

## Streszczenie popularnonaukowe

Wysokie stężenie związków takich jak sole, cukry lub inne małowcząsteczkowe, rozpuszczalne w wodzie związki chemiczne powoduje wzrost ciśnienia osmotycznego środowiska. Jest to okoliczność bardzo ograniczająca rozwój wielu mikroorganizmów, ponieważ w środowisku hipertonicznym dochodzi do niekontrolowanego wypływu wody przez błony komórkowe. Istnieją jednak organizmy, które potrafią efektywnie adaptować się do tych warunków, czego przykładem są niezwykle ważne dla człowieka drożdże *S. cerevisiae*. Potrafią one rozwijać się i przeprowadzać fermentację w środowisku o znacznym stężeniu cukrów. Jest to możliwe dzięki wyspecjalizowanemu mechanizmowi odpowiedzi na stres osmotyczny, określanemu jako szlak HOG (ang. high osmolarity glicerol). Najważniejszym rezultatem uruchomienia tego szlaku jest produkcja i akumulacja wewnątrz komórek glicerolu, którego obecność balansuje ciśnienie osmotyczne po obu stronach błony komórkowej. Produkcja glicerolu nie jest jednak rozwiązaniem uniwersalnym. Drożdże niekonwencjonalne *Yarrowia lipolytica* w odpowiedzi na stres osmotyczny syntezują erytrytol, a co ciekawsze jako substrat do produkcji wykorzystują glicerol. Mimo, że szlak syntezy erytrytolu w drożdżach został już dość szczegółowo opisany, to wiedza na temat jego regulacji pozostaje bardzo niewielka. Poznanie mechanizmu odpowiadającego za indukcję produkcji erytrytolu jest istotne, ponieważ związek ten jest również syntezowany przez dużo większą grupę mikroorganizmów o znacznym potencjale aplikacyjnym. Charakterystyka szlaku odpowiedzi na szok osmotyczny u *Y. lipolytica* może stać się dobrym modelem również dla innych drożdży niekonwencjonalnych.

Celem projektu jest zidentyfikowanie najważniejszych białek uczestniczących w regulacji metabolizmu glicerolu do erytrytolu, jako następstwa wystąpienia stresu osmotycznego u *Y. lipolytica*, poprzez określenie podobieństw i różnic w stosunku do szlaku HOG występującego u *S. cerevisiae*. Podstawą wykonywania badań będą manipulacje genetyczne wykonane z wykorzystaniem metod biologii molekularnej, w celu określenia istotności poszczególnych białek i genów.