أيهما أصعب: بناء مركبة فضاء تحمل بشراً، أم سلسلة الجينوم (المجين)؟ في آخر مرة وضعت فيها مؤسسة جائزة X التي تقع في الولايات المتحدة الأمريكية مبلغ 10 مليون دولار أمريكي على الطاولة، كانت لاستكشاف الفضاء الخارجي: لبناء مركبة فضائية خاصة تنقل ثلاثة ركاب لارتفاع 100 كم. ولكن المبلغ نفسه مقدم حالياً لتحقيق إنجاز في الفضاء الداخلي. إن مؤسسة جائزة X التي تقدم جائزة تشجيعية ضخمة لإنجازات هائلة في تقانة تفيد البشرية، تسعى لمكافأة أول شركة خاصة تستطيع سَلسلة 100 جينوم بشري بدقة خلال عشرة أيام، وبكلفة أقل من 10000 دولار أمريكي للجينوم الواحد.

بحسب المؤسسة، فإن جائزة X آركون جينوميكس انطلقت منذ العام 2006، وتهدف لتحفيز الابتكار الذي يمكن أن يحدث ثورة في الطب بوصولنا إلى يوم من الأيام حيث «تجلس أنت وطبيبك فيه لمراجعة نسخة من جينومك الشخصي». وهذه ربما تكون صورة مبسطة جداً –في النهاية، نحن ما نزال لا نعرف كيف تعمل معظم المورثات البشرية، ولا كيف تتفاعل (تتآثر) في الأمراض المرتبطة بالمورثات. ومع ذلك، إذا استمرت التحسينات غير العادية في السرعة والتكلفة لسلسلة الجينوم –التي تحفز من قبل مشروع الجينوم البشري (HGP)، فإنه سيكون لها بالتأكيد تأثير عميق على فهمنا للبيولوجيا الوراثية، وبالتالي ليس فقط على العناية الصحية ولكن على مجالات تتراوح بين الأحياء الدقيقة وعلم الإنسان.

ويبدو أنه من الأرجح أن الفيزياء والكيمياء الأساسية ستكون في مركز هذا التقدم. للقراءة الأسرع والأكثر سهولة لسلسلة القواعد في شريطة الدنا (DNA)، هناك حاجة لتقنيات مختلفة كلياً عن تلك المستخدمة في مشروع الجينوم البشري. وهذه يمكن أن تعتمد على مقدرة منابلة (manipulate) الدنا والأنزيمات على مستوى الجزيء المفرد، ومن ثم ستشمل التقانة النانوية. وأكثر من ذلك، أن إحدى أكثر الطرائق وعداً، وهي مرشحة حديثاً، تستخدم المادة التي توصّل إليها حامل جائزة نوبل في الفيزياء هذا العام: ألا وهي الغرافين (رقائق كربونية سمكها ذرّة واحدة).

الخيط في الإبرة

أعلن عن المسودة الأولى لسلسلة كامل الجينوم البشري من قبل مشروع الجينوم البشري في العام 2001، وتم الحصول عليها باستخدام إجراء معقد: يقطع الدنا إلى شدف من قبل أنزيمات، «تضخم» بالتضاعف، وتوسم كيميائياً بصبغات مفلورة، ثم تفصل بتقنية الرحلان الكهربائي على هلامة لقراءة تسلسلات القواعد النيوكليوتيدية. خلال مشروع الجينوم البشري، بُسِّطت هذه الطريقة وأتمتت لتسريعها، وفي السنوات القليلة الفائتة، دعمت بتقنيات جديدة بل وحتى أسرع.

لكن، ومع كل براعة هذه الطرائق، فإنها لا تزال تقدم وسيلة مرهقة وملتوية للحصول على معلومات موجودة في الجزيء كتسلسل خطي بسيط من أربعة «أحرف» (القواعد الكيميائية المرمزة A و T وG وC على كل لبنة بناء نيوكليوتيدي). كم سيكون أفضل إذا استطعنا تكبير الشريطة المفردة للدنا و«رؤية» هذه الأحرف حرفاً حرفاً.

في منتصف التسعينيات، كان الكيميائي ديفيد ديمر D. Deamer من جامعة كاليفورنيا، سانتا كروز واحداً من باحثين عدة لاحظوا أنه يمكن أن توجد طريقة لعمل هذا بالتحديد. تصور ديمر إدخال الشريط المفرد للدنا في ثقب (مسام) صغير جداً يكون بحجم الجزيء. في المحلول الملحي، تسمح الثقوب (المسام) للشوارد المنحلة بالمرور، ويمكن قياس التيار الأيوني الصغير جداً من خلال تقنية «الباتش كلامب» المطورة في نهاية السبعينيات. ولكن إذا سدت قاعدة الدنا الثقب بشكل جزئي، فإن ذلك يخفض التيار الأيوني. ولأن البنية الكيميائية لكل قاعدة دنا تختلف بشكل قليل، فإنه يمكن تمييزها من خلال أثرها المختلف في سد الثقوب: بكلمات أخرى، فإن التيار الأيوني يمكن أن يختلف اعتماداً على أيٍّ من القواعد الأربع يسد الثقب في أية لحظة. إذا سحبت شريطة الدنا بشكل ثابت من خلال ثقب في حقل كهربائي، فإن التغيرات المتدرجة في التيار الأيوني سوف تظهر تسلسلات القواعد.

في العام 1996 توحدت جهود ديمر مع دان برانتون D. Branton من جامعة هارفارد لتوضيح برهان مبدأ هذه التقنية. أظهرت جهودهما أن الشرائط القصيرة لكل من الدنا والرنا تحتوي نوعاً واحداً من النيوكليوتيدات والذي يمكن سحبه من خلال ثقب نانوي

تقنيات لقراءة سلسلة القواعد في شريطة الدنا أسرع وأكثر سهولة قد تعتمد على المقدرة لمنابلتها على مستوى الجزيء الواحد، ومن ثم ستشمل التقانة النانوية