

Tytuł: „Genomika, charakterystyka fenotypowa oraz analiza mikrobiomu jadalnych cyjanobakterii z rodzaju *Arthrospira*”

Promotor: Dr hab. Małgorzata Waleron

Obszar wiedzy: Nauki Przyrodnicze

Dziedzina: Nauki Biologiczne

Dyscyplina: Biochemia

Streszczenie

Wstęp: Cyjanobakterie są kosmopolitycznymi pionierskimi organizmami ekstremofilnymi zdolnymi do przeprowadzania procesu fotosyntezy. Trychomy rodzaju *Arthrospira* charakteryzują się wielokomórkową nitkowatą budową, występują w formie planktonicznej lub tworzą maty. Rodzaj ten można spotkać w słonych alkalicznych zbiornikach wodnych znajdujących się na obszarach tropikalnych i subtropikalnych. Bakterie z rodzaju *Arthrospira* stały się obiektem badań w wyniku potencjalnych możliwości zastosowania biomasy np. spożycia jako suplementu diety, produkcji jadalnych pigmentów lub różnych substancji chemicznych. Jak dotąd, w oparciu o morfologię i pochodzenie geograficzne wyodrębniono ponad 20 gatunków tego rodzaju. Natomiast przeprowadzone badania genetyczne dzielą rodzaj *Arthrospira* na dwa lub trzy klady. Jednak jak dotąd taksonomia i nomenklatura tego rodzaju nie zostały zaktualizowane na podstawie tych obserwacji.

Cele: (1) Charakterystyka genomyczna rodzaju *Arthrospira* w oparciu o osiem dostępnych publicznie i pięciu przedstawionych w ramach tej pracy genomów, (2) analizy fenomiczne zmian w składzie biomasy *Arthrospira* hodowanej w warunkach wybranego stresu, (3) analiza bioróżnorodności Arthrobiom'u: bakterii koegzystujących w środowisku i powiązanych z rodzajem *Arthrospira*

Wyniki i wnioski: Przeprowadzono sekwencjonowanie, a następnie złożono i opisano sekwencję genomów pięciu szczepów cyjanobakterii z rodzaju *Arthrospira*, reprezentujących odmienne genotypy ustalone na bazie sekwencji ITS (ang. internal transcribed spacer). Jedna z tych sekwencji wywodziła się z unikalnego szczepu O9.13F wyizolowanego ze zbiornika wodnego znajdującego się na Syberii. Izolat ten posiadał nietypową mozaikową (I.B/III) strukturę sekwencji ITS. Następnie przeprowadzono analizę fenotypową i fylogenomiczną rodzaju *Arthrospira* w oparciu o 13 genomów. Wyniki analiz filogenetycznych opartych na sekwencjach trzech markerów, 16S rRNA, ITS i *cpcBA*-IGS, pozwoliły na podzielenie rodzaju na dwa lub trzy klady. Jednak z powodu powszechnego u cyjanobakterii zjawiska rekombinacji genetycznej oraz horyzontalnego transferu genów zauważono pewne rozbieżności w pozycji niektórych analizowanych szczepów. Metody filogenomiczne - ANI i *isDDH* oraz filogeneza oparta na sekwencjach najbardziej konserwowanych białek wykazały, że rodzaj *Arthrospira* można podzielić na dwa klady odpowiadające odpowiednio

klastrom ITS I+III i II. Ponadto uzyskane wartości ANI i *isDDH* wskazały, że kłady odpowiadają dwóm odrębnym gatunkom. Dodatkowo analiza pan-genomu wykazała większe podobieństwo szczepów w obrębie kładów niż pomiędzy nimi. Profile kwasów tłuszczowych 15 szczepów *Arthrospira* były specyficzne dla szczepów i dlatego ten marker chemotaksonomiczny nie mógł służyć jako uzupełnienie analiz filogenetycznych. Zmiana temperatury hodowli nie wpłynęła na skład kwasów tłuszczowych. Natomiast zwiększenie zasolenia pożywki hodowlanej spowodowało zmianę proporcji kwasu gamma linolenowego na korzyść kwasów palmitynowego i cis-wakcenenowego. Badanie bioróżnorodności bakterii powiązanych z rodzajem *Arthrospira* przeprowadzono dla trzech próbek: świeżej, komercyjnej i liofilizowanej biomasy. Wykazano dużą zbieżność w składzie grup odkrytych mikroorganizmów z taksonami, które obserwowano w środowisku naturalnym cyjanobakterii z rodzaju *Arthrospira*. Z szeregu izolatów bakteryjnych pozyskanych z hodowli laboratoryjnej różnych szczepów *Arthrospira* wybrano pięć do analiz sekwencji genomów. Jeden z rodzajów wyizolowanych bakterii towarzyszących *Arthrospira* został wytypowany do dokładniejszych analiz, na podstawie których zaproponowano wyodrębnienie nowego rodzaju i gatunku - *Arthrospirobacter rubrum* gen. nov., sp. nov.