

Mechanizmy ekspresji genów u fagów z grupy Bastille: klucz do ich potencjalnych zastosowań

Bakteriofagi (wirusy infekujące bakterie) są od lat badane jako potencjalna alternatywa dla antybiotyków. Obiektem naszych zainteresowań są fagi z nowo odkrytej grupy Bastille. Wirusy te infekują laseczki Gram dodatnie w tym bakterię powodującą zatrucia pokarmowe (*Bacillus cereus*) i laseczkę wąglika (*Bacillus anthracis*).

Celem naszego projektu jest zrozumienie jak funkcjonują geny fagów z grupy Bastille i jakie mechanizmy koordynują ich działanie. Krok po kroku prześledzimy, które geny aktywowane są na początku infekcji, które później, gdy wirus jest już „zadomowiony” w komórce bakterii, a które zaraz przed śmiercią gospodarza. Naszym głównym celem jest zrozumienie skąd wirus „wie” kiedy włączyć (lub wyłączyć) odpowiednie geny i jak przetwarza informację genetyczną, aby uzyskać właściwe białka.

Podejrzewamy, że najważniejsze mechanizmy kontrolujące przebieg infekcji mogą być związane z wytwarzaniem i przetwarzaniem cząsteczek RNA (kwasu rybonukleinowego). Spodziewamy się, że badając fagi z grupy Bastille znajdziemy nieznanne regulatorowe RNA, a także nietypowe introny (fragmenty, które muszą zostać wycięte, aby powstała funkcjonalna cząsteczka RNA).

Podsumowując, jeśli zrozumiemy, jak działają geny badanych bakteriofagów łatwiej będzie je wykorzystać w terapii zakażeń bakteryjnych. Pogłębi się także nasze zrozumienie różnorodności, budowy i funkcji genów wirusowych i bakteryjnych.