

Apie sintetinės gyvybės kilmę

Mokslininkai eksponentiniu greičiu aiškinasi gyvybės paslaptis. Daugėjant pamatinių žinių, vis daugiau mokslininkų įkvepiami Ričardo Feynmano citatos: „Nesuprantu to, ko negaliu sukurti.“ Pastarųjų dešimtmečių technologijos sukėlė perversmą sintetinant ir valdant pagrindines gyvų būtybių dalis ir sudarė sąlygas kurti vis sudėtingesnes molekulinės mašinas, o galiausiai – sukurti visiškai dirbtinę gyvybę. Šių mokslinių tyrimų rezultatai jau naudojami pramonėje, bet jų pasitelkimas medicinai kelia moralinių priešpriešų.

Dainius Tautvaišas

UAB „Thermo Fisher Scientific Baltics“,

Technologijų vystymo padalinys

V. A. Graičiūno g. 8, LT-02241 Vilnius

El. paštas: d.tautvaisas@gmail.com

Pagrindiniai žodžiai: sintetinė biologija, dirbtinė gyvybė, standartizavimas, dizainas, etika.

Biologijos mokslai XXI a. išgyvena renesansą. Žmonės iš tiesų virsta „gamtos valdovais ir savininkais“, kaip sakė René Descartes'as. Vos prieš 70 metų žmonija net neįsivaizdavo, kas yra genetinis kodas, o dabar gebame jį perskaityti ir net sudaryti pagal savo poreikius. Iš to kilo nauja sintetinės biologijos mokslo sritis, pritaikanti elementarius inžinerijos principus kuriant sudėtingas biologines sistemas – naujas gyvybės formas.

Biomokslai žengia į priekį eksponentiniu greičiu – didesniu nei kompiuterinės technologijos pagal „Intel“ išgarsintą Moore'o dėsnį. Daugėjant susintetinamų organizmo dalių, pradedama galvoti, kada bus sukurta pirmoji visiškai dirbtinė gyvybės rūšis. Kita vertus, sintetinės rūšys atsiranda ir įterpiančios naujas dirbtines dalis į jau egzistuojančias (Moreno et al. 2012). Galiausiai, pasitelkiant naujas technologijas, galėtų būti prikeltos išnykusios rūšys, pavyzdžiui, gauruotieji mamutai (Minteer 2014).

Biomokslų ateitis priklausys nuo mūsų, tačiau jų pritaikymas jau dabar yra padaręs didelę įtaką žmonijos gerovei. Elementarios higienos taisyklės ir visuotinė vakcinacija buvo pasiūlytos supratęs mikrobiologijos principus. Nors šie atradimai buvo padaryti prieš kelis šimtmečius, jie vis dar yra esminiai veiksniai, lemiantys itin greitą žmonių populiacijos didėjimą, dabar ypač pastebimą mažiau išsivysčiusiuose regionuose. Kita vertus, žmonijos klestėjimas sukelia masinį kitų rūšių išnykimą (Ceballos et al. 2015).

Šiuolaikinių gyvybės mokslų dėmesys sutelktas į senatvines ligas: mirtinos ir luošinančios ligos tampa išvengiamos bei pagydomos, vis daugiau žmonių yra sveiki, todėl kitas mokslo žingsnis – padidinti mūsų efektyvumą ir ilgaamžiškumą (Rosenthal, Badylak, Watt & Trounson 2016). Paprasčiausi metodai mažai skiriasi nuo išgerto puodelio kavos, sudėtingesni gali paveikti mūsų vaikus dar prieš jiems gimstant. Turėdami tokią biologinės manipuliacijos galią, privalome atidžiai pasvarstyti, kokią ateitį norime sukurti.

Šioje esė aptarsiu sintetinės biologijos principus ir siekius bei kliūtis, kurios, kuriant dirbtinę gyvybę ir biologiškai modifikuotą žmoniją, ko gero, niekada nebus įveiktos.

Sintetinės biologijos kilmė

Didžiausi žmonijos pasiekimai kilo iš bendradarbiavimo tiek pramonėje, tiek institucijose. Standartizacija – techninių standartų pritaikymas – dažniausiai laikoma pramonės perversmo nuopelnu. Vis dėlto net

senovės Egipto piramidės buvo pastatytos naudojant standartinius blokus ir atspindėjo universalius geometrijos standartus. Priešingai nei senovės Egipte, šiuolaikinėje civilizacijoje gausu tarpusavyje derančių veržlių ir varžtų, kurie, kaip ir daugybė kitų dalykų, kilo iš plačiai pripažintų inžinerijos standartų.

Didžiausios matavimo ir keitimosi informacija sistemos nebuvo įdiegtos priverstinai. Šias sistemas įdiegti buvo verta, nes jos labai pagerino inovacijų sklaidimą ir leido padidinti jų veiksmingumą. Mokslo pasiekimai smarkiai palengvino pramonės perversmą ir pagelbėjo plėtojant standartus, kuriais yra pagrįsta šiuolaikinė visuomenė. Visuotinai pripažįstama, kad be iš anksto nustatytų technologijų standartų niekada nebūtų galima įgyvendinti didelių tarptautinių ir tarpdisciplininių projektų, tokių kaip Didysis hadronų greitintuvas arba Žmogaus genomo projektas. Tik laiko klausimas, kada standartai taps nebe mokslo produktu, o jo pagrindu. Atsižvelgiant į tai, išsivystė sintetinės biologijos mokslas, kurio tikslas – panaudoti istorijos raidoje susiformavusius molekulinės biologijos metodus kuriant naujus, inžinerinių principų pagrindu sukonstruotus biologinius prietaisus ir sistemas.

XX a. sintetinės biologijos ekspertai žada perspektyvias, perversmą sukeliančias naujoves įvairiose srityse, tokiose kaip sveikatos apsauga, medžiagų gamyba, aplinkos tvarumas, maisto gamyba ir tobulinimas bei atsinaujinanti energija, ir tai tik keli pavyzdžiai (Khalil & Collins 2010). Iš esmės viską, kas šiuo metu yra biologinis procesas arba gali juo tapti, yra patogu gaminti naudojant šiuolaikinius laboratorinius įrankius. Nors biochemikai ir genetikai dešimtmečiais kalbėjo apie labai panašius potencialius taikymo būdus, jie daugiausia dėmesio skyrė natūraliems mechanizms atrasti ir išaiškinti. Sintetinė biologija sudaro sąlygas pereiti iš biologinių žinių apie ląsteles ir jų sudedamąsias dalis srities į tų ląstelių inžinerijos sritį.

Sąvoka „sintetinė biologija“ nėra nauja. Pirmą kartą ji buvo paminėta 1912 m. knygoje *La Biologie Synthétique*

(Leduc 1912), kurioje buvo išdėstyta keletas biofizikinių gyvųjų organizmų principų. Šią sritį praplėtė genų inžinerijos išsivystymas XX a. aštuntame dešimtmetyje, tačiau genų inžinerija daugiausia rėmėsi ribotų natūralių genų perkėlimu tarp organizmų. Būtiniausia technologija, kurios trūko norint pasiekti tikrąsias sintetinės biologijos galimybes, buvo *de novo* DNR sintezė ir surinkimas. Nuo XXI a. DNR sekos nustatymo (Hayden 2014) ir sintezės (Carlson 2009) išlaidos bazių porai eksponentiškai mažėjo. Tai leidžia dideliu mastu sintetinti pakeistus genetinius elementus ir sistemas, skirtus įvairiai taikyti, – nuo genų iki sudėtingų sintezės kelių, iki chromosomų, galiausiai – iki genomų. Galima kurti tikrą sintetinę biologiją. Sintetinės biologijos galimybes greitai ribos tik vaizduotė, todėl labai svarbu visiems kartu stengtis saugiai, veiksmingai ir etiškai pritaikyti šią technologiją ateityje.

Kas yra biobrikai? Biobrikų fondas (BioBricks Foundation, BBFša 2017) ir Tarptautinis genetiškai modifikuotų mašinų konkursas (The International Genetically Engineered Machine Competition, iGEM 2017) apima didžiausią tarptautinę sintetinės biologijos mokslininkų bendruomenę, pradėjusią standartizaciją šioje srityje. iGEM kai kurių mokslininkų yra neoficialiai kritikuojamas dėl mažo mokslinio pagrįstumo (Vilanova & Porcar 2014), nes daugumą projektų vykdo studentai, be to, konkurso projektai yra trumpalaikiai, trunka vos kelis mėnesius. Vis dėlto pagrindiniai organizaciniai biobrikų sistemos principai daro didelę įtaką sintetinės biologijos vystymui.

Norint pritaikyti biobrikų sistemą, pirmiausia buvo apibrėžta standartinė fizinė genetinių prietaisų, ypač skirtų genų raiškai, sudėtis. Pavyzdžiui, bakterijų genai paprastai turi keturias dalis: promotorių, po jo 5' netransliuojamą, koduojančią ir 3' netransliuojamą seką (Struhl 1999), kurių kiekviena gali būti atskiras biobrikas – biologinė „plyta“, iš kurių kombinacijų konstruojami sudėtingi genetiniai mechanizmai. Prie šių dalių gali būti prijungtos standartinės pradžios ir galo sekos, leidžiančios dalims keistis vietomis. Esant tokiai sistemai, galime panaudoti realias

arba sintetines genų dalis ir pagal poreikį tiksliai pakeisti potencialiai bet kokio geno funkciją, jį suskaidydami į biobrikus. Kiekvienoje iš šių dalių gali būti įvairių įvesčių, išvesčių, aktyvumo ar sąveikos savybių, tačiau pagrindinės iš jų turėtų būti suderinamumas tarpusavyje ir pakartotinis panaudojimas (Canton, Labno, & Endy, 2008). Biobrikų DNR sekos ir charakteristikos saugomos Standartinių biologinių dalių registre (Registry of Standard Biological Parts 2017). Tai trečioji pagrindinė organizacija (kartu su iGEM ir BBF), užsiimanti biologinių dalių standartizacija.

Šios organizacijos buvo įsteigtos Masačusetso technologijos instituto inžinierių, perėjusių į biologijos mokslus. Jie manė, kad ląstelės yra panašios į mašinas ir taip pat sudarytos iš standartinių dalių, kurias galima keisti tarpusavyje. BBF pagrindinis standartų rengimo komponentas yra BBF RFC (*Request for Comments*). Procesas prasidėjo 2003 m., išleidus instrukcijas BBF RFC autoriams: *BBF RFC 0: Instructions to BBF RFC* (BioBricks Foundation Request for Comments 2017). Tai 1969 m. inicijuotos interneto tobulinimo programos, kuri buvo pagrindinė interneto techninės plėtros ir standartų nustatymo procedūra (Bradner 1996), dabar turinti daugiau 7 000 RFC atsiliepimų, RFC principų pritaikymas sintetinei biologijai. BBF RFC registre pateikiami biobrikų kūrimo, gamybos, dokumentavimo, charakterizavimo ir veikimo standartai, iš jų sukurti įrenginiai ir sistemos yra pristatomi, aptariami ir platinami. BBF RFC nustatytos gairės yra būtinos norint išlaikyti standartinių biologinių dalių registrą ir taip plėtoti iGEM konkursą. Šios gairės taip pat veikia kaip pavyzdys šiuolaikiniams didelio masto moksliniams projektams, pavyzdžiui, sintetinių mielių (Richardson et al. 2017) arba sintetinio žmogaus genomo (Boeke et al. 2016), įtraukiantiems šimtus mokslininkų.

Ląsteliniai automatai Viena iš įdomiausių paralelių, kylančių iš sintetinės biologijos, yra tarp organizmų ir mašinų, t. y. gyvų ir negyvų dalykų, kai riba yra ištrinama dirbtinių organizmų ir „gyvų“ mašinų. Kompiuterinių technologijų mokslininkai sukūrė dirbtinius intelektą ir gyvybę, kurie atitinka daugelį gyvųjų

organizmų kriterijų – dauginasi, mokosi ir vystosi, kartais – neprognozuojamais būdais (Boden 1980). Vis dėlto šie laimėjimai, pagrįsti programine ir technine įranga, išlieka virtualiame pasaulyje, kuris stipriai apriboja jų egzistavimą.

Daugelis tarpdisciplininių sintetinės biologijos pasiekimų gali būti įgyvendinami ir fizinėje „šlapiojoje“ praktikoje. Praktikoje gyvybė gali būti sukurta iš negyvų elementų ir paversta mašina pagal mūsų dizainą. J. Craig Venterio instituto mokslininkai sukūrė gyvą bakteriją, kontroliuojamą žmogaus sukurto ir visiškai chemiškai susintetinto genomo – *Mycoplasma laboratorium* (Glass et al. 2006). Vis dėlto kaip pagrindą jie panaudojo kitą *Mycoplasma* ląstelę, kurios natūralus genomas buvo pašalintas.

Norėdami tai pasiekti, mokslininkai pirmiausia turėjo iširti kitą įdomią perspektyvą – sukurti minimalią ląstelę, pašalindami visus neesminius genus iš egzistuojančių rūšių. Bakterija *Mycoplasma genitalium* turi mažiausią žinomą natūralų genomą, kurį sudaro 483 genai. Mokslininkai nustatė, kad 100 iš jų – nereikšmingi, o likusieji 383 buvo minimalus genų rinkinys, reikalingas išlikti. Trečdalis šių esminių genų funkcijos vis dar nežinomos. Tai rodo, kad neužtenka žinoti tik minimalų komponentų sąrašą, norint suprasti jų sąveikas biologiniame kontekste (Glass et al. 2006).

Kiti eksperimentuoja iš priešingos krypties – mėgdžiodami ankstyvosios Žemės cheminę sudėtį ir sąlygas, jie palengvina sudėtinų molekulių ar minimalių, gebančių daugintis protoląstelių atsiradimą (Szostak 2009). Galiausiai, kiti mokslininkai kuria biologinius mikroprocesorius, kurie geba valdyti organizmų metabolizmą (Bradley & Wang 2015). Šie biologiniai kompiuteriai, pagrįsti sintetiniais genų valdymo tinklais, sudarytais iš standartizuotų elementų, gali padėti kiekvienai atskirai gyvai ląstelei pasirinkti savo likimą.

Pavyzdžiui, pramoniniai mikroorganizmai, kurie gyvena ir gamina chemines medžiagas didžiuliuose nenatūraliuose bioreaktoriuose, dažnai kenčia dėl netolygaus maisto medžiagų pasiskirstymo ir temperatūros pokyčių. Seno tipo reguliacinės sistemos genams mikroorganizmus priverčia švaistyti energiją dideliais kiekiais gaminant junginius žmonių poreikiams. Tai lemia jų neefektyvumą ir net mirtį. Sintetinis mikroproce-

sorius galėtų padėti kiekvienai ląstelei nustatyti, ar kiekvienu momentu sąlygos vertingų cheminių medžiagų gamybai yra idealios, ar ląstelė turėtų sutelkti dėmesį į išgyvenimą ar dauginimąsi. Taip būtų sumažinamas ląstelių patiriamas stresas ir padidinamas bendras efektyvumas.

Nors biologiniai kompiuteriai gaminami iš biologinių dalių, jie gali atlikti tas pačias funkcijas: įvesties ir išvesties, logikos, atminties, duomenų perdavimo ir pan. (Moe-Behrens 2013). „Microsoft“ investuoja į DNR kaip į perspektyvią ilgalaikio duomenų saugojimo platformą, pakeisiančią tradicinius sprendimus (Extance 2016). Galbūt technologijų įmonės ims domėtis ir kitomis biologinėmis molekulėmis, kai jų gebėjimą kaupti informaciją ir patikimumą įrodys sintetinės biologijos ekspertai?

Gyvųjų sistemų projektavimo sunkumai

Sintetinės biologijos suliejimo su inžinerija galimybės ir sunkumai kyla dėl gyvų ląstelių savybių – jų sugebėjimo daugintis ir vystytis (Endy 2005). Vienos iš pirmaujančių sintetinių biologijos bendrovių „Ginkgo Bioworks“ žodžiais tariant, „biologija yra pažangiausia gamybos technologija planetoje. Pati susirenkanti, pasidauginanti, pasitaisanti biologija kuria atsinaujinančiai – nuo molekulinų mašinų ląstelių viduje iki pasaulinių ekosistemų“ (Ginkgo Bioworks 2017). Šie procesai yra neįsivaizduojami bet kurioje kitoje inžinerijos srityje. Taikant kai kuriuos tradicinius molekulinės biologijos metodus tūkstančiai modifikuotų organizmų variantų konkuruoja tarpusavyje, kol minimaliomis laiko ir pinigų sąnaudomis atrenkamas geriausiai prisitaikęs variantas (Minamoto, Wada, & Shimizu 2012).

Tradiciniai molekulinės biologijos didelio našumo tyrimai ir atranka dažnai priklauso nuo šių procesų. Sintetinių mielių projektas siekia cheminiu būdu susintetinti mielių genomą su indukuojamu visų jų genų duplikavimu, pašalinimu ir pertvarkymu būsimam kamienų optimizavimui ateityje (Dymond et al. 2011). Tai pasiekama sujungiant kiekvieną sintetinį geną su indukuojamomis rekombinacijos vietomis – tai yra puikus pavyzdys, kaip sintetinės biologijos mokslininkai pritaiko gamtos priemonių rinkinį inovacijų raidai. Sėkmingai įgyvendintas,

šis viso genomo apimties metodas gali tapti kitų naudojamų organizmų optimizavimo standartu. Be to, tai parodo, kaip sintetinės biologijos ekspertai siekia optimizuoti nežinomą sudėtingose sistemose. Nors šis atsitiktinumo pasitelkimas yra visiškai priešingas paprastai standartizavimui naudojamam intelektualiam dizainui, jis siejasi su sintetinės biologijos požiūriu į organizmo modalumą ir rekombinaciją.

Dar vienas skirtumas tarp sintetinės biologijos ir įprastos inžinerijos yra biologinių sistemų stochastiškumas ir „minkštumas“, palyginti su standžia elektronika ir infrastruktūra (Endy 2005). Paprasčiausių sintetinių osciliatorių dalijimosi *Escherichia coli* bakterijoje dažnis ir intensyvumas priklauso nuo netolygaus reguliacinių baltymų pasiskirstymo citoplazmoje po ląstelių pasidalijimo ir kitų stochastinių priežasčių (Stricker et al. 2008). Teoriškai kiekvienoje ląstelėje yra vienas genomas, vis dėlto ląstelėms greitai dalijantis šis skaičius viršija 2, nes genomo replikacija pradeda ankstesniam dalijimosi ciklui dar nepasibaigus (Donachie 1993). Dėl to genų, esančių šalia replikacijos pradžios vietos, kopijų būna vidutiniškai daugiau nei esančių toliau. Dauguma sintetinių konstrukcijų iš pradžių išbandomos plazmidėse, tačiau jų kopijų skaičius skirtingose ląstelėse gali labai skirtis, netgi griežtai standartizuojant (Friebs 2004). DNR ir baltymų vietos ląstelėje keitimas taip pat gali pakeisti jų savybes (Chen & Silver 2012).

Labai sudėtingoms natūralioms biologinėms sistemoms yra būdingi tradiciniai inžinerijos tolerancijos ir įgalinimo principai, kurie leidžia sukurti sudėtingą elgesį (Porcar, Danchin, & de Lorenzo 2015). Šią sritį neseniai pradėjo tyrinėti sistemų biologai, todėl plati integracija į sintetinę biologiją bus galima dar greitai. Galutinis tokios integracijos tikslas būtų sukurti visos ląstelės modelį genų inžinerijos rezultatams prognozuoti (Sanghvi et al. 2013). Vis dėlto kaip jis būtų pritaikomas kitų organizmų ląstelėms? Galiausiai, gyvieji organizmai paprastai turi savo vidinius procesus ir keičiantis kartoms gali savaime įgyti nepageidaujamų bruožų arba prarasti tuos, kuriuos įterpiame mes, ar dar blogiau – horizontaliai juos perduoti pavojingiems šeiminkams. Nors šie nenusėjami veiksniai, neefektyvumas ir rizika tiesiogiai nesudaro kliūčių sintetinės biologijos raidai, į juos privalu atsižvelgti, ieškant geriausių sprendimų (Endy 2005). Natūraliai išsivysčiusių gyvųjų organizmų

ir jų komponentų sudėtingumo įvairovė yra didžiulė, ir norint ją visapusiškai apibūdinti, reikėtų atlikti daugybę skirtingų eksperimentų (Arkin 2008). Kai kuriais atvejais gali būti beprasmiška bandyti suprasti, kaip veikia kiekviena atskira ląstelė, todėl reikės remtis ne iki galo žinomais principais.

Sintetinė žmogaus evoliucija

Iki šiol telkėme dėmesį į sintetinės biologijos technologinius pagrindus, tačiau turime atsižvelgti ir į visus galimus šios besiplėtojančios mokslo srities taikymo kontekstus.

Ypač svarbus yra sintetinės biologijos taikymas žmogaus kontekste. Mūsų evoliucija nėra natūrali, nes ji yra neatskiriama nuo mūsų socialinio, kultūrinio ir technologinio vystymosi. Kaip pažymi Stephenas Hawkingas, žmonės, palyginti su kitais gyvūnais, yra visiškai kitoje evoliucinio vystymosi fazėje, be to, žmogaus evoliucija greit pažengs dar toliau (Hawking 2014). Taip yra dėl to, kad evoliucija Žemėje visų pirma vyksta per kiekvieno organizmo DNR, kuri yra natūralus informacijos saugojimo ir perdavimo palikuonims mechanizmas. Tačiau žmonės taip pat sukūrė kalbą, raštą, kompiuterius, internetą ir net primityvius dirbtinius intelektus, jau nekalbant apie neverbalinius komunikacijos būdus. Nuo 1950 m. žmonių technologinis komunikacijos pajėgumas didėjo beveik 28 % per metus, o bendra saugoma informacija – 23 % per metus (Hilbert & López 2011). Atvirkščiai, natūrali evoliucija yra labai lėta – mums prireikė milijonų metų išsivystyti iš beždžionzmonių, įgyjant maždaug vieną mutaciją iš milijardo galimų per metus.

Pastarąjį dešimtmetį matėme didžiulį genų inžinerijos įrankių, kurie galėtų būti naudojami visoms gyvosios gamtos karalystėms, proveržį. Garsiausias ir naujausias pavyzdys yra CRISPR/Cas9 įrankių rinkinys. Nors mokslininkai sutarė, kad ši technologija dar nėra pakankamai tiksli ir socialiai priimtina modifikuoti žmogaus embrionus, kelios grupės šį susitarimą nutraukė 2016 m. (Kaiser 2017). Pavyzdžiui, Kinijos medikų grupės bandė „pataisyti“ negyvybingus embrionus, teigdamos, kad jie buvo jau „prarasti“ (Cyranoski 2016). Švedijos mokslininkų grupė

pirmą kartą išbandė šiuos įrankius su visiškai sveikais embrionais, likusiais po *in vitro* apvaisinimo (Callaway 2016). Vis dėlto abi mokslininkų grupės sunaikino embrionus beveik iš karto po eksperimento ir neleido tęsti bandymų. Kai CRISPR paremta technologija taps patikima, ji tikrai bus naudojama žmogaus embrionams modifikuoti ir tikriausiai plėtosis taip pat sparčiai, kaip informacinės ir sintetinės biologijos technologijos.

Tėvai instinktyviai stengiasi užtikrinti geresnę ateitį savo palikuonims, kaip rodo jau kliniškai prieinamos preimplantacinės genetinės diagnostikos (PGD) technologijos, kurios taikomos dirbtinio apvaisinimo metu. CRISPR/Cas9 įrankiai gali papildyti tas technologijas. Dabar keliamas klausimas jau yra ne „kada“, o „kiek“ keisime, projektuosime savo palikuonis (Page 2015). Nors PGD iš pradžių buvo sukurtos siekiant aptikti ir atrinkti lošinančias ir mirtinas embrionų mutacijas, jos gali būti lengvai pritaikomos pasirenkant palikuonių lytį arba pakeičiant bet kokias genetiškai paveldimas funkcijas. CRISPR/Cas9 taip pat leistų embrionui suteikti bruožų, kurių jis negalėjo gauti iš tėvų (Buxton 2016).

Paveldimų bruožų pasirinkimas vis platėja ir greičiausiai netrukus bus galima pakeisti ir sudėtingus žmogaus bruožus, tokius kaip bendrasis intelektas (Yong 2013). Jungtinės Karalystės Žmogaus apvaisinimo ir embriologijos tarnyba (Human Fertilisation Embryology Authority HFEA 2017) licencijuoja PGD tikrinimą dėl daugiau nei 300 genetinių ligų (įskaitant potipius). Net jei tam tikrų šalių vyriausybės taiko apribojimus paraiškoms, tėvai gali nuvykti į procedūras artimiausiuose ne taip griežtai reglamentuojamuose tarptautiniuose dirbtinio apvaisinimo ir PGD centruose. Tokios didelės galimybės susilaukti sveikų vaikų skatina išsirtinti net ir vaisingus tėvus. Jei PGD išlaidos siekia ne daugiau nei kelis tūkstančius dolerių, toks tikrinimas tampa pigiu apsidraudimu, neturiniu šalutinio poveikio, galinčiu apsaugoti nuo gerokai didesnių sveikatos priežiūros išlaidų ligos atveju, jau nekalbant apie didesnę galimybę vaikui nugyventi ilgą gyvenimą be didelių sveikatos problemų (Plomin & Deary 2015). Net taikant griežtas visuotines PGD naudojimo taisykles

(kai nėra sveikatai ir gyvybei pavojingų būklių), yra didelė tikimybė, kad juodoji rinka plėsis, nes, ar palikuoniui taikytos PGD, aptikti neįmanoma, o galimybės nuolat didėja kartu su gerėjančiu supratimu apie mūsų genomą. Technologijoms toliau progresuojant, per šį šimtmetį filme

„Gataka“ (*Gattaca*, 1997 m.) vaizduojama distopiška, PGD ir eugenikos valdoma visuomenė gali tapti realybe. Šiame filme pavaizduotas pasaulis, kuriame naujagimiai ištiriami ir, jų tėvams leidus, ištaisomos mutacijos, galinčios trukdyti jų sveikam ir sėkmingam gyvenimui. Deja, tai lemia susiskaidžiusią visuomenę, kurioje genetiškai ištobulinti ir netobulinti asmenys konkuruoja.

Kita vertus, jei šia proga būtų naudojamosi protingai, galėtume pradėti naują žmonijos erą, pašalindami neigiamus bruožus, pavyzdžiui, agresiją, ir daugindami teigiamus, tokius kaip empatija. Panašūs eksperimentai jau atliekami su naminiiais gyvuliais. Pavyzdžiui, yra auginami viščiukai, kuriems gaminasi mažiau adrenalino – taip sumažinamas jų polinkis kaptis snapu (Dennis, Chen, & Cheng 2008). Tai tik vienas pavyzdys, kaip lėtas, tradicinis veisimas sukuria žinduolių charakterio pokyčius. CRISPR metodai labai pagreitintų tokius tyrimus, tačiau klausimai, kokioms problemoms spręsti jie turėtų būti taikomi ir kaip šie tyrimai galėtų dalyvauti žmonių gyvenime, vis dar lieka neatsakyti.

Išvada

Gyvybės mokslų potencialas atsiskleidžia eksponentiškai, kyla daug gerų iniciatyvų bei klausimų, kurie pagrįs sėkmingą šios mokslo srities ateitį. Per pastaruosius dešimtmečius sintetinės

biologijos tarpdiscipliniškumas labai išaugo, savo patirtimi prie šio augimo prisideda įvairių sričių specialistai. Inžinieriai ir programuotojai palengvina standartų kūrimą ir automatizavimą, taip padidindami darbo efektyvumą ir projektų apimtį. Socialinių mokslų atstovai integruoja žmogiškąsias praktikas į sintetinės biologijos vystymą. Tai bus itin svarbu kuriant produktyviai valdomą naujovių diegimo aplinką, ypač žmogaus medicinos srityje. Galiausiai, riba tarp gyvo ir negyvo tampa vis blausesnė ir tai turės didelę įtaką mūsų moraliniam supratimui apie gyvybę.

Iš anglų kalbos vertė Emilija Vasiliūnaitė

Literatūra

Arkin, A. 2008. Setting the Standard in Synthetic Biology, *Nature Biotechnology*, 26 (7): 771–774. <http://doi.org/10.1038/nbt0708-771>.

BioBricks Foundation Request for Comments. 2017. Prieiga per internetą: <https://biobricks.org/programs/technical-standards-framework/>

BioBricks Foundation. 2017. Prieiga per internetą: <http://biobricks.org/>

Boden, M. 1980. Computer Models of Creativity, *AI Magazine*, 30 (3): 23. Prieiga per internetą: <https://www.aaai.org/ojs/index.php/aimagazine/article/view/2254>

Boeke, J. D., Church, G., Hessel, A., Kelley, N. J., Arkin, A., Cai, Y., ..., Yang, L. 2016. The Genome Project–Write. Science. Prieiga per internetą: <http://science.sciencemag.org/content/early/2016/06/01/science.aaf6850>

Bradley, R. W., Wang, B. 2015. Designer Cell Signal Processing Circuits for Biotechnology, *New Biotechnology*. <http://doi.org/10.1016/j.nbt.2014.12.009>

Bradner, S. 1996. The Internet Standards Process–Revision 3. Prieiga per internetą: <http://tools.ietf.org/html/rfc2026>.

Buxton, J. 2016. Genome Editing and CRISPR: The Science of Engineering the Embryo. Prieiga per internetą: http://www.bionews.org.uk/page_606553.asp [žiūrėta 2017-05-17].

Callaway, E. 2016. Gene-editing Research in Human Embryos Gains Momentum, *Nature*, 532 (7599): 289–290. <http://doi.org/10.1038/532289a>

Canton, B., Labno, A., Endy, D. 2008. Refinement and Standardization of Synthetic Biological Parts and Devices, *Nature Biotechnology*, 26 (7): 787–793. <http://doi.org/10.1038/nbt1413>

Carlson, R. 2009. The Changing Economics of DNA Synthesis, *Nature Biotechnology*, 27 (12): 1091–1094. <http://doi.org/10.1038/nbt1209-1091>

Ceballos, G., Ehrlich, P. R., Barnosky, A. D., García, A., Pringle, R. M., Palmer, T. M. 2015. Accelerated Modern Human-induced Species Losses: Entering the Sixth Mass Extinction, *Science Advances*, 1 (5). Prieiga per internetą: <http://advances.sciencemag.org/content/1/5/e1400253>

Chen, A. H., Silver, P. A. 2012. Designing Biological Compartmentalization, *Trends in Cell Biology*, 22 (12): 662–670. <http://doi.org/10.1016/j.tcb.2012.07.002>

Cyranoski, D. 2016. CRISPR Gene-editing Tested in a Person for the First Time, *Nature*, 539 (7630): 479–479. <http://doi.org/10.1038/nature.2016.20988>

Dennis, R. L., Chen, Z. Q., Cheng, H. W. (2008). Serotonergic Mediation of Aggression in High and Low Aggressive Chicken Strains, *Poultry Science*, 87 (4): 612–620. <http://doi.org/10.3382/ps.2007-00389>

Dymond, J. S., Richardson, S. M., Coombes, C. E., Babatz, T., Muller, H., Annaluru, N., ..., Boeke, J. D. 2011. Synthetic Chromosome Arms Function in Yeast and Generate Phenotypic Diversity by Design, *Nature*, 477 (7365): 471–476. <http://doi.org/10.1038/nature10403>

Donachie, W. D. 1993. The Cell Cycle of *Escherichia coli*, *Annual Review of Microbiology*, 47: 199–230. <http://doi.org/10.1146/annurev.mi.47.100193.001215>

Endy, D. 2005. Foundations for Engineering Biology, *Nature*, 438 (7067): 449–453. <http://doi.org/10.1038/nature04342>

Extance, A. 2016. How DNA could store All the World's Data, *Nature*, 537 (7618): 22–24. <http://doi.org/10.1038/537022a>

Friebs, K. 2004. Plasmid Copy Number and Plasmid Stability, *Advances in Biochemical Engineering/biotechnology*, 86: 47–82. Prieiga

per internetą: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15088763>

Ginkgo Bioworks. 2017. Prieiga per internetą: <http://www.ginkgobioworks.com/>

Glass, J. I., Assad-Garcia, N., Alperovich, N., Yooseph, S., Lewis, M. R., Maruf, M., ..., Venter, J. C. 2006. Essential Genes of a Minimal Bacterium, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103 (2): 425–430. <http://doi.org/10.1073/pnas.0510013103>

Hayden, E. C. 2014. Technology: The \$1,000 Genome, *Nature*, 507 (7492): 294–295. <http://doi.org/10.1038/507294a>

Hawking, S. 2014. Human Evolution is about to Mimic Evolution's Big Bang. Prieiga per internetą: http://www.dailygalaxy.com/my_weblog/2014/05/stephen-hawking-human-evolution-is-about-to-mimic-evolution-big-bang-todays-most-popular.html

HFEA. 2017. Human Fertilisation Embryology Authority. Prieiga per internetą: <http://www.hfea.gov.uk/preimplantation-genetic-diagnosis.html#1>

Hilbert, M., López, P. 2011. The World's Technological Capacity to Store, Communicate, and Compute Information, *Science*, 332 (6025). Prieiga per internetą: <http://science.sciencemag.org/content/332/6025/60>

International Genetically Engineered Machine Competition. (2017). Prieiga per internetą: http://igem.org/Main_Page

Yong, E. 2013. Chinese Project probes the Genetics of Genius, *Nature*, 497: 297–299. <http://doi.org/10.1038/497297a>

Kaiser, J. 2017. U.S. Panel gives Yellow Light to Human Embryo Editing, *Science*. <http://doi.org/10.1126/science.aal0750>

Khalil, A. S., Collins, J. J. 2010. Synthetic Biology: Applications come of Age, *Nature Reviews. Genetics*, 11 (5): 367–379. <http://doi.org/10.1038/nrg2775>

Leduc, S. 1912. *La biologie synthétique, étude de biophysique*. Paris: Poinat, A., Ed.

Minamoto, T., Wada, E., Shimizu, I. 2012. A New Method for Random Mutagenesis by Error-prone Polymerase Chain Reaction using Heavy Water, *Journal of Biotechnology*, 157 (1): 71–74. <http://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2011.09.012>

Minteer, B. 2014. Is It Right to reverse Extinction? *Nature*, 509 (7500): 261–261. <http://doi.org/10.1038/509261a>

Moe-Behrens, G. H. 2013. The Biological Microprocessor, or how to build a Computer with Biological Parts, *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 7 (8). <http://doi.org/10.5936/csbj.201304003>

Moreno, E., Erezilmaz, D., McGregor, A., Wang, S., Payre, F., Moreno, E. 2012. Design and Construction of “Synthetic Species”, *PLoS ONE*, 7 (7): e39054. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0039054>

Page, M. 2015. Will CRISPR Gene-editing Technology lead to designer Babies? Prieiga per internetą: <https://www.newscientist.com/article/mg22830500-500-will-crispr-gene-editing-technology-lead-to-designer-babies/>

Plomin, R., Deary, J. J. 2015. Genetics and Intelligence Differences: Five Special Findings, *Molecular Psychiatry*, 20: 98–108. [doi:10.1038/mp.2014.105](http://doi.org/10.1038/mp.2014.105)

Porcar, M., Danchin, A., de Lorenzo, V. 2015. Confidence, Tolerance, and Allowance in Biological Engineering: The Nuts and Bolts of Living Things, *BioEssays: News and Reviews in Molecular, Cellular and Developmental Biology*, 37 (1): 95–102. <http://doi.org/10.1002/bies.201400091>

Registry of Standard Biological Parts. 2017. Prieiga per internetą: parts.igem.org/Main_Page

Richardson, S. M., Mitchell, L. A., Stracquadanio, G., Yang, K., Dymond, J. S., DiCarlo, J. E., Bader, J. S. 2017. Design of a Synthetic Yeast Genome, *Science*, 355 (6329). Prieiga

per internetą: <http://science.sciencemag.org/content/355/6329/1040>

Rosenthal, N., Badylak, S., Watt, F. M., Trounson, A. 2016. Regenerative Medicine: Today's discoveries informing the Future of Medical Practice, *Npj Regenerative Medicine*, 1 (1): 16007. <http://doi.org/10.1038/npjregenmed.2016.7>

Sanghvi, J. C., Regot, S., Carrasco, S., Karr, J. R., Gutschow, M. V., Bolival, B., Covert, M. W. 2013. Accelerated Discovery Via a Whole-cell Model, *Nature Methods*, 10 (12): 1192–5. <http://doi.org/10.1038/nmeth.2724>

Stricker, J., Cookson, S., Bennett, M. R., Mather, W. H., Tsimring, L. S., Hasty, J. 2008. A Fast, Robust and Tunable Synthetic Gene Oscillator, *Nature*, 456 (7221): 516–519. <http://doi.org/10.1038/nature07389>

Struhl, K. 1999. Fundamentally Different Logic of Gene Regulation in Eukaryotes and Prokaryotes, *Cell*, 98 (1): 1–4. [http://doi.org/10.1016/S0092-8674\(00\)80599-1](http://doi.org/10.1016/S0092-8674(00)80599-1)

Szostak, J. W. 2009. Origins of Life: Systems Chemistry on Early Earth, *Nature*, 459 (7244): 171–172. <http://doi.org/10.1038/459171a>

Vilanova, C., Porcar, M. 2014. iGEM 2.0-reefoundations for Engineering Biology, *Nat Biotech*, 32 (5): 420–424. Prieiga per internetą: <http://dx.doi.org/10.1038/nbt.2899>