„Metagenomowa analiza różnorodności toksycznych i nietoksycznych szczepów cyjanobakterii w matach cyjanobakteryjnych i skorupach glebowych w ekstremalnych środowiskach”

Dr hab. Iwona Jasser

Zakład Ekologii Mikroorganizmów

i Biotechnologii Środowiskowej

Instytut Botaniki

Uniwersytet Warszawski

ul. Żwirki i Wigury 101

Tel. 22 5526280

jasser.iwona@biol.uw.edu.pl

Dr hab. Paweł Górecki

Instytut Informatyki

Wydział Matematyki, Informatyki i Mechaniki,

Uniwersytet Warszawski

ul. Banacha 2

02-097 Warszawa

tel. 22 5544564

[gorecki@mimuw.edu.pl](mailto:gorecki@mimuw.edu.pl)

**Problem, hipotezy, cele**: Środowiska suche, pustynne i półpustynne, zajmują około 40% powierzchni lądów i ich zasięg powiększa się. W tych środowiskach maty mikrobialne (MM) i biologiczne skorupy glebowe (BSG), w warunkach ekstremalnych zdominowane często przez cyjanobakterie (sinice), są ważnymi producentami pierwotnymi. Cyjanobakterie produkują jednak różne związki, w tym silne trucizny (toksyny), które negatywnie wpływają na zwierzęta i ludzi, co stanowi ryzyko dla ludzi i zwierząt. Pierwsza hipoteza badawcza zakłada, że w niekorzystnych warunkach środowiskowych, spotęgowanych przez globalne zmiany klimatu, sinice będą reprezentowane przez genotypy zaadoptowane do tych ekstremalnych warunków, a ich rola jako producentów pierwotnych w ekosystemach suchych będzie rosła. Druga hipoteza przewiduje, że wraz z pogarszaniem się warunków będzie występowało więcej sinic zawierających geny odpowiadające za toksyczność lub/i produkcja toksyn będzie wyższa. Ryzyko związane ze wzrastającą rolą sinic w MM i w BSC będzie rosło w ekosystemach zmieniających się pod wpływem zmian klimatu.

**Celem projektu będzie**: 1) Rozpoznanie różnorodności gatunkowej cyjanobakterii występujących w warunkach ekstremalnych i mechanizmy adaptacji do tych warunków 2) Zbadanie potencjalnych możliwości sinic do produkcji toksyn na podstawie analizy genów toksyczności 3) Zbadanie czy geny toksyczności podlegają pozytywnej selekcji na drodze ewolucji.

**Metodyka badawcza**: Badania dotyczą cyjanobakterii tworzących MM i BSC na terenach pustynnych Pamiru Wschodniego (zimna pustynia górska) oraz na terenach depresyjnych gorących pustyń w Południowej Kalifornii. Główną część projektu będą stanowiły badania metagenomowe (NGS), a następnie analizy bioinformatyczne uzyskanych wyników, ujawniające rzeczywistą różnorodność środowiskową sinic. NGS pozwoli też wykryć obecność genów kodujących toksyny i toksyczność cyjanobakterii, pozwalając na oszacowanie ich udziału wśród wszystkich sinic w badanych środowiskach. Analizy *in situ* warunków środowiskowych, występowania i różnorodności sinic oraz właściwości ekofizjologicznych wyizolowanych szczepów dostarczą danych do weryfikacji hipotez badawczych i wyników analiz metagenomowych**.**

**Finansowanie**: Materiały do badań (MM i BSG) zostały pobrane, w czasie wypraw naukowych do Pamiru latem 2015 i do Południowej Kalifornii zimą 2015 (projekt UMO-2013/09/B/ST10/01662) oraz w do Pamiru Wschodniego i Południowej Kalifornii w 2017 roku (w ramach projektu OPUS 10 (2015/19/B/NZ9/00473) W sumie koszt projektu szacowany jest na około 200 000 PLN. **Interdyscyplinarny charakter projektu** polega na wykorzystaniu dwóch dziedzin wiedzy - biologii i informatyki. Hipotezy badawcze i cele projektu mają charakter ogólnoekologiczny. Do ich postawienia i weryfikacji oraz wyciągnięcia wniosków potrzebna jest wiedza z dziedziny hydrobiologii, ekologii cyjanobakterii oraz doświadczenie w badaniach środowiskowych i terenowych. Ta część badań będzie prowadzona pod kierunkiem dr hab. Iwony Jasser, która specjalizuje się w badaniach mikroorganizmów wodnych w tym toksycznych cyjanobakterii. Różnorodność cyjanobakterii będzie badania na podstawie sekwencjonowania nowej generacji (NGS). Stosowane w metagenomice metody badawcze to zaawansowane techniki analityczne z dziedziny bioinformatyki, które są odmienną dziedziną wiedzy niż ekologia. NGS dostarczy miliardów sekwencji, których analiza wymaga stosowania zaawansowanych metod obliczeniowych i informatycznych a następnie filogenetycznych. Ta część badań realizowana będzie pod kierunkiem dr hab. Pawła Góreckiego. Współpraca dr hab. Iwony Jasser i Jej zespołu z Uniwersytetem Kalifornijskim w Irvine (UCI) umożliwi staż na UCI. Preferowany kandydat powinien mieć wykształcenie matematyczne i informatyczne lub bioinformatyczne oraz podstawową wiedzę biologiczną, którą będzie mógł pogłębić w trakcie prac nad doktoratem. Kandydat powinien posiadać umiejętność posługiwania się narzędziami informatycznymi, pisania skryptów w szczególności w systemie Unix/Linux oraz sprawność w programowaniu w Pythonie. W zakresie rozwijania narzędzi obliczeniowych dodatkowo miło widziana umiejętność programowania w języku C lub pokrewnym.