

**POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU (W JĘZYKU POLSKIM)** (Należy podać cel projektu, opisać jakie badania realizowane będą w projekcie oraz podać powody podjęcia danej tematyki badawczej - maksymalnie jedna strona maszynopisu)

W literaturze zostały opisane gatunki drożdży, znane jako flawinogenne, które są zdolne do nadprodukcji ryboflawiny (witaminy B2) w warunkach niedoboru żelaza. Znane też są bakterie oraz rośliny (np. słonecznik i tytoń), które syntetyzują podwyższone ilości tej witaminy w warunkach deficytu żelaza. Fizjologiczna rola oraz mechanizmy takiej regulacji pozostają nadal nieznanne. Wyjaśnienie tych problemów zaplanowano podczas realizacji niniejszego projektu wykorzystując jako system modelowy najbardziej flawinogenne drożdże *Candida famata*. Wcześniej zidentyfikowaliśmy gen *SEF1*, kodujący domniemany czynnik transkrypcji zaangażowany w regulację syntezy ryboflawiny. Delecje oraz mutacje punktowe w tym genie eliminują nadprodukcję ryboflawiny w warunkach niedoboru żelaza, natomiast jego nadekspresja zwiększa produkcję tej witaminy. Jednak mechanizmy działania *Sef1* pozostają nadal niewyjaśnione. Nieznane pozostają także inne komponenty kaskady regulatorowej które prawdopodobnie uczestniczą w regulacji syntezy ryboflawiny przez żelazo. We wcześniejszych badaniach opracowaliśmy kilka metod genetyki molekularnej dla badań *C. famata*. Jednak postęp w tej dziedzinie jest zbyt powolny w wyniku braku informacji o kompletnej sekwencji genomu oraz nowoczesnych metod edycji genomu. W ramach niniejszego projektu planujemy przeprowadzić adnotacje niedawno sekwencjonowanego genomu *C. famata*. Wykorzystując dane sekwencji genomu oraz nową skuteczną metodologię edycji genomu, planujemy przeprowadzić delecję i nadekspresować domniemane geny zaangażowane w pozytywną (*MET2*) oraz negatywną (*SFU1*, *HAP43*, *VMA1*) kontrolę syntezy ryboflawiny z udziałem jonów żelaza. Zbadane zostaną właściwości takich szczepów jak mutanty z delecją genu *SEF1*, następnie zostaną wprowadzone na drodze transformacji do nich homologi tego genu z innych flawinogennych oraz nieflawinogennych drożdży w celu ustalenia, jaka część genu *SEF1*, sekwencja kodująca lub promotor, odpowiada za nadprodukcję ryboflawiny. Dla zbadania oddziaływania pomiędzy genami kontroli pozytywnej i negatywnej oraz ich produktami białkowymi, odpowiednie mutacje zostaną połączone w jednym genomie w różnych kombinacjach. Najbardziej ciekawe szczepy skonstruowane w ramach tego projektu będą sprawdzone pod względem potencjału do produkcji maksymalnej ilości ryboflawiny podczas hodowli w bioreaktorach. Głównym wynikiem zaplanowanego projektu będzie zaproponowanie modelu zdarzeń na poziomie molekularnym zachodzących podczas regulacji syntezy ryboflawiny jonami żelaza.