**Projekt 3.3 Ultra-wysokoprzepustowe multimodalne profilowanie pojedynczych bakterii do badań mikrobiomów (obliczeniowy)**

**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 nowatorskie narzędzie, które pozwoli badać pojedyncze bakterie w społeczności, takiej jak mikrobiom jelitowy. Narzędzie to będzie analizować zarówno DNA bakterii (czyli jej plan genetyczny), jak i aktywne geny (czyli instrukcje, które są w danym momencie używane). Tworzymy to narzędzie, łącząc najnowocześniejsze techniki z zakresu chemii, fizyki i genetyki. Jak to działa: możemy analizować setki tysięcy bakterii jednocześnie, jakbyśmy pobierali ich ogromny odcisk palca — obejmujący zarówno DNA, jak i ekspresję genów. Używamy specjalnych znaczników do śledzenia każdej bakterii i sekwencjonowania jej pełnego kodu genetycznego, wraz z informacją o tym, które geny są aktywne. Pozwala nam to zobaczyć nie tylko, jakie gatunki bakterii są obecne (na poziomie gatunku), ale także co robi każda pojedyncza komórka (na poziomie stanu komórkowego). Dodatkowo opracujemy nowy pipeline obliczeniowy do wstępnego przetwarzania i analizy surowych danych generowanych w projekcie. Skoncentrujemy się na rekonstrukcji i identyfikacji genomów oraz charakterystyce stanów komórkowych dla każdego gatunku bakterii. Wykorzystamy także podejście oparte na uczeniu głębokim — potężnej technice sztucznej inteligencji — do analizy złożonych interakcji pomiędzy produktami genów bakterii. Pomoże nam to zrozumieć szlaki biologiczne aktywne w każdej pojedynczej komórce, czyli odkryć, jakie procesy zachodzą wewnątrz każdej bakterii. Metoda zostanie gruntownie zweryfikowana w wielu eksperymentach na modelowych bakteriach.

**Wymagania:**

- tytuł magistra (M.Sc.) w dziedzinie matematyki, statystyki, fizyki, informatyki, bioinformatyki, biologii obliczeniowej lub pokrewnej dziedziny ilościowej;
- biegła znajomość języka Python;
- znajomość narzędzi wiersza poleceń Unix;
- dobra wiedza z zakresu statystyki i uczenia maszynowego;
- znajomość narzędzi bioinformatycznych.