

*Yersinia enterocolitica* jest ważnym patogenem przewodu pokarmowego, który może powodować szereg chorób u ludzi, od łagodnej biegunki do krezkowego zapalenia węzłów chłonnych. *Y. enterocolitica* jest heterogennym gatunkiem, o różnym stopniu zjadliwości, syntetyzującym szeroką gamę czynników wirulencji, takich jak adhezyny/inwazy, wiele wydzielanych toksyn i białek efektorowych. Ich synteza jest ściśle regulowana w odpowiedzi na różne czynniki środowiskowe, w tym temperaturę. Aby przystosować się do zmian warunków środowiskowych, bakterie regulują ekspresję genów na poziomie transkrypcji, ale także potranskrypcyjnie jak i potranslacyjnie. Znaczenie mechanizmów potranskrypcyjnych w regulacji ekspresji genów stało się przedmiotem zainteresowania stosunkowo niedawno, tj. z chwilą odkrycia małych, niekodujących cząsteczek RNA (sRNAs). Kodowane *in trans* sRNAs, czyli w miejscu innym niż regulowane geny, stanowią grupę małych regulatorowych RNA. Mają zazwyczaj długość 50-150 nukleotydów i modulują translację mRNA i/lub stabilność transkryptów poprzez parowanie zasad. Większość sRNA wymaga do działania białka opiekuńczego Hfq. Najczęściej wynikiem interakcji sRNA z docelowym mRNA jest wyciszenie ekspresji genu. Aby w pełni zrozumieć biologiczną funkcję sRNA, wymagana jest identyfikacja miejsca oddziaływania sRNA z mRNA docelowego genu. U niepatogennej *Escherichia coli* dwa homologiczne sRNA, tj. OmrA i OmrB, regulują ekspresję kilku genów, kodujących białka strukturalne, jak również regulatorowe. U *Y. enterocolitica* istnieje tylko sRNA OmrA, a cele jego regulacji potranskrypcyjnej nie są dotąd znane.

Głównym celem naukowym projektu jest określenie celów działania OmrA w szczepach *Y. enterocolitica* o niskim (szczep Ye9, bioserotyp 2/O:9) i wysokim (szczep 8081, bioserotyp 1B/O:8) stopniu zjadliwości. Geny, których ekspresja będzie badana zostały wytypowane w wyniku przeprowadzonych analiz *in silico*. Wśród nich znalazły się geny kodujące istotne czynniki zjadliwości tych enteropatogenów. Informacje o zmianie w profilu ekspresji genów pod wpływem OmrA będą weryfikowane metodą RT-qPCR oraz Northern blot, jak również w oparciu o badania aktywności skonstruowanych fuzji translacyjnych. Ponadto zostaną przeprowadzone testy EMSA oceniające powstawanie i stopień migracji potencjalnych kompleksów OmrA/mRNA w obecności lub braku białka opiekuńczego Hfq. Badania molekularne zostaną wzbogacone o charakterystykę fenotypową szczepów *Y. enterocolitica* różniących się aktywnością OmrA, tj. ocenę ruchliwości, tworzenia mikrokolonii i biofilmu, zdolności adhezji/inwazji w nabłonkowej linii komórkowej, a także stopienia aktywności insektoobójczej.

Realizując projekt otrzymamy informacje o roli OmrA w post-transkrypcyjnej regulacji ekspresji genów, co następnie pozwoli na ustalenie konsekwencji funkcjonalnych wynikających z aktywności OmrA i jego roli w kontroli strategii życiowej *Y. enterocolitica* związanej z patogenną oraz saprofityczną formą życia. Wyciszenie ekspresji genów bakteryjnych przez sRNA stwarza nowe możliwości w zwalczaniu bakterii chorobotwórczych. Poszukiwanie nowych metod jest niezmiernie ważne ze względu na rozprzestrzenianie się szczepów opornych na antybiotyki, co sprawia, że antybiotykoterapia staje się nieskuteczna.