



**R**ozwój technik sekwencjonowania DNA oraz możliwości analizy komputerowej uzyskiwanych sekwencji spowodowały powstanie nowej dziedziny biologii, zwanej genomiką. Tej właśnie dziedzinie poświęciliśmy aktualny zeszyt „Biotechnologii”. W artykule wstępnym zatytułowanym *Genomika – dziedzina wiedzy XXI wieku* przedstawiono krótki rys historyczny genomiki, przyczyny jej rozwoju oraz najważniejsze obszary badawcze.

W artykule pt. *Od sekwencji do funkcji – poszukiwanie genów i ich adnotacje* przedstawiono kolejne etapy komputerowej analizy pełnej sekwencji genomu poczynając od identyfikowania potencjalnych sekwencji kodujących białko po ich adnotacje funkcjonalne, uwzględniając nowe metody oparte na analizach porównawczych z innymi zsekwencjonowanymi genomami. Porusza on również problem błędnych adnotacji i sposobu ich unikania.

Pomimo rozwoju metod badawczych i dostępności wielu kompletnie zsekwencjonowanych genomów, prawie 1/3 sekwencji potencjalnie kodujących białka nie ma homologów w innych genomach ani nie przypisano im żadnych funkcji. Są to tzw. sieroce otwarte ramki odczytu (ORF-any). W artykule pt. *Zagadka sierocych otwartych ramek odczytu (ORF-anów)* podano hipotezy tłumaczące pochodzenie tych dziwnych sekwencji.

W artykule pt. *Od sekwencji do antybiotyku* przedstawiono znaczenie funkcjonalnej adnotacji białek enzymatycznych w projektowaniu i uzyskiwaniu nowych antybiotyków. Omówiono w nim zastosowanie informacji pochodzących z zsekwencjonowanych genomów w tworzeniu nowych kompleksów enzymatycznych syntetyzujących antybiotyki i inne wtórne metabolity. W pracy tej poruszono zagadnienie projektowania nowych związków biologicznie czynnych na poziomie manipulowania informacją zawartą w DNA.

Dostępność całkowicie zsekwencjonowanych chromosomów bakteryjnych umożliwia określenie ich struktury i ogólnej organizacji. W wyniku przeprowadzonych analiz składu nukleotydowego zsekwencjonowanych bakteryjnych chromosomów wykazano, że nici DNA: prowadząca i opóźniająca, różnią się składem – są asymetryczne pod względem występowania określonych nukleotydów. W pracy pt. *Wpływ replikacji na organizację i ewolucję genomów bakterii* opisano najnowsze poglądy na temat przyczyn i konsekwencji takiej asymetrii chromosomów. Za polaryzację chromosomów odpowiada wiele zjawisk związanych z replikacją, szczególnie presja mutacyjna, mechanizmy naprawcze i rekombinacje, a także presja selekcyjna. Ma to wpływ na swoistą dystrybucję genów na chromosomie, ich ewolucję oraz rearanżacje.

Do niedawna, wyznaczenie prawdopodobnego miejsca inicjacji replikacji bez przeprowadzania badań *in vivo* lub *in vitro* nie było możliwe. W pracy pt. *Wyznaczenie miejsca inicjacji replikacji na podstawie sekwencji chromosomu bakteryjnego* przedstawiono metody analizy komputerowej (badanie asymetrii DNA, poszukiwanie sekwencji potencjalnie zaangażowanych w inicjację replikacji), dzięki którym jest możliwe wyznaczanie regionów inicjacji replikacji DNA.

W artykule pt. *Nowe spojrzenie na filogenezę z punktu widzenia genomiki* przedstawiono w jaki sposób, wykorzystując poznane sekwencje genomów, można analizować zależności filogenetyczne między organizmami. Omówiono również najnowsze poglądy dotyczące drzewa filogenetycznego prokariotów.

Mamy nadzieję, że zeszyt „Biotechnologii” poświęcony głównie genomice – stosunkowo nowej dziedzinie biologii – zyska szerokie grono Czytelników, którym życzymy przyjemnej lektury.

Jolanta Zakrzewska-Czerwińska

Z przyjemnością informujemy naszych Czytelników, że „Biotechnologia” została ujęta na Journal Master List Institute of Scientific Information, czyli na „liście filadelfijskiej” ([www.isinet.com](http://www.isinet.com))



Toussaint Taverne