

Temos pavadinimas

Bakterinių priešvirusinių gynybos sistemų funkciniai tyrimai

Aprašymas:

Evoliucijos eigoje bakterijose susiformavo platus spektras priešvirusinių apsaugos sistemų. Bioinformatikos ir didelio našumo eksperimentinių metodų pažanga sudarė galimybes identifikuoti daugiau nei 200 potencialių bakterinių gynybos sistemų. Klasikinės sistemos, tokios kaip restrikcijos-modifikacijos ir CRISPR–Cas9, yra plačiai ištirtos ir sėkmingai pritaikytos genomo inžinerijoje bei genomų redagavimo technologijose. Tačiau, nors pastaraisiais metais reikšmingai išaugo žinios apie naujai atrastų antivirusinių sistemų veikimo mechanizmus, įskaitant signalines sistemas (CBASS, CRISPR–Cas10, Kongming, Pycsar, Thoeris) ir kitas bakterinio imuniteto sistemas, tokias kaip Gabija, Hachiman, Hailong, PARIS, Septu, Zorya, dauguma šių gynybos mechanizmų vis dar išlieka neharakterizuoti. Šių sistemų molekulinį veikimo ir inhibicijos mechanizmų išaiškinimas gali sudaryti prielaidas naujų biotechnologinių įrankių ir antibakterinių strategijų kūrimui.

Doktorantūros studijų metu bus tiriamas pasirinktos bakterinės antivirusinės gynybos sistemos veikimo mechanizmas, taikant funkcinius biocheminius ir biofizinius metodus, bei struktūrinės biologijos metodikas. Šią strategiją sėkmingai panaudojome tirdami CRISPR–Cas10 molekulinis mechanizmus. Vilniaus universiteto Gyvybės mokslų centras turi visą reikalingą infrastruktūrą planuojamiems tyrimams atlikti.

Title of the topic

Functional studies of bacterial antiviral defense systems

Abstract:

Bacteriophages are a major cause of bacterial mortality, exerting strong evolutionary pressure that has driven the emergence of diverse bacterial antiviral defense systems. Advances in bioinformatics and high-throughput screening have led to the identification of more than 200 putative bacterial defense systems. Classical systems such as CRISPR–Cas9 and restriction-modification have been extensively characterized and widely applied as genome engineering and genome editing tools. However, despite significant progress in recent years in elucidating the mechanisms of several antiviral systems, including signaling-based defenses (CBASS, CRISPR–Cas10, Kongming, Pycsar, Thoeris) and other immunity systems such as Gabija, Hachiman, Hailong, PARIS, Septu, Zorya, most of these defense mechanisms remain poorly understood. Elucidating the molecular mechanisms and inhibition strategies of these systems may enable the development of novel biotechnological tools and antibacterial approaches.

During the PhD studies, the molecular mechanism of a selected bacterial antiviral defense system will be investigated using functional biochemistry and biophysical assays and structural biology methods. We have previously applied a similar integrative approach successfully to the study of signaling CRISPR–Cas10 systems. The Vilnius University Life Sciences Center provides the necessary infrastructure to conduct the proposed research.

Mokslinis vadovas / supervisor:

dr. Gintautas Tamulaitis