Projekt 3.2 Ultra-wysokoprzepustowe multimodalne profilowanie pojedynczych bakterii do badań mikrobiomów (eksperymentalny)

Promotor: prof. dr hab. Maciej Wojtkowski / dr Marcin Tabaka
Instytut: Instytut Chemii Fizycznej PAN
Zespół: Zespół 3. Optyka Fizyczna i Biofotonika – prof. dr hab. Maciej Wojtkowski
www: icter.pl

Opis:

Bakterie zamieszkują niemal każdą część ludzkiego ciała, żyjąc na przykład w jelitach, na oku i skórze, w łącznej liczbie dziesiątek bilionów komórek. Szacunki sugerują, że w ludzkim ciele żyje ponad dziesięć tysięcy gatunków bakterii, tworząc złożoną społeczność zwaną mikrobiotą. Z perspektywy genetycznej i funkcjonalnej, ta społeczność określana jest mianem mikrobiomu. Liczba ta jest stale powiększana, ponieważ naukowcy odkrywają nowe gatunki. Z drugiej strony, całkowitą liczbę gatunków bakterii żyjących na Ziemi szacuje się na ponad 1 bilion. Jednak tylko 660 000 gatunków ma określony genom, co oznacza, że 99,99993% gatunków bakterii pozostaje nieodkrytych. Mikrobiom, w szczególności mikrobiom jelitowy, odgrywa zaskakująco dużą rolę w naszym ogólnym zdrowiu. Mikrobiom jelitowy pomaga rozkładać żywność, umożliwiając nam skuteczne wchłanianie składników odżywczych; pomaga regulować układ odpornościowy, zwalczając szkodliwe bakterie i zapobiegając stanom zapalnym. Badania sugerują, że mikrobiom jelitowy może wpływać na funkcjonowanie mózgu i zdrowie psychiczne. Z drugiej strony, brak równowagi w mikrobiocie jelitowej został powiązany z różnymi schorzeniami, w tym otyłością, chorobami serca, cukrzycą, a nawet niektórymi nowotworami. Związek między mikrobiomem a otyłością jest złożony. Osoby otyłe mają zwykle inny skład mikrobioty jelitowej niż osoby szczupłe. Często obejmuje to mniejszą różnorodność bakterii i zmianę proporcji niektórych rodzajów bakterii. Co więcej, mikrobiom jelitowy odgrywa rolę w regulowaniu sposobu, w jaki nasz organizm pozyskuje energię z pożywienia. Chociaż dokładny związek przyczynowo-skutkowy z otyłością jest obecnie badany, zrozumienie tego związku toruje drogę do potencjalnych przyszłych interwencji.

Cel projektu:

Planujemy opracować nowe, potężne narzędzie, które może badać każdą pojedynczą bakterię w społeczności, takiej jak mikrobiom jelitowy. Narzędzie to będzie analizować zarówno DNA bakterii, jak i jej aktywne geny. Opracujemy to narzędzie, łącząc najnowocześniejsze techniki z zakresu chemii, fizyki i genetyki. Oto jak to działa: Możemy analizować setki tysięcy bakterii jednocześnie, tak jakbyśmy pobierali gigantyczny odcisk palca ich DNA i genów. Używamy specjalnych etykiet do śledzenia każdej bakterii i sekwencjonowania jej całego kodu genetycznego, wraz z tym, które geny są włączone. Pozwala nam to zobaczyć nie tylko, jaki rodzaj bakterii jest obecny (na poziomie gatunku), ale także co robi każda pojedyncza bakteria (na poziomie stanu komórki). Technologia ta zmieni zasady gry w zrozumieniu mikrobiomu. Przypomina to tworzenie szczegółowych map zdrowego i chorego mikrobiomu, ujawniając nie tylko skład mikrobiomu, ale także to, które biologiczne lub bardziej szczegółowo.

Wymagania:

- tytuł magistra (M.Sc.) w dziedzinie mikrobiologii, biotechnologii, biologii, genomiki, medycyny lub pokrewnej dziedziny;
- dobra znajomość i biegłość w technikach mikrobiologii, biologii molekularnej i komórkowej;
- znajomość podstaw technologii sekwencjonowania nowej generacji.