

Bakterie dzięki swoim niezwykłym umiejętnościom adaptacyjnym wciąż poszukują nowych jeszcze nie zasiedlonych nisz ekologicznych, które wiążą się z wykorzystaniem nowych źródeł węgla i energii. Dobrym przykładem takiej strategii są bakterie kwasu mlekowego (LAB), wyewoluowały one ze środowisk bogatych w składniki odżywcze takie jak np. przewody pokarmowe ssaków, czy też mleko. W drodze przystosowania się tych mikroorganizmów do warunków znajdujących się w przewodach pokarmowych, utraciły pewne geny ze względu na łatwy dostęp do źródeł węgla, azotu czy witamin, ale także wykształciły odpowiednie mechanizmy pozwalające im konkurować o to bogate środowisko, z bakteriami patogennymi. Dzięki dużej specjalizacji i plastyczności genetycznej bakterie mlekowe są niezwykle powszechne i zasiedlają środowiska związane z organizmami zarówno roślin jak i zwierząt.

Ostatnie badania doprowadziły do wyróżnienia wśród grupy LAB bakterii, które wyspecjalizowały się do życia w środowiskach bogatych w cukry, a w szczególności w fruktozę. Są to fruktofilne bakterie kwasu mlekowego zwane FLAB, występują w nektarach kwiatów, owcach a także przewodach pokarmowych owadów żywiących się pokarmem bogatym w fruktozę, takich jak pszczoły i trzmiele. Najnowsze badania wskazują, że stanowią one korzystną mikroflorę dla zapylaczy. Ze względu na niebezpieczne i postępujące wymieranie rodzin pszczelich, coraz częściej naukowcy skupiają się na metodach przywracania zdrowia, czy przedłużenia żywotności tych owadów, opartych o stosowanie mikroorganizmów związanych z tą niszą ekologiczną.

Celem projektu jest zbadanie metabolizmu fruktofilnych bakterii kwasu mlekowego, a dokładniej wyjaśnienie zdolności do wykorzystywania fruktozy, jako podstawowego źródła energii. Przyczyna tego nietypowego metabolizmu nie jest do końca wyjaśniona i stanowi istotną lukę w wiedzy dotyczącej tej grupy mikroorganizmów. Dotychczasowe badania wskazują że jest to spowodowane utratą genów, np. *adhe*. Z uwagi na fakt, iż grupa ta jest niejednorodna, złożona z gatunków dwóch rodzajów *Fructobacillus* i *Lactobacillus*, powyższa informacja na temat utraty genów jest niepotwierdzona dla wszystkich znanych fruktofilnych przedstawicieli bakterii mlekowych. Dodatkowo badania fenotypowe różnych gatunków fruktofilnych bakterii wskazują, że zdolne są one równocześnie do efektywnego wykorzystywania glukozy ze środowiska w którym żyją, co zaprzecza definicji tych bakterii czyli preferencji fruktozy.

Chcemy zbadać metabolizm cukrów prostych tych bakterii i odpowiednio zdefiniować grupę FLAB. Wyizolowaliśmy nowe polskie szczepy gatunków bakterii należących do fruktofilnych bakterii mlekowych z różnych nisz ekologicznych, będą one stanowiły materiał badawczy w niniejszym projekcie. Wybraliśmy tylko te gatunki które przejawiają różne rodzaje fruktofilności. Chcemy zsekwencjonować genomy 5 gatunków, które zostaną zamieszczone w GeneBank NCBI jako oddzielne bioprojekty. Na podstawie uzyskanych wyników zaprojektujemy eksperyment dotyczący ekspresji genów. Hodując bakterie w różnych warunkach, np. na pożywce z glukozą i na pożywce z fruktozą poznamy ekspresję genów w czasie rzeczywistym które są bezpośrednio zaangażowane w metabolizm.

Porównamy wzrost badanych bakterii na fruktozie i glukozie oraz określimy ilość zużytego cukru w czasie hodowli. Uzyskane dane będziemy mogli porównać z już zsekwencjonowanym przez nas fruktofilnym gatunkiem bakterii mlekowych, wyizolowanym z miodu pitnego. Wyniki poddane będą analizie statystycznej, głównie za pomocą algorytmów PYTHON. Użyte metody gwarantują publikacje wyników w wysoko punktowanych czasopismach z listy JCR.

Zaproponowane przez nas połączone badania na poziomie genetycznym, transkryptomycznym i fenotypowym dadzą pełen obraz fruktofilności badanej grupy bakterii. Wyniki tego projektu przyczynią się do poszerzenia wiedzy z mikrobiologii, oraz pośrednio pozwolą na wyjaśnienie symbiozy pszczół z ich mikrobiomem.