

Bakteriofagi to wirusy zakałające komórki bakteryjne i rozwijające się w ich wnętrzu. Od odkrycia tych wirusów mija już nie 100 lat, gdy Frederick Twort opublikował pierwszą na świecie pracę, w której opisał czynniki zabijające komórki bakteryjne. Choć nie nazywał ich wtedy bakteriofagami, później okazało się, że były to specyficzne wirusy namnałające się w bakteriach. Przez następną stulecie odegrały one ogromną rolę w rozwoju biologii i biotechnologii. Aby uświadomić sobie ich znaczenie w poznaniu podstaw procesów biologicznych wystarczy wspomnieć, że badaniom nad bakteriofagami zawdzięczamy chociażby takie odkrycia jak udowodnienie, iż DNA jest materiałem genetycznym, że kod genetyczny ma charakter trójkowy, czy że ekspresja genów (czyli odczytanie informacji z DNA i powstanie odpowiedniego białka) odbywa się za pośrednictwem RNA. Bakteriofagi odegrały też kluczową rolę w rozwoju inżynierii genetycznej i biotechnologii, o czym świadczy chociażby fakt, że pierwsze klonowania genów były dokonywane właśnie w DNA bakteriofagów, a stosowane obecnie szeroko narodziła biotechnologiczne zawierają geny lub inne fragmenty DNA bakteriofagów. Należą do nich dwa przełomowe w biotechnologii odkrycia: enzymów restrykcyjnych (umożliwiających klonowanie DNA) i systemu CRISPR (dzięki któremu możliwe są manipulacje genetyczne w wielu rodzajach komórek eukariotycznych), związane z mechanizmami oddziaływania pomiędzy bakteriofagami a ich naturalnymi gospodarzami. Z drugiej strony, do niedawna nie przywiązywano większej wagi do roli bakteriofagów w środowisku naturalnym ani do bioróżnorodności tych wirusów. W rzeczywistości, w badaniach z zakresu biologii molekularnej oraz biotechnologii skupiano się na zaledwie bardzo niewielkiej liczbie bakteriofagów, co miało swoje uzasadnienie z racji wyboru organizmów modelowych, ale z drugiej strony nie odzwierciedlało bogactwa różnorodności bakteriofagów. Różnorodność ta wydaje się ogromna, choćby dlatego, że bakteriofagi są najliczniejszymi formami biologicznymi występującymi na Ziemi - ich liczbę szacuje się na około 10³¹, czyli dziesięć ciokrotnie większą niż liczba komórek bakteryjnych. Ogromna większość aktualnie prowadzonych prac badawczych dotyczących bakteriofagów skupia się na analizach ich materiału genetycznego przeprowadzanych przy pomocy metod komputerowych. Dają one co prawda wiele interesujących informacji o genetycznej różnorodności bakteriofagów, ale jednocześnie nie wskazują na ogromną liczbę genów wirusowych, których funkcji nie jesteśmy w stanie określić, gdyż nie możemy na dosyć ich podobieństwa do wcześniej znanych genów. W tym świetle wydaje się, że wyjątkowo duże znaczenie mogą mieć badania nowo wyizolowanych bakteriofagów w aspekcie procesów regulacji ich rozwoju, w szczególności ich powielania materiału genetycznego i aktywności genów. Zgodnie z najnowszymi poglądami uważa się, że badania w tym zakresie mogą przynieść odkrycia stanowiące kolejne kamienie milowe w biotechnologii. W związku z tym, w tym projekcie planowane są badania nowo wyizolowanych (w ramach wcześniej wykonanych prac wstępnych) i nieznanych wcześniej bakteriofagów, które powinny doprowadzić do realizacji następujących celów:

- (1) Zbadania mechanizmów regulacji replikacji DNA wybranych bakteriofagów.
- (2) Zanalizowania możliwości modulacji rozwoju wybranych bakteriofagów w różnych warunkach środowiskowych oraz mechanizmów zapewniających optymalny rozwój tych wirusów pod wpływem działania różnych czynników.
- (3) Określenia mechanizmów regulacji ekspresji genów wybranych bakteriofagów.

Znaczenie planowanych badań dla nauki i dla rozwoju cywilizacyjnego polega na możliwości odkrycia nieznanych dotychczas mechanizmów regulacyjnych, w szczególności w zakresie kontroli replikacji DNA i ekspresji genów, dzięki którym możliwe będzie dokładniejsze zrozumienie różnorodności biologicznych procesów zachodzących w komórkach. To z kolei może stanowić podwaliny pod nowe zastosowania tych mechanizmów oraz elementów regulatorowych (np. systemów replikacji DNA, promotorów genów, białek regulatorowych) w biotechnologii.