

Arktyka jest uznawana za najzimniejsze i najbardziej ekstremalne środowisko na Ziemi. Około 58% archipelagu Svalbard permanentnie pokrywa śnieg i/lub lód, a dodatkowo region ten jest narażony na silne wiatry, niską wilgotność i przedłużające się okresy nasłonecznienia lub ciemności. Średnia roczna temperatura na Spitspergenie wynosi $-4,4^{\circ}\text{C}$, jednak ze względu na porywiste wiatry, przekraczające często 30 m/s temperatura odczuwalna jest znacznie niższa. Roczna amplituda temperatur to $49,4^{\circ}\text{C}$, przy minimalnej temperaturze $-35,9^{\circ}\text{C}$, i maksymalnej $13,5^{\circ}\text{C}$.

W regionach arktycznych dominującą formą życia są zimnolubne bakterie. Biologiczne podstawy ich psychrotolerancji są badane od wielu lat, co wynika z potencjalnego znaczenia biotechnologicznego tej grupy mikroorganizmów, a przede wszystkim produkowanych przez nie enzymów, które utrzymują aktywność katalityczną w niskich temperaturach. Polarne mikrobiocenozy bakteryjne, jako że pochodzą z regionów o minimalnej antropopresji, są również doskonałym obiektem badań z zakresu ewolucji i ekologii mikroorganizmów. Badając je można charakteryzować naturalnie zachodzące procesy biologiczne i ich wpływ na środowisko abiotyczne.

W projekcie przeprowadzone zostaną kompleksowe analizy metagenomiczne, genomiczne, metatranskryptomiczne oraz funkcjonalne w celu zbadania metabolizmu metali ciężkich oraz antybiotyków w arktycznych mikrobiocenozach bakteryjnych. Głównym celem tych analiz będzie określenie znaczenia oraz ekologicznej roli, jak również właściwości adaptacyjnych bakterii zasiedlających to ekstremalne środowisko w świetle metabolizmu metali ciężkich i antybiotyków. Szczegółowe cele projektu to:

- określenie potencjału adaptacyjnego bakterii arktycznych w świetle wykorzystania modelowania metabolicznego *in silico* dla opisu mikrobiocenoz;
- wgląd w potencjał metaboliczny zimnolubnych bakterii oraz zdefiniowanie (poprzez analizę metatranskryptomiczną) puli genów aktywnych transkrypcyjnie;
- identyfikacja genów kodujących białka pośrednio i bezpośrednio zaangażowane w procesy biogeochemiczne zachodzące w Arktyce – badanie wpływu mikrobiomu na środowisko abiotyczne i potencjału bakterii w procesach samooczyszczania się środowiska;
- identyfikacja nowych szczepów i genów o znaczeniu biotechnologicznym, w tym producentów sideroforów i czynników antibakteryjnych (antybiotyków) oraz szczepów i konsorcjów bakteryjnych użytecznych w bioremediacji;
- zdefiniowanie rezystomu i charakterystyka nieopisanych wcześniej mechanizmów oporności;
- analiza rozpowszechnienia genów związanych z metabolizmem antybiotyków oraz metali ciężkich w środowisku o ograniczonej antropopresji;
- analiza zjawisk współselekcji, współporności/współlokalizacji i oporności krzyżowej w ekstremalnym środowisku, które w niewielkim stopniu zostało zmienione przez człowieka;
- identyfikacja i analiza nieopisanych wcześniej ruchomych elementów genetycznych bakterii zimnolubnych i określenie ich udziału rozprzestrzenianiu się genów związanych z metabolizmem i opornością na metale ciężkie i antybiotyki;
- stworzenie i upublicznienie nowych baz danych do badań metagenomicznych, w tym baz genów związanych z metabolizmem i opornością na metale ciężkie i antybiotyki, bazy ruchomych elementów genetycznych bakterii zimnolubnych oraz bazy sekwencji markerowych ruchomych elementów genetycznych;
- opracowanie nowych starterów specyficznych dla genów związanych z metabolizmem i opornością na metale ciężkie i antybiotyki, które mogą zostać wykorzystane w badaniach środowiskowych.

Według nas, największą zaletą prezentowanego projektu jest to, że łączy on wyniki różnych analiz „omicznych”, chemicznych, funkcjonalnych i bioinformatycznych z zagadnieniami z zakresu ekologii arktycznych mikroorganizmów ekstremofilnych. Może to rzucić nowe światło na molekularne mechanizmy leżące u podstaw oporności bakterii na związki toksyczne oraz metabolizmu metali ciężkich i antybiotyków.