

Znaczenie ewolucyjne i podstawy genetyczne stanu spoczynku (G0) głodzonych populacji drożdży *Saccharomyces cerevisiae*

Drożdże piekarskie, *Saccharomyces cerevisiae* są jednym z najlepszych biologicznych organizmów modelowych, również dla badań biomedycznych. Wiele genów i procesów metabolicznych jest wspólna dla drożdży i pozostałych eukariontów, w tym człowieka [1]. Drożdże dobrze wyczuwają jakość środowiska w jakim żyją i odpowiednio reagują dostosowując swoją fizjologię. W przypadku braku dostępnego pokarmu część tj. ~75% z „dzikiej” (tzn. typowej) populacji drożdży, przechodzi w stan uśpienia, stając się komórkami spoczynkowymi (S). Komórki spoczynkowe nie dzielą się, gromadzą substancje odżywcze (glikogen i trehalozę) i mają grubą ścianę komórkową dzięki czemu lepiej przeżywają długotrwałe głodzenie i inne stresy środowiskowe. Ponieważ ~60% wszystkich mikroorganizmów na Ziemi jest w stanie uśpienia, a długoterminowa przeżywalność mikroorganizmów jest związana z komórkami przetrwalnikowymi (sporamami i komórkami spoczynkowymi) proces różnicowania się kolonii oraz odkrycie, w jaki sposób drożdże przeżywają stresy jest interesujący dla naukowców. Nie bez znaczenia jest fakt, że komórki S i NS w sposób stosunkowo łatwy można izolować z populacji drożdży w dużych ilościach. W projekcie chcemy przeanalizować zjawisko „uśpienia” drożdży pod kątem genetyki i ewolucji. Dzięki przeprowadzonemu wcześniej eksperymentowi selekcyjnemu dysponujemy unikatową kolekcją szczepów które produkują komórki S i NS w proporcji odmiennej od szczepu „dzikiego” [2]. Analiza genomu tych 96 szczepów pozwoliła na identyfikację mutacji genowych jakie. Średnio w każdym szczepie jest ~5 mutacji. Za ważne dla procesu uśpienia i bilansu komórek S/NS drożdży są geny które zgromadziły różne mutacje (tzn. w różnych miejscach sekwencji tego samego genu), oraz takie które były bardzo rozpowszechnione wśród szczepów. Są to geny zidentyfikowane należące do ścieżki SPS (*SSY1-PTR3-SSY5*), odpowiedzialnej za wyczuwania aminokwasów w środowisku, i geny *SIR3* i *FAS1* związane z konformacją chromatyny. Aby ostatecznie potwierdzić wpływ mutacji chcemy wprowadzić je pojedynczo do genomu przodka (który nie ma innych zgromadzonych mutacji) i sprawdzić fenotyp (produkcję komórek S/NS) takiego zmodyfikowanego szczepu. Chcemy również sprawdzić bilans komórek S/NS dla wszystkich klonów, a wyniki porównać z analizą kolejności nabywania pojedynczych mutacji w trackie ewolucji (drzewa filogenetycznego mutacji w [2]). W ten sposób możemy odkryć znaczenie genów do tej pory być może pominięte w badaniach. Dodatkowo planujemy analizę transkryptomu – czyli aktywności wszystkich genów w szczepach o zmienionym bilansie S/NS.

Mikroorganizmy jednokomórkowe są samowystarczalne, jednak, najczęściej żyją w koloniach lub biofilmach czyli populacjach wielopokoleniowych. W takich społecznościach osobniki oddziałują na siebie wzajemnie synchronizując swoje reakcje. Najbardziej znanym przykładem takiego zachowania jest odczuwanie kworum (ang. *quorum sensing*) odkryte wśród bakterii, mające znaczenie podczas infekcji bakteryjnej. Wiele interakcji drożdży można badać w aspekcie wpływu na pozostałe osobniki w kolonii [3,4]. Planujemy eksperymenty, które pomogą odpowiedzieć na pytania: Dlaczego głodzone populacje mikroorganizmów produkują zróżnicowane fenotypowo komórki? Czy jest to efekt maksymalizacji dostosowania jednego z fenotypów? Czy to zróżnicowanie ma zapewnić korzyść wszystkim osobnikom z tej kolonii? Czy można je zakwalifikować jako zjawisko „podziału pracy”? Czy odpowiedni bilans komórek S/NS zwiększa odporność populacji tworzącej biofilm na fungicydy?

Chcesz wiedzieć więcej na ten temat? (Literatura)

1. Górską-Andrzejak J., Grzmil P., Labocha-Derkowska M., Rutkowska J., Strzałka W., Tomala K., Włoch-Salamon D. 2016. Poczet Modelowych Organizmów Badawczych, Wszechświat t. 117, nr 7-9, 194 – 208.
2. Włoch-Salamon, D. M., Tomala, K., Aggeli, D. and Dunn, B. (2017). Adaptive Roles of SSY1 and SIR3 During Cycles of Growth and Starvation in *Saccharomyces cerevisiae* Populations Enriched for Quiescent or Non-quiescent Cells. *G3: Genes/Genomes/Genetics*. g3. 117.041749.
3. Portal Nauka UJ: Czy jednokomórkowe organizmy wiodą życie towarzyskie? http://www.nauka.uj.edu.pl/1pytanie/journal_content/56_INSTANCE_8GR97pNrvUXW/74541952/1350665534.
4. Włoch-Salamon D. 2014. Sociobiology of the budding yeast. *Journal of Biosciences* 39: 225-236.