

Plazmidy bakteryjne należą do grona ruchomych elementów genetycznych bakterii. Są to zwykle koliste cząsteczki DNA, które, dzięki własnym systemom replikacyjnym mogą występować w komórce w formie autonomicznej, niezintegrowanej z chromosomem. Replikony te są głównymi nośnikami informacji genetycznej biorącej udział w horyzontalnym transferze genów. Przenoszą one często geny o charakterze adaptacyjnym, które pozwalają bakteriom na lepsze przystosowanie do zmiennych warunków środowiska i przetrwanie w obecności różnych czynników stresowych. Plazmidy są bardzo zróżnicowane m.in. pod względem wielkości, struktury, liczby kopii, zakresu gospodarzy oraz mechanizmów warunkujących ich replikację, stabilność i transfer. Zróżnicowany jest również ich ładunek genetyczny. Dzięki swojej mobilności, replikony te ulegają transferowi do różnych gospodarzy, w których często podlegają licznym rearanżacjom genetycznym, które kształtują ich strukturę i specyficzne właściwości.

Przeprowadzone przez nas analizy plazmidomów bakterii doprowadziły do identyfikacji grupy plazmidów, które, pod wieloma względami, wyróżniają się na tle innych replikonów. Są to tzw. plazmidy wirulencji (pVirCro), występujące we wszystkich gatunkach bakterii oportunistycznych z rodzaju *Cronobacter*. Plazmidy te determinują właściwości patogenne tych mikroorganizmów. Nie są zdolne do transferu i nie występują w innych grupach bakterii. Co ciekawe, wyniki analiz filogenetycznych wskazują, że pVirCro towarzyszą *Cronobacter* spp. od początku historii ewolucyjnej całego rodzaju taksonomicznego. Jest to zatem unikatowy wśród plazmidów model, niezwykle pomocny do zbadania mechanizmów prowadzących do stopniowego udomowienia egzogennych replikonów w komórkach bakterii, a w rezultacie do przemiany ruchomego elementu genetycznego w istotny dla bakterii komponent genomu, podlegający, wraz z chromosomem, wspólnej regulacji genetycznej w cyklu komórkowym.

Unikatową cechą pVirCro jest także obszerny ładunek genetyczny, który nie uległ zmianie w toku ewolucji rodzaju *Cronobacter* spp., a więc na przestrzeni ostatnich kilkudziesięciu milionów lat. Plazmidy te niosą ok. 40 wspólnych genów, spośród których analizowano dotąd jedynie nieliczne, wyłącznie powiązane z patogenezą *Cronobacter* spp. Planowane jest przeprowadzenie dogłębnych, wielopłaszczyznowych analiz tych replikonów, mających na celu zbadanie: (a) potencjalnego sprzężenia regulacyjnego procesów replikacji plazmidów pVirCro i bakteryjnych chromosomów oraz koordynacji procesu segregacji obu typów replikonów w cyklu komórkowym bakterii, (b) wpływu pVirCro na „fitness” komórek ich gospodarzy oraz (c) biologicznej roli genów konserwowanego rdzenia plazmidów pVirCro, które, jak sugerują wstępne analizy, mogą być zaangażowane w przebieg tak ważnych procesów, jak wytwarzanie biofilmu, produkcja wydzielanych pozakomórkowo polisacharydów, generowanie subpopulacji komórek przetrwałych (niepodlegających działaniu antybiotyków), oraz patogenezę (analiza niezidentyfikowanych wcześniej determinant patogenności).

Będą to pierwsze tak kompleksowe badania o charakterze interdyscyplinarnym poświęcone pojedynczej grupie plazmidów bakteryjnych. Przyniosą one wiele cennych informacji zarówno na temat (a) ewolucji pVirCro (w tym zmian, którym podlegały te replikony w poszczególnych gatunkach bakterii), (b) mechanizmów, które doprowadziły do udomowienia tych replikonów i powiązania ich z wyłącznie z bakteriami z jednego rodzaju taksonomicznego, oraz (c) identyfikacji i scharakteryzowania informacji genetycznej o dużym znaczeniu adaptacyjnym, która jest istotna dla *Cronobacter* spp., niezależnie od zasiedlanej przez te bakterie niszy ekologicznej. Wyniki planowanych badań, ze względu na unikatowe właściwości pVirCro, wniosą również nowe, istotne treści do dyskusji na temat ewolucji, struktury i funkcjonowania i wieloreplikonowych genomów bakteryjnych.