

Grzegorz Nowicki

**Charakterystyka porównawcza nowo odkrytych bakteriofagów phD2B i En2
zakażających *Enterobacter nimipressuralis***

STRESZCZENIE

Bakteriofagi – wirusy bakteryjne, należą do najbardziej rozpowszechnionych i zróżnicowanych cząstek biologicznych występujących w ekosystemach, obecne są wszędzie tam gdzie wykryto bakterie.

Zainteresowanie bakteriofagami wciąż wzrasta, ze względu na ich rolę jaką odgrywają w funkcjonowaniu naturalnych zbiorowisk, a także możliwość ich zastosowania przeciw patogennym bakteriom, często opornym na antybiotyki.

W trakcie badań, z ekosystemów wodnych wyizolowano, zidentyfikowano i scharakteryzowano dwa nieznane dotychczas bakteriofagi zakażające *Enterobacter nimipressuralis* (syn. *Lelliottia nimipressuralis*) – bakterie zaangażowaną w procesy patogenezы roślin. Nowo odkryte bakteriofagi phD2B i En2, są pierwszymi wirusami, według dostępnej literatury zakażającymi bakterie z gatunku *Enterobacter nimipressuralis* (syn. *Lelliottia nimipressuralis*).

Badania nad charakterystyką nowo odkrytych fagów rozpoczęto od opisania ich morfologii w oparciu o dane uzyskane techniką mikroskopii elektronowej. Następnie przystąpiono do poznania: struktury i organizacji genomów oraz analizy fagowych proteomów.

W genomie bakteriofaga phD2B zidentyfikowano 49 genów, natomiast w genomie faga En2 292 genów kodujących białka i 8 genów tRNA oraz poznano funkcje odpowiednio 53% i 37% tych genów. Uzyskane dane pozwoliły na określenie pozycji taksonomicznej nowo odkrytych bakteriofagów i zaliczenie faga phD2B do rodzaju SP6-like, a En2 do rodzaju T4-like. W kolejnym etapie analiz prześledzono rearanżacje genomów w grupach fagów najbliżej spokrewnionych z nowo odkrytymi bakteriofagami phD2B i En2 oraz potwierdzono pozycje taksonomiczne obu bakteriofagów wykorzystując metody filogenetyki molekularnej. W genomie faga phD2B odkryto nietypową cechę, jaką jest obecność intronu w genie kodującym dużą podjednostkę terminazy. Analizy proteomiczne umożliwiły potwierdzenie aktywności białek enzymatycznych o znaczącym potencjale aplikacyjnym.

Białka te zaangażowane w degradację peptydoglikanu, uczestniczą zarówno w etapach wnikania wirusowego materiału genetycznego do komórki bakteryjnej jak i uwalniania wirionów potomnych w ostatnim etapie cyklu replikacyjnego wirusów. Uzyskane metodą tandemowej spektrometrii mas dane proteomiczne stanowią źródło wielu cennych informacji na temat ekspresji genów kodowanych przez bakteriofagi, pozwalając na potwierdzenie ekspresji 84% przewidzianych w genomie faga phD2B genów oraz 37% genów faga En2. Ponadto analiza proteomiczna kapsydów badanych wirusów wskazuje na obecność nowych, nieznanych białek mogących pełnić istotną rolę w strukturze kapsydów. U bakteriofaga phD2B białka te mogą być zaangażowane w procesy niszczenia składników biofilmów.