

POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU

Bakterie zasiedlają niemal wszystkie środowiska naszej planety, także te, które są nieprzyjazne dla innych organizmów, m.in. ze względu na niską dostępność związków odżywczych, wysoki poziom zanieczyszczeń czy ekstremalne warunki fizykochemiczne. Doskonale adaptują się także do życia w innych organizmach, co niekiedy bywa korzystne dla gospodarza (w przypadku bakterii symbiotycznych), jednak znacznie częściej pociąga za sobą stany chorobowe, niekiedy ze skutkiem śmiertelnym (w przypadku bakterii patogennych). Tak duże zdolności adaptacyjne wynikają często z wprowadzania do komórek bakteryjnych różnorodnej informacji genetycznej, pochodzącej od innych mikroorganizmów, w wyniku zjawiska, określanego jako horyzontalny transfer genów (HGT, ang. *horizontal gene transfer*). Powszechnie wiadomo, że HGT jest siłą napędową ewolucji prokariotów. Kompensuje on im brak możliwości rozmnażania płciowego, które warunkuje zmienność genetyczną u organizmów wyższych. W wyniku HGT, teoretycznie dowolny segment genomu bakterii może zostać przeniesiony do innych, niespokrewnionych mikroorganizmów. Wprowadzana w ten sposób informacja genetyczna może zapewnić bakteriom natychmiastowe pojawienie się nowych cech, m.in. umożliwiających zajmowanie nowych środowisk. Kluczową rolę w obiegu mobilnego DNA odgrywają plazmidy, samopowielające się koliste cząsteczki DNA, które mogą być przekazywane między komórkami różnych gatunków bakterii.

O tym, że HGT istnieje, wiadano już od dawna, lecz dopiero dzięki poznaniu kompletnej informacji genetycznej (zwanej genomem) wielu bakterii oraz przeprowadzeniu analiz porównawczym genomów pokrewnych szczepów, zdano sobie sprawę z ogromnego zakresu tego zjawiska. Identyfikacja i analiza puli mobilnego DNA uczestniczącego w HGT jest ważnym zadaniem badawczym, dostarczającym cennych informacji na temat zmienności i ewolucji genomów bakteryjnych. W wyniku tego typu badań uzyskujemy również wartościowe dane o kierunkach przepływu informacji genetycznej między różnymi grupami mikroorganizmów, a także o roli obcego DNA w determinowaniu cech i właściwości nowych gospodarzy.

Bardziej kompleksowe analizy genomyczne umożliwiają zdefiniowanie pangenomów poszczególnych gatunków bakterii (tj. ogółu genów występujących we wszystkich szczepach danego gatunku) oraz pogrupowanie tej informacji genetycznej, z wyróżnieniem konserwowanego rdzenia genomu (geny występujące we wszystkich szczepach danego gatunku) oraz puli genów specyficznych jedynie dla pojedynczych szczepów, które zostały wprowadzone w wyniku licznych zdarzeń HGT. Inna ścieżka badań obejmuje identyfikację ogółu plazmidów występujących w danej grupie bakterii (tj. plazmidomu) oraz zdefiniowanie przenoszonej przez nie puli mobilnego DNA. Przedstawiony projekt łączy ww. obydwie nurty badawcze, zakłada bowiem scharakteryzowanie zarówno plazmidomu, jak i pangenomu grupy pokrewnych mikroorganizmów. Wybrany przez nas modelem badawczym są bakterie z rodzaju *Listeria*, które występują powszechnie w środowisku naturalnym (w glebie, wodzie, roślinach, ściekach), a także w przewodach pokarmowych wielu ssaków. Niektóre z nich są chorobotwórcze dla ludzi i zwierząt.

Wiedza na temat plazmidów tych bakterii jest bardzo fragmentaryczna. W ramach projektu zamierzamy poznać i scharakteryzować kompletną informację genetyczną bogatej puli plazmidów występujących w zgromadzonej przez nas kolekcjach bakterii, wyizolowanych z różnych środowisk i z różnych regionów geograficznych. Stworzona zostanie baza obejmująca wszystkie geny plazmidów tych bakterii, która posłuży do przeprowadzenia analiz porównawczych z pangenomem *Listeria* spp. oraz plazmidomami innych grup taksonomicznych bakterii. Analizy te przyniosą wiele wartościowych danych o kierunkach przepływu informacji genetycznej w analizowanej grupie bakterii, zakresie wprowadzania chromosomowego DNA do obiegu HGT, a także o roli plazmidów i zawartej w nich informacji genetycznej w generowaniu zmienności i w adaptacji ich gospodarzy do zajmowanych nisz i środowisk. Planujemy również rozszerzenie badań o inne niż plazmidy typy ruchomych elementów genetycznych, transpozony, dzięki czemu uzyskamy bardziej kompletny obraz mobilomu *Listeria*.