



Jednym z najistotniejszych osiągnięć biologii w drugiej połowie XX w. było poznanie podstaw molekularnych procesu ekspresji informacji genetycznej. Powstał wówczas, precyzyjny – i jak sądziliśmy – całościowy schemat opisujący funkcjonowanie organizmów żywych, w którym akcentowano szczególną rolę DNA jako nośnika informacji genetycznej oraz białek będących zarówno produktami końcowymi, jak i regulatorami procesu ekspresji genów. Istotną cechą stworzonego modelu była jego uniwersalność. Wierzono, że istnieje prosta zależność pomiędzy stopniem złożoności danego organizmu a liczbą genów obecnych w genomie jądrowym. Ze zdziwieniem przyjęto zatem wiadomość, że w genomie *Homo sapiens* obecnych jest nie ponad 100 tysięcy genów, jak tego wcześniej oczekiwano, lecz zaledwie około 25 tysięcy, a zatem tyle samo co w niewielkim genomie modelowej rośliny *Arabidopsis thaliana*. Co więcej, w dalszych analizach dowiedziono, że zarówno u ssaków, jak i u roślin, rejony kodujące białka stanowią jedynie niewielką część genomu, zwykle zaledwie kilka procent. W prowadzonych równoległe badaniach zjawiska zwanego alternatywnym splicingiem pokazano, że nieprawdziwa była także zasada, w myśl której z jednego pre-mRNA powstaje zawsze taki sam mRNA, a następnie takie samo białko. Okazało się, że zakodowana w genach informacja może być odczytywana na wiele różnych sposobów. Ostatecznym argumentem, który zmusił nas do zmiany poglądów na temat mechanizmów regulujących podstawowe procesy komórkowe było odkrycie małych regulatorowych RNA (srRNA, ang. *small regulatory RNA*); nie tylko białka, lecz także cząsteczki RNA decydują o czasie, miejscu oraz kolejności włączania i wyłączania poszczególnych genów. Ponadto dowiedzieliśmy się, że u poszcze-

gólnych organizmów udział srRNA w regulacji przepływu informacji genetycznej może być różny, a zatem schemat opisujący funkcjonowanie genomu nie jest tak uniwersalny, jak początkowo sądziliśmy.

Przedstawione fakty zmuszają nas do głębokiej rewizji dotychczasowych poglądów na temat funkcjonowania genomów eukariotycznych. W rezultacie, jednym z najpoważniejszych wyzwań stojących obecnie przed naukowcami, stało się stworzenie nowego modelu opisującego proces ekspresji informacji genetycznej. W tym też celu opracowano szereg nowych metod umożliwiających prowadzenie kompleksowych badań nie pojedynczych genów, czy cząsteczek, lecz całych genomów, jak również wszystkich transkryptów, białek lub metabolitów obecnych w danej komórce lub tkance. Ich coraz powszechniejsze stosowanie zaowocowało w krótkim czasie powstaniem nowych dziedzin w obrębie nauk biologicznych takich jak: genomika, transkryptomika, proteomika i metabolomika. Zrewolucjonizowały one warsztat badawczy stosowany dotąd w biologii molekularnej stając się niezwykle bogatym źródłem informacji. Prawdopodobnie po raz pierwszy w długiej historii nauk przyrodniczych znaleźliśmy się w sytuacji, w której problemem nie jest już pozyskiwanie nowych danych, lecz ich analiza i interpretacja.

Przedstawione pokrótce wydarzenia legły u podstaw obserwowanego w ostatnich latach niezwyklej rozkwitu bioinformatyki oraz bezpośrednio przyczyniły się do powstania kolejnych nowych dziedzin takich jak biologia systemów lub biologia syntetyczna. Dodatkowo zadecydowały one o kierunkach rozwoju wielu nauk stosowanych np. biotechnologii, medycyny, farmacji. Biorąc pod uwagę te fakty w kilku kolejnych numerach „Biotechnologii” poświęcimy więcej uwagi nowoczesnym technologiom stosowanym w badaniach genomów, transkryptomów, proteomów lub metabolomów. Wcześniej problemom genomiki poświęcony był nr 3(70) 2005. Obecnie blok tematyczny z tej serii poświęcony został mikromacierzom DNA. Staramy się w nim przedstawić zarówno podstawowe zasady ich konstruowania i funkcjonowania, jak i przykłady ich praktycznego wykorzystania. Mamy nadzieję, że zagadnienia te spotkają się z zainteresowaniem Czytelników i skłonią ich do sięgnięcia po kolejne numery „Biotechnologii” tym bardziej.

W 2008 r. wiele wydarzyło się w polskiej biotechnologii w aspekcie społecznym i prawnym. Ministerstwo Środowiska przedstawiło projekt nowej legislacji „Prawo o GMO” do konsultacji społecznej (1 sierpnia 2008 r.). Dlatego właśnie teraz pod koniec 2008 r. prezentujemy naszym Czytelnikom stanowisko środowisk biotechnologicznych w kontekście badań opinii publicznej naszego kraju. Zasadniczym czynnikiem kształtującym proponowaną przez resort legislację jest opinia publiczna. Materiał ten został opracowany w formie kolejnej monografii (Monografia #4) zawartej w tym numerze „Biotechnologii”.

*Marek Figlerowicz, Maciej Stobiecki*