

Mgr Katarzyna Giermasińska-Buczek
Katedra Biochemii i Mikrobiologii
Instytut Biologii

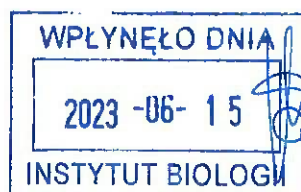
Streszczenie

Temat rozprawy doktorskiej: Wybrane interakcje bakteriofaga P1 z *Pantoea agglomerans* i *Agrobacterium tumefaciens* w kontekście możliwości wykorzystania P1 jako narzędzia genetycznego w badaniach tych bakterii

Selected interactions of bacteriophage P1 with *Pantoea agglomerans* and *Agrobacterium tumefaciens* in the context of the possibility of using P1 as a genetic tool in the study of these bacteria

P1 to łagodny bakteriofag infekujący *Enterobacteriaceae* i *Rhizobiaceae*. Rozwija się litycznie lub tworzy lizogeny, w których egzystuje jako kolisty plazmid-profag. Jego duży genom (94 kbp), szeroki zakres gospodarzy, plazmidowa forma profaga i bogactwo kodowanych funkcji czynią go atrakcyjnym narzędziem genetycznym w badaniach i inżynierii bakterii. W tej pracy określono po raz pierwszy udział kasety parcyjnej i addykcyjnej w stabilności profaga P1. Za pomocą insercji w sekwencji *IS1* oraz genach *pdcB* i *phddoc*, pokazano, że są to rejony DNA P1 dogodne do wstawiania obcego DNA. Wykorzystując jeden z nich w fagu P1 i homologicznym fagu P7 wykazano, że fagi te mogą przenosić pochodne plazmidu RK2 do epifitycznego szczepu *P. agglomerans* L15 i szczepu *A. tumefaciens* GV3101. Próby lizogenizacji L15 przez P1 nie powiodły się. Po ustaleniu sekwencji DNA tego szczepu zidentyfikowano w nim 3 duże plazmidy, z których dwa mogłyby być przyczynami niepowodzeń w lizogenizacji dzięki ich niekompatybilności parcyjnej i rekombinacyjnej z profagem P1. Wyleczenie szczepu L15 z największych plazmidów wskazało na najmniejszy plazmid jako przyczynę tych niepowodzeń.

P1 is a temperate phage, which infects *Enterobacteriaceae* and *Rhizobiaceae*. It develops lytically and forms lysogens, in which it exists as a circular plasmid-prophage. Its large genome (94 kb), wide host range, the plasmidial form of prophage and the richness of encoded functions make it an attractive genetic tool in studies and bacterial engineering. In this work the contribution of P1 partition and addiction cassette to the stability of P1 was determined for the first time. By insertions in the *IS1* sequence and *pdcB* and *phddoc* genes it was shown that these P1 genome regions are suitable for the introduction of foreign DNA. Using one of them in P1 and related phage P7 it was shown that these phages can transfer the derivatives of RK2 plasmid to epiphytic *P. agglomerans* strain L15 and *A. tumefaciens* strain GV3101. Attempts to lysogenize L15 with P1 failed. Three large plasmids were identified upon the DNA sequence determination of this strain. Two of them may be reasons for these failures owing to their partition and replication incompatibility with P1. Curing the L15 strain from the two largest plasmids indicated the smallest plasmid as the reason of this failure.



Katarzyna Giermasińska-Buczek