

# **Genetyczne i transkryptomyczne podłoże fruktofilności bakterii kwasu mlekowego zasiedlających środowiska bogate w fruktozę**

**Źródło finansowania:** Narodowe Centrum Nauki

**Konkurs:** PRELUDIUM 15

**Podmiot/podmioty realizujący/realizujące:** Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

**Kierownik:** dr Klaudia Gustaw

**Nr projektu:** 2018/29/N/NZ9/00985

**Okres realizacji:** 24.01.2019 - 23.01.2023

**Wartość:** 210 000 zł

**Streszczenie:** Celem projektu jest zbadanie metabolizmu fruktofilnych bakterii kwasu mlekowego, a dokładniej wyjaśnienie zdolności do wykorzystywania fruktozy jako podstawowego źródła energii. Przyczyna tego nietypowego metabolizmu nie jest do końca wyjaśniona. Dotychczasowe badania wskazują, że jest to spowodowane utratą genów, np. *adhe*. Z uwagi na fakt, iż grupa ta jest niejednorodna, złożona z gatunków dwóch rodzajów *Fructobacillus* i *Lactobacillus*, powyższa informacja na temat utraty genów jest niepotwierdzona dla wszystkich znanych fruktofilnych przedstawicieli bakterii mlekowych. Chcemy zbadać metabolizm cukrów prostych tych bakterii i odpowiednio zdefiniować grupę FLAB. Wyizolowaliśmy nowe polskie szczepy gatunków bakterii należących do fruktofilnych bakterii mlekowych z różnych nisz ekologicznych, będą one stanowiły materiał badawczy w niniejszym projekcie. Zsekwencjonowano 5 genomów przedstawicieli fruktofilnych bakterii kwasu mlekowego. Zdeponowano sekwencję jak i surowe odczyty dostępne pod numerem projektu NCBI PRJNA751903, PRJNA754857. W tym uzyskano najlepsze złożenie sekwencji genomu referencyjnego *Apilactobacillus kunkeei* DSMZ 12361. Na podstawie uzyskanych wyników zaprojektowano eksperyment ekspresji genów RNAseq. Hodując bakterie w różnych warunkach, np. na pożywce z glukozą i na pożywce z fruktozą poznamy ekspresję genów w czasie rzeczywistym które są bezpośrednio zaangażowane w metabolizm. Porównano wzrost badanych bakterii na fruktozie i glukozie oraz określimy ilość zużytego cukru w czasie hodowli.

Uzyskane dane będziemy mogli porównać z już zsekwencjonowanym przez nas fruktofilnym gatunkiem bakterii mlekowych, wyizolowanym z miodu pitnego. Zaproponowane przez nas połączone badania na poziomie genetycznym, transkryptomycznym i fenotypowym dadzą pełen obraz fruktofilności badanej grupy bakterii. Wyniki tego projektu przyczynią się do poszerzenia wiedzy z mikrobiologii oraz pośrednio pozwolą na wyjaśnienie symbiozy pszczół z ich mikrobiomem.