

Tytuł: „Charakterystyka bioróżnorodności i pan-genomu bakteryjnych patogenów roślin z gatunku *Pectobacterium parmentieri*”

Promotor: Prof. dr hab. Ewa Łojkowska

Kopromotor: Prof. Alessio Mengoni

Promotor pomocniczy: Dr Wojciech Śledź

Obszar wiedzy: Nauki Przyrodnicze

Dziedzina: Nauki Biologiczne

Dyscyplina: Biochemia

Streszczenie

Pectobacterium parmentieri (wcześniej opisywane jako wirulentne *Pectobacterium carotovorum* subsp. *carotovorum* lub *Pectobacterium wasabiae*) to fitopatogenne, pektynolityczne bakterie, klasyfikowane do rodziny *Pectobacteriaceae*. Szczepy *P. parmentieri* to Gram ujemne nekrotrofy, niszczące składniki ścian komórkowych roślin dzięki aktywności enzymów takich jak: pektynazy, celulazy i proteazy wydzielane przez systemy sekrecyjne typu I lub typu II.

Bakterie z rodzaju *Pectobacterium* zaliczono do dziesięciu najważniejszych bakteryjnych patogenów roślin, podkreślając ich znaczący wpływ na straty nie tylko w sektorze produkcji ziemniaków, ale także, w uprawie innych ważnych ze względów gospodarczych roślinach uprawnych tj. roślinach dwuliściennych z 11 rzędów i 16 rodzin i roślinach jednoliściennych z 6 rzędów z 11 rodzin.

Jakkolwiek bakterie z gatunku *P. parmentieri* powodują objawy chorobowe na roślinach uprawnych w wielu krajach Europy, Oceanii i Ameryki Północnej, do tej pory nie przeprowadzono kompleksowych badań nad strukturą populacji, różnorodnością biologiczną, strukturą genomu i charakterystyką pan-genomu *P. parmentieri*.

Prezentowana rozprawa doktorska przedstawia szczegółową analizę tego gatunku koncentrującą się na charakterystyce fenotypowej i genomowej szczepów *P. parmentieri* izolowanych z plantacji nasiennych ziemniaka w Polsce.

W publikacjach wchodzących w skład rozprawy doktorskiej podjęto badania w kilku kierunkach. W wyniku monitorowania bakterii pektynolitycznych w Polsce stwierdzono, iż *P. parmentieri* jest drugim najczęściej identyfikowanym fitopatogenem na plantacjach nasiennych ziemniaka – stanowi około 27% populacji bakterii pektynolitycznych. Następnie, przeprowadzono kompleksową charakterystykę fenotypową i genotypową ok. 90 izolatów środowiskowych *P. parmentieri*.

Uzyskano sekwencje genomowe 12 szczepów (10 izolowanych w Polsce i 2 izolowanych w Belgii) a w kolejnym etapie opracowano i zwalidowano procedurę składania *de novo* genomów tego gatunku. Na podstawie analizy 12 *de novo* złożonych genomów szczepów *P. parmentieri* oraz 3 genomów szczepów referencyjnych izolowanych w Finlandii, USA i Francji, wykazano obecność dużej liczby mobilnych elementów genetycznych, wysoką plastyczność genomu oraz scharakteryzowano pangenom *P. parmentieri*.

Uzyskane wyniki dostarczyły wiedzy na temat zmienności w obrębie patogenomu, która warunkuje różnice w obrębie cech fenotypowych istotnych dla powodzenia infekcji. Reasumując przedstawiona w ramach rozprawy doktorskiej porównawcza analiza fenotypowa i genomowa bakterii z gatunku *P. parmentieri* wskazuje na wysoką plastyczność tego gatunku wpływającą na zdolność do adaptacji i wywoływania objawów chorobowych na roślinach w różnych strefach klimatycznych.