

W swoich poprzednich badaniach zaprezentowałem, że szczepy *Proteus mirabilis* wykazują hierarchię pod względem zdolności do zajmowania terytorium w trakcie wzrostu rozpełzłego. Przedstawiłem również sekwencje genomowe szczepów *P. mirabilis* K1609 i K670, które wykazywały znaczne różnice terytorialności. Szczepy te stały się organizmami modelowymi w badaniach nad terytorialnością bakterii. Moja hipoteza zakładała, że szczep K1609, wykazujący silniejszą terytorialność, rozpoczyna migrację wcześniej, co pozwala na kolonizację większej powierzchni niż jest to możliwe w przypadku słabszych konkurentów. Mechanizmy tego zjawiska pozostają nieznane. Hipoteza badawcza zakłada, że szczepy *P. mirabilis* K1609 i K670 różnią się profilem ekspresji genów i/lub kinetyką zmian transkryptomu podczas inicjacji migracji, co powoduje, że rozpoczynają one migrację w różnym czasie. Zrozumienie tego mechanizmu jest ważne, mając na uwadze fakt, że wzrost rozpełzły uznawany jest za jeden z najważniejszych czynników wirulencji szczepów *P. mirabilis*. Niniejszy projekt badawczy mając na celu określenie różnic jakościowych i/lub ilościowych w transkryptomie szczepów *P. mirabilis* w kolejnych etapach inicjacji wzrostu rozpełzłego. Głównym celem proponowanych badań jest ustalenie molekularnego czynnika(ów) lub szlaku(ów) regulacyjnego, które pozwalają na wcześniejsze inicjowanie migracji u silnie terytorialnego szczepu *P. mirabilis* K1609. Zaproponowane badania opierają się na wykorzystaniu nowoczesnej metody sekwencjonowania RNA (RNA-seq) celem określania kinetyki transkryptomu w komórkach *P. mirabilis* podczas inicjacji ruchu rozpełzłego. Bogaty zbiór danych uzyskany w trakcie sekwencjonowania RNA umożliwi wizualizację dynamiki zmian całego transkryptomu. Znaczenie obserwowanych różnic zostanie ocenione za pomocą metod bioinformatycznych i statystycznych oraz potwierdzone poprzez odpowiednie manipulacje genetyczne.