

Bakteriofagi (wirusy namnażające się w komórkach bakterii) są najliczniejszą grupą organizmów występujących na Ziemi. Zamieszkują wody słone i słodkie, zarówno płynące jak i stojące, glebę oraz ekstremalne środowiska takie jak: gorące źródła, pustynie i lodowce, jak również organizmy zwierząt i ludzi, wchodząc w skład mikrobiomu. Gwałtowny rozwój technik biologii molekularnej w XX wieku, w tym wysokoprzepustowego sekwencjonowania kwasów nukleinowych, umożliwił dogłębne poznanie genomów wielu organizmów. W jednej z największych baz danych deponujących sekwencje w Instytucie Zdrowia Publicznego w USA, na ponad 400 tysięcy upublicznionych genomów mikroorganizmów, tylko ponad 4 tysiące stanowią genomy bakteriofagów. Większość opublikowanych badań na strukturę i funkcję białek budujących kapsydy fagów oraz białek funkcjonalnych dotyczy tylko kilkunastu przedstawicieli tej jakże licznej grupy, a prace te powstały ponad pół wieku temu, kiedy możliwości techniczne naukowców były stosunkowo skromne, w porównaniu do chwili obecnej. Podczas prac naszego zespołu nad bioróżnorodnością morfologiczną, genetyczną i funkcjonalną bakteriofagów wyizolowanych ze środowiska naturalnego stwierdzono, że kodują one enzymy powielające materiał genetyczny (zwane polimerazami DNA) o niespotykanej dotąd budowie. Celem tego projektu będzie przeprowadzenie dokładnej charakterystyki fizyko-biochemicznej wyżej wspomnianych polimeraz DNA i odpowiedź na pytanie jak enzymy o niespotykanej dotąd konformacji funkcjonują w żywym organizmie. Nadrzędną kwestią projektu będzie przedstawienie różnorodności molekularnej enzymów fagów jako odzwierciedlenia ich różnorodności morfologicznej. Dane uzyskane w tym projekcie pozwolą na zweryfikowanie wstępnych założeń, iż nowo odkryte polimerazy DNA mogą być wykorzystane w biotechnologii.