



Sekwencjonowanie genomów – metoda powszechnie stosowana w wielu badaniach?

Poznanie genomu danego gatunku zawsze dostarczało informacji ważnych z punktu widzenia biologicznego, natomiast poznanie genomu polegające na odczytaniu kompletnej sekwencji nukleotydowej dostarcza ogromu nowych informacji i otwiera szerokie możliwości dla badań i aplikacji. Do niedawna było to przedsięwzięcie wielce skomplikowane technicznie i logistycznie czego symbolem jest sekwencjonowanie genomu człowieka zrealizowane przez wielkie konsorcjum międzynarodowe z budżetem ~3 mld USD w ciągu kilkunastu lat.

W sekwencjonowaniu genomów nastąpił ogromny postęp. Prawdziwa lawina ruszyła jesienią ubiegłego roku (2008), kiedy to system pyrosekwencjonowania FLX 454 firmy Roche, został zmodyfikowany na 454 Titanium, który stanowi najbardziej zaawansowaną metodę określaną jako *next generation sequencing*. Doprowadził on średnią długość odczytu do ~400 bp i umożliwia składanie genomu eukariotycznego *de novo* do stanu szkieletowego bez konieczności tworzenia wielkich międzynarodowych konsorcjów z olbrzymimi budżetami. Grupa prof. Zbigniewa Przybeckiego ze Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie jest jednym z beneficjentów tego skoku technologicznego, i jako druga (w grudniu 2008 r.) użyła systemu 454 Titanium do zsekwencjonowania *de novo* całego genomu ogórka. Sekwencjonowanie i resekwencjonowanie genomów, jak się wydaje, stanie się dość powszednim podejściem badawczym już w niedalekiej przyszłości (2-5 lat).

Polskie Konsorcjum Sekwencjonowania Genomu Jądrowego Ogórka jest jedną z dwóch (obok zespołu z Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN w Warszawie biorącego udział w Międzynarodowym Konsorcjum Sekwencjonowania Genomu Ziemiaka) aktywności badawczych w Polsce związanych z sekwencjonowaniem genomów eukariotycznych. Konsorcjum stawia sobie jeden cel główny, którym jest zdobycie nowej wiedzy wynikającej z poznania sekwencji genomu jądrowego ogórka oraz wykorzystanie tych informacji do proponowania nowych rozwiązań praktycznych o charakterze innowacyjnym przede wszystkim u tej rośliny uprawnej. Konsorcjum jest dobrowolnym zrzeszeniem osób naukowców i przedsiębiorców reprezentujących różne instytucje i chcących ze sobą współpracować w eksploracji genomu ogórka. Zakłada się także, że działania nad skompletowaniem genomu ogórka pozwolą zarazem na nabycie nowych umiejętności przydatnych w poznawaniu genomów innych gatunków. Członkami Polskiego Konsorcjum są przede wszystkim pracownicy Katedry Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin oraz osoby ściśle współpracujące z Katedrą w zakresie genetyki i biotechnologii: dr hab. Grzegorz Bartoszewski, dr hab. Marcin Filipecki, dr Yoshikazu Hoshi, prof. Stanisław Karpiński, dr inż. Wiesław Legutko, prof. dr hab. Stefan Malepszy, prof. dr hab. Katarzyna Szczytt-Niemirówicz, dr hab. Wojciech Płader, prof. dr hab. Zbigniew Przybecki, dr inż. Magdalena Pawełkiewicz, dr inż. Anna Seroczyńska, dr inż. Ewa Siedlecka, dr Norikazu Tagashira, dr Justyna Witkiewicz, mgr inż. Rafał Wójcicki, prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz. Przewodniczącym Konsorcjum jest dr hab. Grzegorz Bartoszewski.

Zsekwencjonowano genom wysoce wsobnej (> 20 pokoleń wsobnych) linii ogórka Borszczagowski B10, pochodzącej z odmiany polskiej i zdeponowano go w bazie NCBI pod numerem **ACYN00000000**. Obecnie część genomu o wielkości 321 Mbp (cały genom ma 367 Mbp) jest złożonych w skafoldy, z czego 192 Mbp zostało umieszczonych na chromosomach w 7 metakontigów (na tylu chromosomach rozmieszczony jest genom ogórka). Wykonana została również adnotacja strukturalna.

Myślę, że przytoczone informacje, siłą rzeczy bardzo hasłowe, są na tyle istotne, żeby problematyce sekwencjonowania genomów poświęcić jeden z zeszytów „Biotechnologii”, który będzie opatrzony numerem 4 w 2010 r.

Stefan Malepszy