

Cyjanofagi odgrywają ważną rolę w obiegu pierwiastków chemicznych w przyrodzie. Sinice to organizmy pochłaniające węgiel z atmosfery. Komórki sinic uśmiercone przez cyjanofagi uwalniają do środowiska wodnego związki organiczne, które mogą być wykorzystane przez fitoplankton lub trafiają do osadu dennego w procesach zwanych pompą biologiczną. Uwalnianie materii organicznej w wyniku lizy komórek wywołanej przez wirusy moduluje globalne cykle biogeochemiczne i aktywnie wpływa na dynamikę składu drobnoustrojów. Ponadto wirusy mogą również zmieniać różnorodność ekosystemów poprzez horyzontalny transfer genów i/lub ekspresję kodowanych przez wirusy pomocniczych genów metabolicznych (auxiliary metabolic gene, AMG). Poprzez modyfikację metabolizmu gospodarza, cyjanofagi mogą modulować tempo syntezy i zużycia wybranych metabolitów, co ma wpływ na inne poziomy troficzne. Pomimo tego, że stanowią ważne ogniwo troficzne, cyjanofagi są stosunkowo słabo poznane.

Wiele cyjanofagów morskich koduje geny AMG, które ulegają silnej ekspresji podczas infekcji i zapewniają wytwarzanie energii i równoważników redukujących, a także dostarczanie prekursorów nukleotydów wymaganych do replikacji genomu i syntezy białek fagowych.

W przeciwieństwie do cyjanofagów morskich, cyjanofagi słodkowodne (z pewnymi rzadkimi wyjątkami) posiadają znacznie mniej genów AMG, zbyt mało, aby aktywnie modyfikować metabolizm gospodarza na poziomie genetycznym. Pomimo ich braku, cyjanofagi słodkowodne mogą znacząco zmieniać szlaki metaboliczne wpływające na stężenia i cykle związków wewnątrzkomórkowych. Sugeruje to ściślejszą korelację między replikacją cyjanofagów słodkowodnych a maszyną transkrypcyjną gospodarza w porównaniu z systemami cyjanofagów morskich i sinic. Jednak wnioski te opierają się głównie na analizie genomu, dlatego niektóre badania transkryptomyczne powinny zostać zweryfikowane eksperymentalnie. Nieznany jest również model zmian metabolizmu wywołanych infekcją wirusową w sinicach słodkowodnych. W związku z tym istnieje potrzeba przeprowadzenia większej liczby badań jednocześnie badających zarówno stopień, w jakim cyjanofagi wpływają na ekspresję genów gospodarza, syntezę i degradację białek, jak i produkcję określonych metabolitów.

Projekt łączy zestaw eksperymentów laboratoryjnych z wykorzystaniem nowoczesnych metod. Proteom, czyli zestaw białek występujących w komórkach oraz różnice w ilości tych białek zostaną określone za pomocą elektroforezy dwukierunkowej (two-dimensional difference gel electrophoresis, 2D DIGE), zaś do identyfikacji białek zostanie wykorzystana chromatografia cieczowa sprzężona z tandemową spektrometrią mas (LC-MS/MS). Sekwencjonowanie RNA pozwoli uzyskać obraz zmian transkryptomycznych, tj. poziomu ekspresji wszystkich genów w komórce. Tak opracowane profile proteomiczne i transkryptomiczne umożliwią wskazanie procesów metabolicznych, które zostały zmienione w wyniku infekcji wirusowej. Uzyskane wyniki zostaną potwierdzone z użyciem LC-MS/MS przez ilościowe oznaczenia wybranych metabolitów będących produktami pośrednimi lub końcowymi interesujących szlaków. Badania te zostaną uzupełnione analizami fizjologicznymi obejmującymi m. in. fluorescencję chlorofilu, czy wymianę gazową. Łącząc dane ze wszystkich części projektu, uzyskamy informacje na temat sposobu, w jaki cyjanofagi słodkowodne modulują metabolizm gospodarza.

Pomyślnie wdrożenie planu prac i osiągnięcie celów projektu zapewni pierwszą w historii kompleksową analizę procesu infekcji sinicami. Uzupełnienie luki w tej dziedzinie, stanowiącej wielkie wyzwanie naukowe, możliwa będzie udoskonalenie modeli ekologicznych. Uzyskane wyniki będą mogły zostać wykorzystane do opracowania skuteczniejszych strategii ograniczania występowania toksycznych zakwitów sinic. W dłuższej perspektywie dogłębne zrozumienie mechanizmu infekcji sinicami może pomóc w rozwoju metody transdukcji sinic, która znacznie ułatwi inżynierię genetyczną tych organizmów. Wyniki naszych badań mają szansę stać się kamieniem milowym w badaniach nad sinicami.