

**Tytuł: Rola właściwości metabolicznych, morfologicznych i genetycznych grzybów *Neosartorya* spp. w kształtowaniu ich odporności na związki konserwujące, chemiczne oraz naturalne ekstrakty roślinne**

Promotor: prof. dr hab. Magdalena Frąć

Promotor pomocniczy: dr Giorgia Pertile

Stypendium w ramach projektu PRELUDIUM-BIS

**Celem projektu jest określenie roli właściwości metabolicznych, morfologicznych i genetycznych grzybów *Neosartorya* spp. w kształtowaniu ich odporności na związki konserwujące, chemiczne oraz naturalne ekstrakty roślinne.**

**Szczegółowe cele projektu obejmują:**

- określenie wrażliwości grzybów *Neosartorya* spp. na konserwanty i ekstrakty roślinne;
- określenie wrażliwości chemicznej, właściwości metabolicznych i morfologicznych, wybranych izolatów *Neosartorya* spp. o różnej wrażliwości na konserwanty i naturalne ekstrakty roślinne;
- określenie wpływu ekstraktów roślinnych na fenotyp, łącznie z określeniem profilu metabolicznego i cech morfologicznych;
- przeprowadzenie analizy genomu oraz transkryptów wybranych izolatów *Neosartorya* spp. najbardziej i najmniej wrażliwych na działanie konserwantów i naturalnych ekstraktów roślinnych.

W ramach projektu realizowane będą badania interdyscyplinarne obejmujące następujące dziedziny i obszary nauki: agronomię, mikrobiologię, mykologię, biochemię, biologię molekularną i bioinformatykę.

*Neosartorya* spp. należy do pleśni, wytwarzających odporne na działanie wysokiej temperatury struktury - zarodniki workowe (askospory). Są one w stanie przetrwać 75° C, 80° C, 95° C, a nawet 100° C przez kilka minut, a zaczynają kiełkować po ekspozycji na temperaturę 60-65° C. Te właściwości powodują, że grzyby te są w stanie przetrwać proces pasteryzacji, co sprawia, że zanieczyszczone surowce rolnicze mogą być źródłem kontaminacji przetworzonych produktów owocowych. W warunkach naturalnych organizmy te występują w glebie i resztkach roślinnych, ale opisane w literaturze występowanie *Neosartorya* spp. związane jest również z owocami, głównie truskawkami, winogronem i jabłkami, a także sokami i przetworami owocowymi, warzywami, liniami produkcyjnymi i opakowaniami.

Sektor owoców miękkich, a szczególnie produkcja truskawek, pełnią bardzo ważną rolę w światowej produkcji rolniczej i ogrodniczej. Biorąc pod uwagę fakt, że Polska jest jednym z największych producentów truskawek w Europie, produkcja wysokiej jakości surowca jest kluczowa zarówno w przetwórstwie krajowym, jak też eksportowym. Dlatego też badania pleśni ciepłoopornych, które mogą znaleźć się w uprawach, powinny być jednym z kluczowych obszarów rozpatrywanych w kontekście bezpieczeństwa i jakości surowców, półproduktów, produktów i przetworów owocowych. **Badania proponowane w ramach projektu związane są z podstawami naukowymi naturalnych ekstraktów roślinnych i konserwantów, które mogłyby znaleźć zastosowanie w rolnictwie jako aktywne substancje stosowane w kontrolowaniu występowania tych organizmów w uprawach roślin, co jest bardzo istotne w kontekście najnowszych strategii Unii Europejskiej – Europejskiego Zielonego Ładu i Strategii o Bioróżnorodności do 2030 roku, które zakładają zwiększenie upraw ekologicznych oraz zmniejszenie chemizacji rolnictwa.**

W literaturze dostępne są fragmentaryczne informacje dotyczące wrażliwości chemicznej, w tym działania konserwantów i ekstraktów roślinnych wobec *Neosartorya* spp. oraz brak jest danych opisujących zmiany metaboliczne i morfologiczne tego grzyba pod wpływem działania związków chemicznych, konserwantów i ekstraktów roślinnych, co wskazuje na konieczność badań podstawowych w tym zakresie, żeby określić spektrum związków, powodujących zmiany właściwości, zahamowanie wzrostu lub śmierć tego grzyba. Metoda mikromacierzy fenotypowych, umożliwiającą jednoczesną analizę setek, a nawet tysięcy fenotypów, bazując na zastosowaniu różnych związków chemicznych i barwników oksydo-redukcyjnych, daje szerokie spektrum możliwości w zakresie charakterystyki fenotypowej mikroorganizmów, w tym grzybów termoopornych. W ramach realizacji projektu zostanie przeprowadzona analiza różnicowej ekspresji genów, a zgromadzone dane będą przedmiotem kompleksowej analizy bioinformatycznej.