

Analiza wybranych procesów wpływających na architekturę genomów i skład proteomów u grzybów

Obecnie sekwencjonuje się masowo genomy różnych organizmów, czyli odczytuje się całą informację genetyczną danego organizmu. Genomy to nie tylko zbiór ale też środowisko życia genów. Genom jest kształtowany przez różnorodne czynniki poczynając od tego jak organizm żyje, jak się rozmnaża i jak się odżywia. Znane są organizmy o ogromnych genomach pełnych zróżnicowanych elementów, które wspólnie biorą udział w procesach komórkowych. Istnieją również organizmy o genomach minimalistycznych zredukowanych do niezbędnego minimum narzędzi (genów). Dostosowanie organizmów do danego trybu życia wpływa na skład i rodzaj genów, ich wzajemne położenie w przestrzeni genomu, udział niekodujących elementów genomu czy też skłonność do przyjmowania informacji genetycznej z zewnątrz. Genomy są strukturami dynamicznymi podlegającymi cyklom urodzin i śmierci genów i wirusopodobnych sekwencji zwanych transpozonami. Te ostatnie są zdolne do przenoszenia się w obrębie genomu, co powoduje zmianę kontekstu czyli położenie obok innych genów niż poprzednio. Genomy podlegają również wpływowi genów pochodzących od innych organizmów, co może być źródłem nabywania zupełnie nowych zestawów umiejętności szybciej niż w toku "normalnej" ewolucji, na którą składają się małe błędy podczas kopiowania i przekazywania materiału genetycznego od rodziców do potomków. Zwykle genomy są jednak chronione przed inwazją obcych genów.

Główna idea tego projektu to scalenie różnych źródeł informacji o danym organizmie (jak żyje) z wiedzą o cechach jego genomu (jaki ma rozmiar, ile jest w nim genów, jak gęsto są one upakowane) oraz o obecności transferowanych genów i transpozonów. W tym celu zbierzemy zsekwencjonowane genomy grzybów i wyciągniemy z nich charakterystyczne informacje, zidentyfikujemy geny, które mogły pochodzić od innych organizmów, poszukamy współdziałających genów zbitych w grupy (klastrów genów) i transpozonów. Przypiszemy grzybom etykiety opisujące ich tryb życia (na przykład patogen, zamieszkujący glebę). Łącznie otrzymamy ogromny zbiór danych zawierający bardzo wiele cech dla każdego organizmu, które poddamy razem analizie statystycznej. W ten sposób uzyskamy wyniki tłumaczące zależności między trybem życia organizmu a organizacją jego genomu. Praktycznym efektem naszych badań będzie prawdopodobnie identyfikacja nowych klastrów genów, co może znaleźć zastosowanie w biotechnologii.