

W licznych badaniach udowodniono, że niektóre szczepy bakterii jelitowych należących do rodzaju *Lactobacillus* mogą mieć pozytywny wpływ na organizm człowieka oraz zwierząt hodowlanych. Powszechnie uważa się, że drobnoustroje zaliczane do gatunków *Lactobacillus casei*, *Lactobacillus paracasei* i *Lactobacillus rhamnosus* (zbiorczo traktowane jako grupa *Lactobacillus casei*) stabilizują mikroflorę jelitową, hamują rozwój mikroorganizmów chorobotwórczych, likwidują lub zmniejszają objawy nietolerancji laktozy, zapobiegają bądź łagodzą przebieg biegunek bakteryjnych, wirusowych oraz poantybiotykowych, a także normalizują zaburzenia motoryki jelit. Co więcej, stwierdzono, iż wzbogacanie diety człowieka w bakterie probiotyczne może powodować stymulację układu immunologicznego, a także pozytywnie wpływać na regulację poziomu cholesterolu we krwi. W żywieniu zwierząt, z uwagi na wprowadzony zakaz stosowania w paszach antybiotykowych stymulatorów wzrostu, istotnego znaczenia nabiera prowadzenie badań nad innymi dopuszczonymi do stosowania w żywieniu dodatkami. Stosowanie probiotyków w żywieniu zwierząt pozwala zwiększyć efektywność produkcji rolnej - zwiększenie strawności pasz i synteza niektórych witamin, a przez to zwiększenie przyrostów masy ciała; poprawa zdrowotności zwierząt; zwiększenie odporności na warunki stresowe oraz szybsza regeneracja organizmu po przebytej chorobie.

Izolacja nowych szczepów, a następnie dokładna ich charakterystyka pod względem posiadanych przez nie cech prozdrowotnych umożliwia wprowadzanie na rynek nowych, konkurencyjnych preparatów probiotycznych, zawierających mikroorganizmy o co raz lepszym potencjale aplikacyjnym. W czasie prowadzonej izolacji oraz selekcji nowych szczepów bardzo istotna jest kwestia częstego występowania sekwencji profagowych w genomach bakterii z rodzaju *Lactobacillus*. W większości przypadków obecność w genomie sekwencji kodujących białka bakteriofagów uważana jest za zjawisko wiążące się z dużym prawdopodobieństwem indukcji oraz uwolnieniem bakteriofagów. Proces ten następuje najczęściej w wyniku lizy komórek, co może z kolei powodować duże straty z punktu widzenia przemysłu spożywczego oraz farmaceutycznego, w których bakterie z rodzaju *Lactobacillus* mają coraz większe zastosowanie.

Z drugiej strony, obecność sekwencji profagowych w genomach bakteryjnych przyczynia się również do wprowadzania zmienności genetycznej bakterii co może wywierać pozytywny wpływ na bakteryjnego gospodarza. Oprócz klasycznego procesu litycznego opisane zostały także inne formy egzystencji fagów takie jak lizogenia, pseudolizogenia czy chroniczna infekcja, które nie prowadzą bezpośrednio do lizy komórek bakterii. Udowodniono również, że obecność profagów w genomach może umożliwiać bakteriom uzyskanie przewagi środowiskowej w danym środowisku. Związane jest to między innymi z tym, że sekwencje profagowe mogą zawierać geny kodujące enzymy, egzotoksyny czy też bakteriocyny, dzięki którym mikroorganizmy są w stanie bardziej wydajnie współzawodniczyć o swoją naturalną niszę ekologiczną jaką jest np. układ pokarmowy człowieka.

Podsumowując, celem planowanych badań będzie analiza obecności oraz bioróżnorodności fagów występujących w genomach bakterii z grupy *Lactobacillus casei*. Na podstawie otrzymanych wyników wytypowane zostaną nowe markery genetyczne o pochodzeniu fagowym, służące do specyficznej identyfikacji probiotycznych bakterii jelitowych z badanej grupy na poziomie gatunku oraz szczepu. W kolejnym etapie przeprowadzona zostanie genetyczna, proteomiczna oraz fizjologiczna charakterystyka wybranych, dotychczas nieopisanych bakteriofagów. Następnie przeprowadzona zostanie analiza ekspresji genów bakteriofagowych w różnych fazach wzrostu badanych szczepów. Podjęta zostanie również próba charakterystyki różnych form koegzystencji wybranych fagów oraz ich bakteryjnych gospodarzy, co może przyczynić się do poszerzenia stanu wiedzy z zakresu interakcji pomiędzy fagami oraz bakteriami, który pomijając klasyczny cykl lityczny wydaje się być ciągle niewystarczający.