

**Popularnonaukowe streszczenie projektu OPUS 13 – dr hab. Robert Czajkowski Międzyuczelniany
Wydział Biotechnologii Uniwersytet Gdański i Gdański Uniwersytet Medyczny**

**Receptory zaangażowane w adsorpcję bakteriofagów do komórek *Dickeya solani*
i *Pectobacterium parmentieri* i ekologiczny koszt oporności bakterii na
bakteriofagi *in vitro* i *in planta***

Bakteriofagi (fagi) to wirusy atakujące i zabijające bakterie. Zostały one odkryte na początku XX wieku przez Fridericka W. Twort w Anglii w 1915 i przez Felixa d'Herelle we Francji w 1917. Od tego czasu stały się przedmiotem badań naukowych. Początkowo, bakteriofagi były postrzegane jako rozwiązanie problemu występowania bakteryjnych chorób ludzi i zwierząt. Z uwagi na początkowe problemy z produkcją bakteriofagów, ich aktywnością i stabilnością, a także z powodu okrycia pierwszego naturalnego antybiotyku – penicyliny, koncepcja leczniczego wykorzystania bakteriofagów została prawie całkowicie zarzucona. Obecnie, w XXI wieku, dzięki rozwojowi nowych technologii, idea wykorzystania bakteriofagów, a także badania ich ekologii i globalnego wpływu na populacje bakterii powróciła.

Bakteriofagi są obecne w większości, jeżeli nie we wszystkich środowiskach, w których bytują bakterie. Uważa się także, że mogą zakażać większość opisanych gatunków bakterii.

Dogmatem oddziaływania bakterii i bakteriofagów jest to, że wrażliwość bakterii na bakteriofagi jest wynikiem zdolności wirusa do przyłączania się do specyficznych miejsc na powierzchni komórek bakterii tzw. receptorów. Zrozumienie tego procesu jest niezbędne do określenia natury infekcji wirusowej, a sam etap przyłączania się jest kluczowy dla wszystkich następnym etapów infekcji wirusowej, a także determinuje jej przebieg.

Pomimo faktu badania interakcji bakterii i bakteriofagów od ponad stu lat, ciągle niewiele jest wiadomo o molekularnym podłożu tego procesu. Tylko ograniczona liczba receptorów używanych przez bakteriofagi została odkryta, skryształizowana i dogłębnie scharakteryzowana i większość tych przykładów pochodzi z badań systemów modelowych takich jak *Escherichia coli* i jej bakteriofagi λ i T4.

Proponowany projekt ma na celu określenie molekularnego mechanizmu, w wyniku którego bakteriofagi specyficznie przyłączają się i infekują komórki bakterii-gospodarzy – pektynolityczne bakterie z rodzaju *Enterobacteriaceae* (ang. Soft Rot *Enterobacteriaceae* – SRE: *Pectobacterium* spp. i *Dickeya* spp.). Bakterie te są ważnymi patogenami roślin uprawnych i ozdobnych, a ich obecność i aktywność powoduje straty sięgające w Europie nawet 250 milionów Euro rocznie. Niewiele jest wiadomo o receptorach komórek bakterii fitopatogennych wykorzystywanych przez bakteriofagi do infekcji, a w przypadku bakterii pektynolitycznych taka wiedza prawie w ogóle nie istnieje.

Z użyciem nowoczesnych metod wykorzystujących genetykę klasyczną i genetykę odwrotną, zbadane zostaną molekularne podstawy mechanizmu interakcji bakteriofagów i bakterii pektynolitycznych. Określone zostaną sekwencje nukleotydowe i aminokwasowe potencjalnych receptorów zlokalizowanych na komórkach bakterii *Pectobacterium* spp. i *Dickeya* spp. Co więcej, proponowany projekt pozwoli znaleźć odpowiedź na pytanie czy fagooporność bakterii *Pectobacterium* spp. i *Dickeya* spp. może przekładać się na koszt ekologiczny i fenotypy powiązane z wirulencją tych bakterii.

Proponowany projekt pozwoli na opracowanie molekularnego (porównawczego) modelu interakcji litycznych bakteriofagów i bakterii pektynolitycznych w obecności roślin ziemniaka (naturalnego środowiska bytowania tych bakterii), a w szerszym zakresie pozwoli na opracowanie efektywnych strategii zapobiegania zakażeniom w fitopatologii, weterynarii i medycynie. C więcej, projekt ten, może dodatkowo wzmocnić naukowe grupy badawcze wykonujące badania w zakresie bakteriofagów i ich strategii przyłączania się i infekcji ich bakteryjnych gospodarzy.