

Identyfikacja czynników wirulencji *Streptococcus anginosus* - streszczenie

Grupa *Streptococcus anginosus* (SAG, *Streptococcus milleri*) to paciorkowce, które do lat osiemdziesiątych XX w. uważane były za właściwie niepatogenne mikroorganizmy komensalne, rzadko powodujące niezbyt groźne infekcje. W ciągu ostatnich 30-35 lat obserwuje się narastającą liczbę ciężkich zakażeń nimi wywołanych. Biologia tych mikroorganizmów nie jest poznana, nieznane też są mechanizmy wirulencji tych bakterii. Dopiero od 3-4 lat, głównie dzięki rozwojowi technik sekwencjonowania genomowego, uzyskano na ich temat nieco więcej informacji. Niestety, produktom kodowanym przez około 50% genów nie da się przypisać funkcji, a funkcja pozostałych przypisana jest zwykle tylko na podstawie homologii do genów o znanej funkcji i niepotwierdzona eksperymentalnie. Istnieją jedynie pojedyncze doniesienia opisujące eksperymentalnie potwierdzone identyfikacje czynników wirulencji. Dodatkowo, zjadliwość bakterii warunkowana jest interakcją między patogenem a gospodarzem i zależy od obydwu „partnerów” biorących udział w procesie infekcji.

Podstawowym problemem badawczym jaki stawiamy w niniejszym projekcie jest **identyfikacja czynników wirulencji** bakterii należących do paciorkowców grupy anginosus. Nasza robocza hipoteza zakłada, że genomy SAG niosą geny odpowiedzialne za zjadliwość bakterii, a także za interakcję SAG z gospodarzem, które to geny da się zidentyfikować na podstawie analizy mutantów pozbawionych określonych ramek odczytu. W celu rozwiązania problemu badawczego, planujemy konstrukcję mutantów *S. anginosus* typu knock-off, a następnie ich testy przesiewowe w poszukiwaniu zmian fenotypowych oraz interakcji z komórkami gospodarza