

Celem projektu jest określenie, w jaki sposób specyficzne środowisko bytowania jakim jest przewód pokarmowy ssaków mogło kształtować ewolucję białkowego składu główki bakteriofaga T4.

Bakteriofagi naturalnie występują w organizmie człowieka i zwierząt i stanowią ważną, choć często jeszcze niedocenianą, część naszego mikrobiomu. Mogą regulować naszą mikroflorę bakteryjną, a także uczestniczyć w modulowaniu odpowiedzi układu odpornościowego. Szczególnie licznie bakteriofagi występują w przewodzie pokarmowym człowieka, dlatego też uzasadniona wydaje się hipoteza, że specyficzne warunki charakteryzujące układ pokarmowy człowieka – takie jak silnie kwaśne bądź zasadowe pH czy obecność soli żółci oraz enzymów trawiennych – mogły odegrać istotną rolę w ewolucji bakteriofagów. Bakteriofag T4 jest fagiem modelowym i został dokładnie opisany pod względem jego budowy, genetyki i oddziaływań z komórkami bakteryjnego gospodarza. Jednak wiedza na temat jego ewolucji w kontekście odpowiedzi na presję selekcyjną środowiska bytowania jest znikoma.

Ten projekt ma na celu wygenerowanie panelu mutantów bakteriofaga T4 ze zmienionym składem białkowym główki, a następnie ich analizę porównawczą pod względem (I) przeżywalności w układzie pokarmowym ssaków, a także (II) wrażliwości na silnie kwaśne i zasadowe pH, sole żółci oraz na aktywność proteolitycznych enzymów trawiennych. Pozwoli to powiązać białka główki z ich rolą w utrzymywaniu się fagów w przewodzie pokarmowym, a także lepiej zrozumieć ewolucję bakteriofagów jako elementów naszego mikrobiomu.