

POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU (w języku polskim)

Glukoza jest najbardziej rozpowszechnionym cukrem na Ziemi a jej metabolizm jest dość dobrze zbadany i poznany. Jednakże pewne aspekty katabolizmu glukozy u eukariotów, w tym u drożdży, pozostają wciąż nie wyjaśnione. Natomiast regulacja metabolizmu ksylozy, drugiego co do zawartości ilościowej, cukru w przyrodzie, znajduje się na początkowym etapie badań. Bardzo nikła jest wiedza o roli aktywatorów i represorów transkrypcji w regulacji katabolizmu glukozy i ksylozy u drożdży. Dzięki wcześniejszym badaniom została wykryta rola czynników transkrypcji Gcr1, Gcr2, Mig1, Mig2, Znf1, Asg1, Ace2, Swi5 w regulacji katabolizmu glukozy oraz aktywatora transkrypcji Cat8 – w regulacji katabolizmu ksylozy u drożdży. Mechanizmy działania większości wymienionych białek w regulacji metabolizmu cukrów nie są znane. W niniejszym projekcie planujemy uzyskać delecje oraz nadekspresje genów kodujących kilka domniemanych czynników transkrypcji u niekonwencjonalnych termotolerancyjnych drożdży *Ogataea (Hansenula) polymorpha* oraz zbadać wpływ tych genetycznych zmian na metabolizm oraz fermentację glukozy i ksylozy. Zostanie także oznaczona ekspresja strukturalnych genów katabolizmu glukozy i ksylozy u skonstruowanych szczepów. Planowane jest przeanalizowanie wiązania czynników transkrypcji z promotorami docelowych genów. W projekcie zostaną wykorzystane nowoczesne metody molekularnej genetyki, biochemii oraz chemii analitycznej. Nadrzędnym celem projektu jest zrozumienie mechanizmów regulacji metabolizmu oraz fermentacji glukozy i ksylozy u drożdży, co w perspektywie może być wykorzystane do kierowania tymi procesami.