiadomo bowiem, czy diploidyzyacja obejmuje cały genotyp i brak wskazuje przemawiających za tym, by zachodził proces mejozy. Niewątpliwie powstaje jednak genotyp mieszany, pochodzący od 2 form wyjściowych, mamy więc do czynienia z procesem paraseksualnym (Wollman i in. 1956).

b) Transformacja u bakterii. Jeśli bakterie jednego szczepu umieścić w środowisku zawierającym KDN pochodzący z innego szczepu bakterii, KDN ze środowiska wnika do bakterii, a następnie może włączyć się do ich genotypu, powodując w efekcie powstawanie genotypów rekombinacyjnych. Zjawisko transformacji obserwowano u kilku różnych rodzajów bakterii, m. in. u *Diplococcus*, *Hemophilus* i *Escherichia*.

Proces transformacji umożliwia zupełnie nowy sposób powstawania genotypu rekombinacyjnego. Rekombinacja zachodzi tu nie między chromosomami dwóch organizmów, jak to we wszystkich omówionych przypadkach miało miejsce, ale między genami znajdującymi się w oczyszczonym KDN a chromosomem. Transfor-



mujący KDN udało się przy tym oczyścić w daleko idącym stopniu. Tak np. zdolność transformowania wykazywały preparaty zawierające poniżej 0,02% białka (Hotchkiss 1955).

c) Lizogenizacja u bakterii. Bakteriofagi atakujące bakterie składają się z KDN i z otoczki białkowej. Dla spowodowania infekcji wystarcza sam KDN, który ma więc tutaj postać infekcyjnej substancji o charakterze genowym. Wielokrotnie obserwowano, że bakteriofagi mogą występować w postaci «faga wegetatywnego», zdolnego do szybkiego namnażania się, co w efekcie powoduje zniszczenie bakterii, albo w postaci «faga utemperowanego», zwanego również profagiem. Częstość podziałów profaga odpowiada częstości podziałów bakterii. «Fag wegetatywny» może sporadycznie, po wnikięciu do bakterii, przekształcić się w «faga utemperowanego» i odwrotnie, «fag utemperowany» sporadycznie odzyskuje zdolność intensywnego namnażania się. Szczególnie interesujące jest, że «fag utemperowany» może zajmować określoną pozycję w chromosomie bakterii. Tak np. profag lambda zajmuje u *Escherichia coli* miejsce obok genu determinującego zdolność do syntezy galaktozy. Co ciekawsze, przechodząc w fazę «faga wegetatywnego», może unosić ze sobą fragment chromosomu bakterii zawierający ten gen (Morse, Lederberg i Lederberg 1956).

Lizogenizacja również przypomina rekombinację genetyczną. Wyróżnia ją to, że dotyczy indywidualnego elementu genomu, określonego profaga. Element ten może wykazywać dużą samodzielność, mając zdolność opuszczenia chromosomu, w którym się mieścił, intensywnego namnażania się, wnikania do innych bakterii i ewentualnie ponownego włączania się w analogiczne miejsce ich chromosomu.

Opisane 3 rodzaje procesów paraseksualnych u bakterii ilustrują różnorodność zachodzących tu procesów.

Można znów postawić pytanie, czy u bakterii istnieje mechanizm umożliwiający gromadzenie genów mniej bezpośrednio przydatnych i czy są warunki stopniowego różnicowania się nowych genów. Za namiastkę heterozygotyczności właściwej organizmom wyższym można uważać występowanie pewnego syntrofizmu bakterii rozwijających się w jednej kolonii, a być może również występowanie w chromosomach KDN, który zdaje się być genetycznie nieczynny (Demerec 1961). Jak się zdaje, mechanizm ten jest mniej doskonały niż u workowców i znacznie mniej doskonały niż u organizmów wyższych. Być może ta mniejsza zdolność «akumulowania zmienności» jest u mikroorganizmów częściowo rekompensowana łatwością rozwijania się wielkich populacji z nielicznych osobników wyjściowych.

#### Możliwości przekształcania dziedziczności organizmów w związku z odkryciem procesów paraseksualnych

Odkrycie procesów paraseksualnych u mikroorganizmów skłoniło do zainteresowania się, czy tego rodzaju procesy nie zachodzą również u organizmów wyższych i czy nie dałoby się ich wyzyskać w pracach hodowlanych.

Niektóre elementy procesów paraseksualnych niewątpliwie występują u organizmów wyższych. Tak np. znane jest występowanie w tkankach somatycznych

sporadycznego podwajania się liczby chromosomów (np. pojawianie się pędów poliploidalnych u roślin wyższych), somatycznego *crossing over* (obserwowany przez Sterna u *Drosophila melanogaster* już w 1936 r.), znane są też różne nieregularności w mitozie, które mogą prowadzić do utraty poszczególnych chromosomów. Wielokrotnie obserwowano również pojawianie się osobników haploidalnych; używano m. in. haploidy ziemniaków, kukurydzy, topoli i in.

Wykrycie tych zjawisk może się okazać użyteczne w związku z rozwojem techniki kultur tkankowych organizmów wyższych. Mogą one posłużyć dla przeprowadzania analizy genetycznej organizmów, które w inny sposób trudno analizować (człowiek, rośliny wieloletnie). Być może, na tej drodze uda się uzyskać korzystne kombinacje genów, przy czym w wypadku kultur tkankowych roślinnych są szanse uzyskania z nich ponownie całych organizmów o ewentualnie zmodyfikowanym genotypie.

Bardziej jeszcze atrakcyjnie wyglądają perspektywy osiągnięć w zakresie transformacji. Stwierdzenie faktu, że geny w postaci oczyszczonego KDN mogą być wchłonięte przez komórkę i zostać włączone do jej genotypu, wskazuje, że istnieją możliwości bezpośredniego niejako zmieniania genotypu przez włączanie do niego nowych elementów.

Równocześnie nowe osiągnięcia w zakresie syntezy KDN (Trautner i in. 1962) oraz gromadzenie się danych na temat, w jaki sposób informacja genetyczna zawarta jest w strukturze KDN (Crick i in. 1961, Speyer i in. 1962), pozwala przypuszczać, że w przyszłości mogą się pojawić możliwości syntezy genów determinujących określone właściwości.

W tej sytuacji kapitalne znaczenie ma zagadnienie, jakie są możliwości wprowadzania, pochodzącego z zewnątrz KDN, do genotypu innych organizmów niż bakterie.

Po pierwszych optymistycznych doniesieniach (Benoit i in. 1957), które okazały się jednak przedwczesne (Swoboda i Haskowa 1959), obok doniesień o wynikach negatywnych, pojawiają się również sporadycznie informacje o pewnych sukcesach w tym zakresie (Dux 1962, Gartler 1959, Hill 1961, Nowikow i in. 1961, Wilczok 1962).

Z różnych względów nie należy się spodziewać łatwych sukcesów w tej dziedzinie. Nawet u bakterii tylko w obrębie nielicznych gatunków udało się uzyskać transformację, przy czym kultury bakterii, które są zdolne ulegać transformacji, wykazują duże wahania w podatności na ten proces i zwykle faza podatności w okresie rozwoju kultury jest bardzo krótkotrwała. Bakterie zdają się być szczególnie podatne na tego typu zmiany zarówno ze względu na małe rozmiary i prostszą, jak się zdaje, budowę wewnętrzną, jak też i ze względu na to, że znany jest u nich naturalny proces lizogenizacji, który ma charakter podobny do procesu transformacji.

Z drugiej strony wiemy, że komórki wielu roślin wyższych i wielu wyższych zwierząt podatne są na zakażenie wirusami, a w procesie zakażenia kwas nukleinowy



wirusa zdolny jest wnikać do wnętrza komórki. Na możliwości wnikania KDN do kultur tkankowych ssaków wskazują doświadczenia Gartlera (1959), a Hill (1961) podaje, że KDN zdaje się być szybko i specyficznie wchłaniany przez jądra komórkowe.

W chwili obecnej trudno jeszcze przewidzieć wyniki badań w tej dziedzinie. Postępy naszej wiedzy o biochemii KDN i o mechanizmie transformacji budzą nadzieję, że zaistnieją możliwości kierunkowego przekształcania organizmów sposobami, jakie jeszcze kilka lat temu były nie do pomyślenia. Przyszłość pokaże, czy i w jakiej mierze nadzieje te zostaną zrealizowane.

Zakład Genetyki Roślin PAN

#### LITERATURA

- Benoit J., Leroy P., Vendrely M. R., (1957): Modifications des caracteres raciaux observees sur des canetons issus de canes et de canards Pekin prealablement soumis a des injections d'acide desoxyribonucleique de canard Khaki, *Compt. Rend. Hebd. Acad. Sci.*, **245**, 445—451.
- Benzer S., (1961): On the topography of genetic fine structure *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, **47**, 403—416.
- Chernoff A. I., (1961): Some genetical considerations of the abnormal hemoglobins in the light of their amino acid structure, *Amer. J. Human Genet.*, **13**, 151—170.
- Crick F. H. C., Barnett L., Brenner S. i Watts-Tobin R. I., (1961): General nature of the genetic code for proteins, *Nature (Lond.)*, **192**, 1227—33.
- Darlington C. D., (1958): Evolution of genetic systems, Oliver and Boyd, Edinburg.
- Demerec M., (1961): The nature of the gene, *Amer. J. Human Genet.*, **13**, 122—127.
- Demerec M. i Hartman P. E., (1959): Complex loci in microorganisms, *Ann. Rev. Microbiol.*, **13**, 377—406.
- Dux K., (1962): Transformacja genetyczna komórek somatycznych, *Streszcz. ref. konf. nauk. Kom. Mikrobiol. PAN pt. Kwasy Nukl.*
- Gartler S. M., (1959): Incorporation of DNA by mammalian cells in tissue culture, *Genetics*, **44**, 512—13.
- Hotchkiss R. D., (1955): Bacterial transformations, *J. Cell. Comp. Physiol.*, **45**, suppl. 2, 1—22.
- Morse M. L., Lederberg E. M., i Lederberg J., (1956): Transductional heterogenotes in *Escherichia coli*, *Genetics*, **41**, 758—79.
- Nowikow B. G., Czepinoga O. P. i Lubarska M. A. (1961): Efekt iniekcji czuźwidnoy DNK u utok *Z. Obszcz. Biol.*, **22**, 317—20.
- Pontecorvo G. (1954): Mitotic recombination in the genetic system of filamentous fungi, *Caryologia, Suppl.*, **6**, 192—200.
- Pontecorvo G. (1959): Trends in genetic analysis, Oxford Univ. Press.
- Pontecorvo G. i Käfer E. (1958): Genetic analysis by means of mitotic recombination, *Advances in genetics*, **9**, 71—104.
- Speyer J. F., Lengyel P., Basilio C. i Ochoa S. (1962): Synthetic polynucleotides and the amino acid code IV, *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, **48**, 441—448.
- Stebbins G. L. (1958): Zmienność i ewolucja roślin, PWN, Warszawa.
- Stern C. (1936): Somatic crossing over and segregation in *Drosophila melanogaster*, *Genetics*, **21**, 625—730 (wg Pontecorvo, 1959).

- Swoboda J. i Saskova V. (1959): Failure to produce somatic changes between strains of ducks by means of specific DNA, *Folia Biol. CAV*, **5**, 402—404.
- Tinline R. D. (1962): *Cochliobolus sativus* V, Heterokaryosis and parasexuality, *Canad. J. Bot.*, **40**, 425—37.
- Trautner T. A., Schwartz M. N. i Kornberg A. (1962): Enzymatic synthesis of desoxyrybonucleic acid, X, *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, **48**, 449—455.
- Wilczok T. (1962): Wbudowywanie heterogennego kwasu dezoksyrybonukleinowego do komórek nowotworowych, *Streszcz. ref. konf. nauk. Kom. Mikrobiol. PAN pt. Kwasy Nukleinowe*.
- Wollman E. L., Jacob F. i Hayes W. (1956): Conjugation and genetic recombination in *Escherichia coli* K — 12, *Cold Spring Harbour Symp. Quant. Biol.*, **21**, 141—162.