

Metody -omiczne, w badaniach wirusów

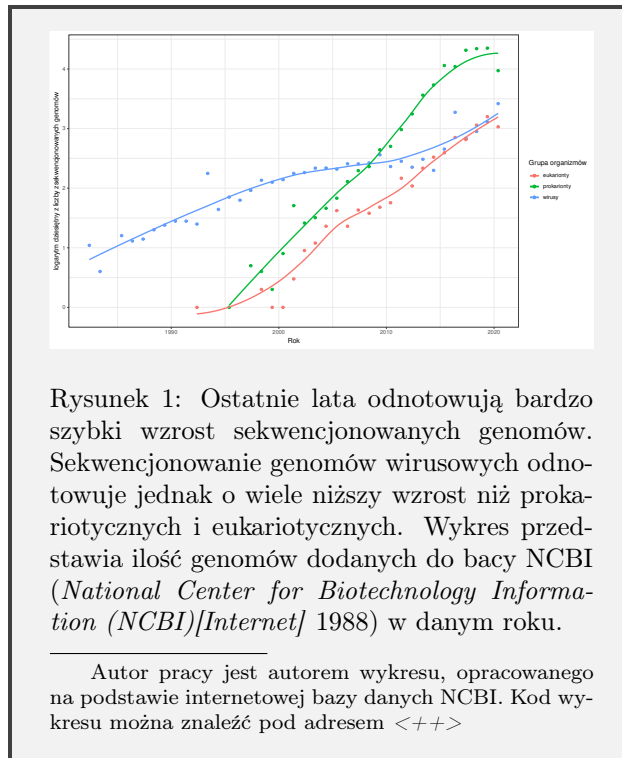
Jakub J. Guzek

1 WSTĘP

Biologia molekularna jest jedną z najszybciej rozwijających się dziedzin wśród nauk biologicznych. Jej metody umożliwiają w dniu dzisiejszym sekwencjonowanie całych genomów – co kiedyś było niemożliwe, lub pochłaniało ogromne zasoby zarówno pieniężne jak i czasowe – w stosunkowo niedługim czasie. W rozwoju tych metod pomogły badania prowadzone na bardzo wielu, różnych organizmach i wirusach. Największy postęp przyniosły ogromne projekty takie jak **Projekt Poznania Genomu Człowieka** (*Human Genome Project*) (International Human Genome Sequencing Consortium 2001), poznanie genomu neandertalczyka (Prüfer, Racimo i Patterson 2014), czy projekt poznania genomu jęczmienia (International Barley Genome Sequencing Consortium 2012).

Jak wspomniano wyżej, dzisiejsze metody umożliwiają sekwencjonowanie całych genomów w stosunkowo niedługim czasie, a wraz z opracowywaniem metod sekwencjonowania trzeciej i czwartej generacji możliwe będzie sekwencjonowanie ich w czasie rzeczywistym (Brown 2019). Prócz tego mikromacierze, hybrydyzacja i chromatografia powinowactwa umożliwiają badanie transkryptów genów i tworzenie transkryptomów (zbiorów wszystkich cząsteczek RNA w komórce) oraz zestawu białek komórkowych zwanego proteomem. Daje to możliwości badania komórki i interakcji molekularnych jakie są w niej obecne i umożliwia rozwój takim dziedzinom jak biologia systemów i interaktomika. Temu wszystkiemu towarzyszy oczywiście doskonalenia narzędzi informatycznych używanych do badań z zakresu *-omics*, którym zajmuje się bioinformatyka.

Które z tych metod są wykorzystywane w badaniu wirusów? Wiele z nich zostało opracowanych przy pracy na wirusach, zwłaszcza w początkowych dniach biologii molekularnej, gdy sekwencjonowanie genomów było przedsięwzięciem wielokrotnie trudniejszym niż dzisiaj, gdyż genomy wirusowe są niedużych rozmiarów, były więc atrakcyjnym materiałem badawczym. Wraz z postępem w tej dziedzinie wzrosła jednak ilość sekwencjonowanych genomów prokariotycznych i eukariotycznych (Rysunek 1). Na dzień dzisiejszy w bazie danych NCBI jest ponad 30 tys. rekordów dla genomów wirusowych i ponad 200 tys. dla genomów prokariotycznych.



BIBLIOGRAFIA

- Brown, Terence A. (2019). *Genomes 4*. Garland Scienc, Taylor & Francis Group LLC.
- International Barley Genome Sequencing Consortium (2012). "A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome". W: *Nature* 491, s. 711–716.
- International Human Genome Sequencing Consortium (2001). "Initial sequencing and analysis of the human genome". W: *Nature* 409, s. 860–921.
- National Center for Biotechnology Information (NCBI)*[Internet] (1988). National Library of Medicine (US). URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>.
- Prüfer, K, F Racimo i N Patterson (2014). "The complete genome sequence of a Neanderthal from Altai Mountains". W: *Nature* 505, s. 43–49.