

Bakteriofagi – wirusy infekujące komórki bakterii, stanowią najliczniejszą grupę biologicznych cząstek na świecie - szacunkowo 10^{32} . W zbiorowiskach naturalnych odgrywają ważną rolę, choć jeszcze nie w pełni poznano ich funkcje. Liczne procesy ekologiczne związane z bakteriofagami pozostają wciąż nieznane na poziomie molekularnym, czy te wzajemnych relacji układu gospodarz-bakteriofag.

Okazuje się, że w przebiegu infekcji wirusów zwierzęcych, roślinnych i bakteryjnych, zaburza metabolizm zainfekowanej komórki, w efekcie czego zakażone komórki przekształcone zostają w „małe fabryki” produkujące potomne cząstki wirusowe. Z drugiej strony, komórki wytwarzają rozbudowane mechanizmy obronne, chroniące je przed niszczeniem wpływem wywieranym przez wirusy. Mówić o nich bardziej obrazowo: miodzą komórkami, a cząstkami wirusowymi trawą cięłą „ewolucyjny wyścig zbroje”.

Prezentowany projekt jest pierwszym próbą, według naszej wiedzy, analizy zmian wywołanej infekcją bakteriofagową u bakterii Gram-dodatnich na poziomie proteomu - analizy dotyczącej pełnego zestawu białek zakażonej komórki i transkryptomu - opisujących zmiany na poziomie RNA. W projekcie staramy się uzyskać odpowiedź na pytania: czy odpowiedź bakterii na stres infekcji bakteriofagiem jest swoista dla danego gatunku bakterii czy ten mechanizm związany jest bardziej z typem bakteriofaga infekującego komórki?

Próbujemy także zrozumieć w jaki sposób dwa niespokrewnione ze sobą bakteriofagi przejmują kontrolę nad maszyną ekspresyjną i biochemiczną *Bacillus pumilus*.

Rezultaty niniejszego projektu pogłębią naszą wiedzę na temat mechanizmów odpowiedzi komórki bakteryjnej na infekcję bakteriofagów, a to z kolei w perspektywie długoterminowej może przyczynić się do rozwoju zarówno biologii i biologii molekularnej komórki bakteryjnej, bakteriofagów, jak i opracowania narzędzi biologii molekularnej.