

Bakterie należące do rodzaju *Legionella* to wewnątrzkomórkowe patogeny, które w środowisku naturalnym bytują wewnątrz komórek pierwotniaków wodnych, przede wszystkim wolno żyjących ameb należących do gatunków *Acanthamoeba*, *Naegleria*, *Echinamoeba* i *Vermamoeba*. Po przedostaniu się do sztucznych systemów dystrybucji wody legionelle mogą stwarzać zagrożenie dla zdrowia i życia człowieka, wywołując infekcje zbiorczo określane mianem legionelloz. Podobieństwo ameb i makrofagów płucnych sprawia, że bakterie *Legionella* powodują u ludzi zapalenia płuc i inne infekcje pozapłucne, jak np. gorączkę Pontiac. W obrębie rodzaju *Legionella* opisano do tej pory ponad 60 gatunków. W 90% przypadków legionelloz zidentyfikowanym czynnikiem etiologicznym jest gatunek *L. pneumophila*, a w kolejnych 4% *L. longbeachae*. Jednak od osób z atypowym zapaleniem płuc wyizolowano co najmniej 24 inne gatunki *Legionella*. Ta dysproporcja dotycząca częstości identyfikacji patogenów znajduje odzwierciedlenie w niskim stanie wiedzy dotyczącym pozostałych gatunków *Legionella*, których ekologia czy wirulencja zostały jak dotąd słabo poznane.

Genomy *Legionella* charakteryzują się złożoną architekturą, z chromosomem i licznymi plazmidami, które mogą znacznie różnić się pod względem wielkości i zawartości. Wykazano, że geny wspólne dla poszczególnych gatunków stanowią jedynie 15% całkowitej puli genowej tego rodzaju. Zmienność plazmidów wydaje się szczególnie interesująca, ponieważ stanowią one wektor tzw. horyzontalnego transferu genów, na drodze którego populacje bakterii efektywnie nabywają cechy wpływające na ich „fitness” w środowisku, co często wiąże się z uzyskaniem wysokiej wirulencji. Wiedza dotycząca plazmidów występujących w bakteriach *Legionella* jest fragmentaryczna. Brak jest informacji dotyczących mechanizmów odpowiedzialnych za ich utrzymywanie się w komórce, rozprzestrzenianie w populacji, jak również ich roli w ewolucji bakterii *Legionella*. Dodatkową trudnością jest złożony tryb życia *Legionella*, w którym faza replikacyjna przebiega wewnątrz komórki gospodarza eukariotycznego.

W ramach tego projektu chcemy odpowiedzieć na pytania, w jakim stopniu napędzane przez plazmidy, horyzontalny transfer genów i rekombinacja są odpowiedzialne za zmienność bakterii *Legionella*, mogącą prowadzić do pojawiania się w populacji szczepów chorobotwórczych. Aby to osiągnąć, planujemy, na drodze eksperymentów molekularnych i analiz bioinformatycznych zbudować obraz ogółu plazmidów (tzw. plazmidom) tej grupy bakterii, egzystujących w bezpośrednim otoczeniu człowieka (instalacje wodne). Obraz ten będzie zawierał informacje dotyczące stabilności i zdolności do rozprzestrzeniania się poszczególnych plazmidów, ich zawartości, współwystępowania i ko-ewolucji określonych układów genów, jak również częstości horyzontalnego transferu genów, zarówno pomiędzy różnymi bakteriami *Legionella* w środowisku, jak również wewnątrz komórki gospodarza eukariotycznego. Zakładamy, że uzyskane wyniki znacząco poszerzą wiedzę dotyczącą tej grupy bakterii, a także pozwolą na lepsze prognozowanie i zapobieganie potencjalnym wybuchom epidemii legionellozy w przyszłości.