



## OD REDAKCJI

---

### **D**rodzy Czytelnicy i Przyjaciele „Biotechnologii”!

Zapewne po raz ostatni mam przyjemność kreślenia tekstu „Od Redakcji”, co popełniłem wielokrotnie w minionych 22 latach i ponad 90 numerach naszego kwartalnika. Żegnając się z naszymi Czytelnikami chcę przede wszystkim zwrócić uwagę Państwa na codzienną pracę wielu osób, których nie widzimy, a od nich w zasadniczym stopniu zależy wartość merytoryczna naszego pisma, jak i jego forma. Tym osobom pragnę jak najserdeczniej podziękować za wiele lat współpracy. Na pierwszym miejscu muszę wymienić P. T. Recenzentów, którzy analizowali, często dwu- a nawet trzykrotnie teksty, poprawiając, szlifując i pomagając Autorom. A z drugiej strony to zespół techniczny Redakcji: p. Krystyna Ludwiczak prowadząca od początku do chwili obecnej sekretariat „Biotechnologii”, p. Jacek Grześkowiak i p. Piotr Sikorski współautorzy strony technicznej pisma oraz p. Paweł Podraza wykonujący skład komputerowy, p. Agata Makowska z Warszawskiej Drukarni Naukowej, jak i p. Elżbieta Swoboda i p. Tadeusz Majsterkiewicz z Kancelarii PAN wspomagający nas organizacyjnie i (...) finansowo, a przecież byt kształtuje świadomość.

Oczywiście moje myśli zmiernają także do Rady Programowej, której życzliwie przewodniczyli p. prof. Andrzej Paszewski, p. prof. Magdalena Fikus, ś.p. prof. Andrzej Zabża, a aktualnie p. prof. Stefan Malepszy. No i liczni członkowie Zespołu Redakcji,

bez których codziennej pracy nic nie byłoby możliwe. Wszystkim Państwu bardzo serdecznie dziękuję za trud, za pracę i za poświęcenie wielu niedzielnych i sobotnich wieczorów na pracę społeczną. Jestem głęboko przekonany, że było warto! Razem zrobiliśmy coś dobrego: 91 wartościowych numerów „Biotechnologii”. Nasz kwartalnik został oceniony w 2010 r. na 6 punktów MNiSW, 10 punktów Index Copernicus oraz jest indeksowany w kilku światowych bazach. Wierzę, że „Biotechnologia” pod nowym kierownictwem p. prof. Marka Figlerowicza wniesie nowe wartości.

Załączam jednocześnie serdeczne życzenia radosnych i pogodnych Świąt Bożego Narodzenia i Do Siego 2011 roku dla wszystkich Czytelników, a w szczególności dla nowej Redakcji.



*Janusz Turowski*

\* \* \*

Burzliwy rozwój zaawansowanej biotechnologii rozpoczął się wraz z powstaniem w latach siedemdziesiątych ubiegłego wieku inżynierii genetycznej. Dzięki niemu wprowadzono na wielką skalę w rolnictwie i ochronie zdrowia technologie wykorzystujące modyfikacje genetyczne oraz diagnostykę molekularną.

Kolejnym wielkim przełomem w biologii molekularnej skutkującym przyspieszeniem rozwoju biotechnologii był rozwój technologii wielkoskalowych (*high-throughput*), np. mikroukładowych, dostarczających dużych zbiorów informacji przydatnych dla biotechnologii. Rozwój tych technologii zaowocował powstaniem lub przyspieszeniem rozwoju nowych dyscyplin takich jak omiki, (głównie, genomika, funktomika, transkryptomika, proteomika, interaktomika), biologia systemów, inżynieria genomowa, czy biologia syntetyczna. Dwie ostatnie są najbardziej zaawansowanymi działami biotechnologii, pozwalającymi już teraz wykonywać takie zabiegi jak zmiany w konstrukcji genomów lub konstruowanie całkowicie nowych genomów (ograniczeniem jest niemożność chemicznej syntezy dowolnie długich sekwencji DNA i RNA) i sieci metabolicznych (netomy) z w pełni przewidywalnymi skutkami ich działania. Są też udane próby konstrukcji komórek syntetycznych.

Podstawą precyzyjnego projektowania jest możliwie obszerna i dokładna informacja dotycząca rozwiązywanego zagadnienia. Ponieważ w komórkach bez udziału materiału genetycznego nic się dzieć nie może, to bez odpowiedniej aranżacji genomu nie można ani modyfikować ani wprowadzać nowych sieci metabolicznych, nadających określone cechy komórkom i organizmom. **Dlatego też znajomość sekwencji i funkcjonowania genomu zapewnia podstawową wiedzę potrzebną do planowania i uruchamiania procesów.** Znajomość sekwencji genomowej wpływa w sposób zasadniczy nie tylko na rozwój wiedzy o gatunku, ale zmienia radykalnie zakres stosowania jednych metodyk, a używanie wielu innych po prostu pozbawia sensu. Widać to doskonale na przykładzie gatunków, u których najwcześniej zsekwencjonowano genomy, np. drożdże, człowiek, rzodkiewnik. Szczególnie dobrze jest to widoczne u człowieka, gdzie istniało wiele ograniczeń metodycznych, które za sprawą zsekwencjonowanego genomu zostały przełamane – przede wszystkim w analizie funkcjonalnej.

Jednak zsekwencjonowanie genomu tzw. referencyjnego (pierwszy zsekwencjonowany i złożony dla gatunku genom) jest w zasadzie dopiero początkiem efektów możliwych do uzyskania przez tzw. resekwencjonowania albo sekwencjonowania wtórne czyli sekwencjonowania genotypów użytych do określonych eksperymentów. Sekwencjonowanie, a przede wszystkim składanie *de novo* (referencyjnego) genomu organizmu wyższego stwarza jeszcze określone problemy, ale jest już możliwe do zastosowania przez pojedyncze grupy badawcze, co upraszcza całość przedsięwzięcia i eliminuje konieczność tworzenia konsorcjów dla samego tylko sekwencjonowania. Jeżeli wziąć pod uwagę, że resekwencjonowania niektórymi metodami tzw. nowej generacji – NGS (*next-generation-sequencing*) są o wiele tańsze i np.

resekwencjonowanie genomu ogórka wynosiłoby ~2 tys. USD (ale to jeszcze nie koniec obniżania kosztów i upraszczania metod sekwencjonowania i składania genomów, bo opracowanie jeszcze około 20-krotnie tańszych jest na ukończeniu), to mamy do czynienia z prawdziwą rewolucją w badaniach.

Seria artykułów zawarta w tym numerze ma przybliżyć te zagadnienia, które są związane z „**sekwencjonowaniem genomów i jego znaczeniem dla biotechnologii**”. Obejmuje zagadnienia z zakresu samych technik sekwencjonowania dużych zbiorów informacji genetycznej (genomy, pojedyncze chromosomy, transkryptomy) metodami NGS, użycia tych technik do zsekwencjonowania genomów lub ich części, w tym również w polskich laboratoriach, pokazaniu jak informacja z sekwencjonowania genomów wpływa na dobór metodyki badawczej i osiągnane wyniki.

Jesteśmy bardzo wdzięczni Redakcji za zgodę na to opracowanie, a Autorom za świetną współpracę i wysiłek jaki włożyli w przygotowanie swoich artykułów.

*Magdalena Pawełkowicz  
Zbigniew Przybecki*