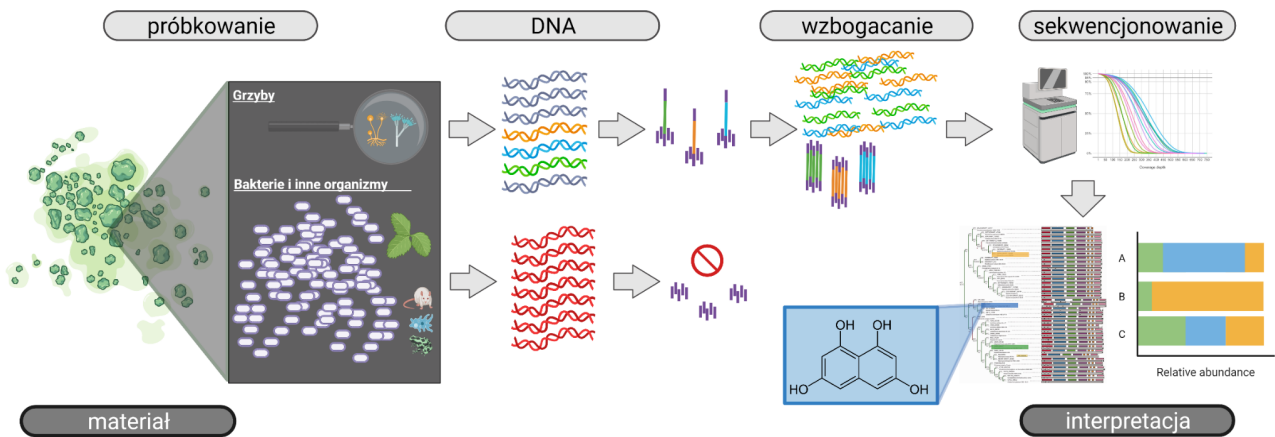


## RICHFUN - wzbogacanie i dekodowanie grzybowych klastrów biosyntetycznych w niskoobfitych mykobiomach związanych z roślinami



Rośliny dzielą przestrzeń z wieloma innymi organizmami, z których wiele jest niewidocznych (mikroorganizmy). W szczególności grzyby mogą występować w znacznie mniejszych ilościach niż wszechobecne bakterie, ale ich wpływ na środowisko może być nadal kluczowy. Często obojętne i niedostrzegalne, czasem korzystne, czasem szkodliwe – mikroskopijne grzyby wytwarzają wiele substancji, aby przetrwać.

Nasz projekt skupia się na poszukiwaniu w środowisku śladów tego, co pozwala grzybom wytwarzać różnorodne substancje. Poprzez metody biologii molekularnej - wzbogacanie oparte na hybrydyzacji i sekwencjonowanie nowej generacji DNA pobranego ze środowiska (eDNA) - chcemy szczegółowo zbadać obecność i częstość występowania odpowiedzialnych za biosyntezę części materiału genetycznego mykobiomu (czyli wszystkich grzybów obecnych w danym środowisku).

Ponieważ produkowane substancje są powiązane z historią przodków (filogenezą) tych sekwencji (klastrów genów biosyntezy, BGC), porównując nowe sekwencje z częściami już znanych grzybowych BGC, będziemy w stanie przewidzieć, co może powstać (potencjał biosyntetyczny). Najprawdopodobniej będziemy również w stanie zmierzyć, w jakich proporcjach występują różne szczepy grzybów-producentów (względną liczebność/obfitość w środowisku).

\* figura stworzona przy pomocy BioRender