

Zakażenia *Campylobacter* spp. są obecnie główną przyczyną chorób przewodu pokarmowego ludzi w wielu krajach rozwiniętych. Po dostaniu się do organizmu *Campylobacter* spp. przyczepia się do komórek nabłonka układu pokarmowego, a następnie wnika do ich wnętrza indukując odpowiedź immunologiczną organizmu. Objawem zakażenia jest biegunka o przebiegu umiarkowanym lub ostrym, w skrajnych przypadkach może dochodzić do sepsy, zapalenia stawów, zespołu Guillain-Barré czy Miller Fisher'a. Drób jest naturalnym gospodarzem *Campylobacter jejuni* i głównym rezerwuarem tej bakterii. Zakażenia ludzi są najczęściej wynikiem spożycia niewłaściwie przygotowanego mięsa drobiowego zanieczyszczonego tym patogenem w czasie uboju lub obróbki. Dokładniejsze zrozumienie procesu zasiedlania gospodarza i tworzenia biofilmu może pomóc w znalezieniu sposobu ograniczenia kolonizacji ptaków oraz tym samym zmniejszenia zanieczyszczenia tusz drobiowych, jak również zakażeń u ludzi. Problem kamylobakterioz wymaga pilnego rozwiązania, ze względu na wzrastającą lekooporność *Campylobacter* spp. oraz występowanie ciężkich powikłań po zakażeniu.

Nasze wcześniejsze badania pozwoliły na zidentyfikowanie modyfikacji rybosomalnego RNA *C. jejuni*, która jest konieczna w procesie tworzenia biofilmu przez patogen. Biorąc pod uwagę ten mechanizm, sugerujemy, że inne modyfikacje rRNA mogą wpływać na wirulencję i tworzenie biofilmu poprzez modulację ekspresji białek *C. jejuni*. W przedstawianym projekcie planujemy zainaktywować geny kodujące białka wprowadzające modyfikacje rRNA i sprawdzenie ich wpływu na tworzenie biofilmu i wirulencję *C. jejuni*. W szczepach uzyskanych mutantów o obniżonej aktywności tych cech sprawdzimy, jakie dokładnie zmiany w ich proteomie są powiązane z poszczególnymi modyfikacjami rRNA. W ten sposób zidentyfikujemy białka istotne dla patogenności badanej bakterii. Uważamy, że badania te pozwolą na znalezienie docelowych szlaków i składników komórkowych, które będą kluczowe w osłabieniu wzrostu i wirulencji oraz ograniczeniu rozprzestrzeniania się *Campylobacter* spp.