

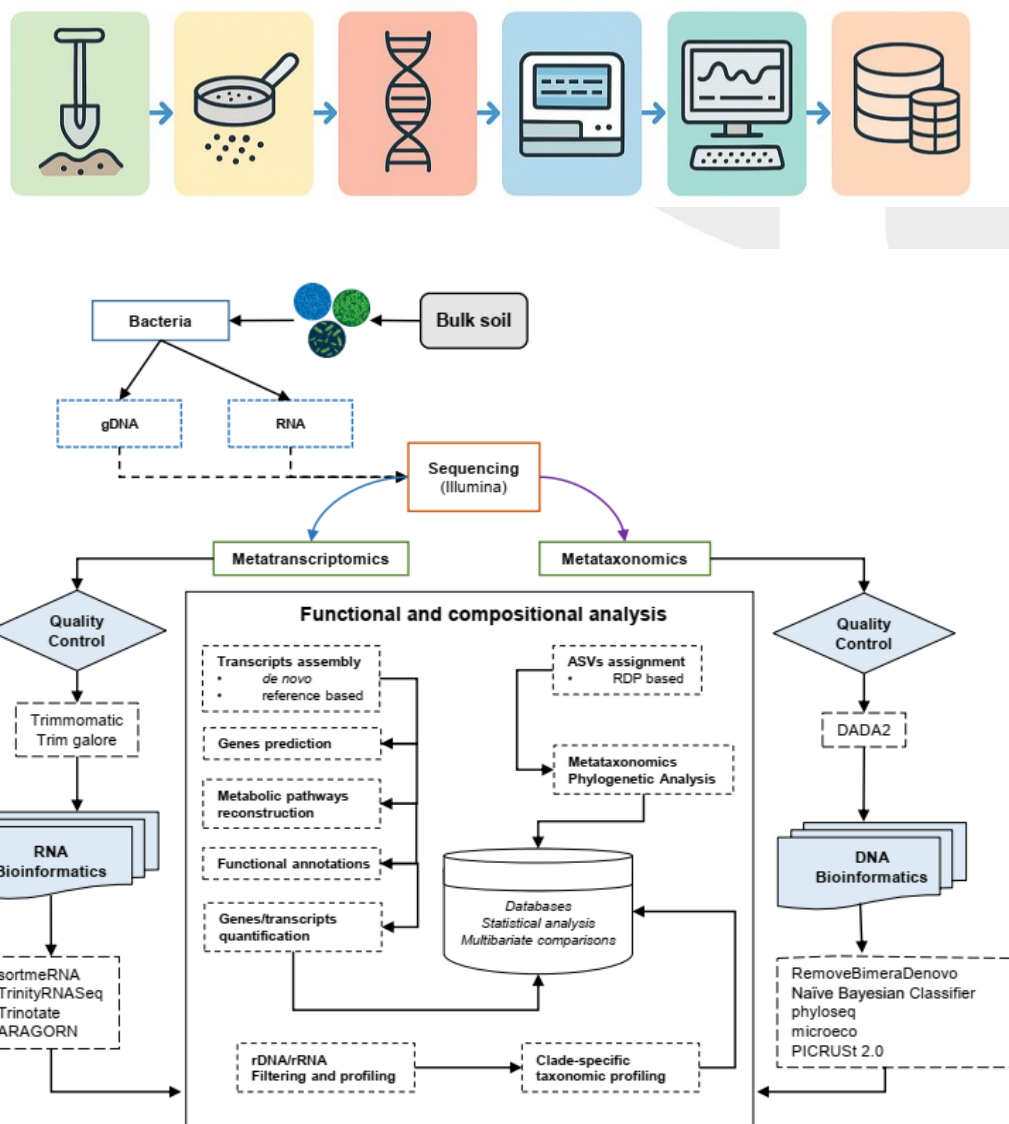
Monitorowanie i wykrywanie zanieczyszczeń biotycznych i abiotycznych przez elektroniczne, roślinne i oparte na mikroorganizmach wskaźniki (Mobiles)

Katarzyna Wiejak¹, Anna Marzec – Grządziel¹

¹ Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, Puławy, Zakład Mikrobiologii

kwiejak@iung.pulawy.pl
agrzaziel@iung.pulawy.pl

W projekcie **Mobiles** zostaną opracowane zaawansowane biosensory do monitorowania zanieczyszczeń organicznych, takich jak **pestycydy** i **hormony**, oraz **mikroorganizmów** opornych na **antybiotyki** w **wodzie**, **glebie** i **powietrzu**. Dodatkowo zostaną rozwinięte biosensory oparte na **organizmach**, takich jak **genetycznie modyfikowane bakterie chemiluminescencyjne**, zdolne do detekcji **antybiotyków**, **metali ciężkich** i **pestycydów** w wodzie, oraz rośliny zmieniające barwę w obecności **arsenu** w glebie. **Zakład Mikrobiologii IUNG – PIB** bierze udział w ocenie **różnorodności genetycznej** oraz **identyfikacji mikroorganizmów** w glebach **skażonych** różnymi zanieczyszczeniami. Uczestniczy w analizie **metagenomicznej** oraz **metatranskryptomicznej** mikroorganizmów zanieczyszczonych obszarów, wspierając sekwencjonowanie i analizę bioinformatyczną danych genetycznych. Zakład Mikrobiologii IUNG – PIB będzie odpowiedzialny za przygotowanie protokołu **poboru próbek gleby**, ich przygotowanie (przesianie), **ekstrakcję DNA/RNA** i współpracę przy sekwencjonowaniu materiału genetycznego i analizie bioinformatycznej. Ekstrakcja DNA zostanie przeprowadzona z wykorzystaniem zestawu FastDNA™ Spin Kit for Soil DNA Extraction. RNA zostanie wyizolowane przy użyciu zestawu RNeasy PowerSoil Total RNA Kit. Stężenie DNA i RNA zostanie sprawdzone metodą fluorometryczną. Jakość RNA zostanie sprawdzona z wykorzystaniem TapeStation System. Analiza metataksonomiczna wykonana zostanie wykorzystując sekwencjonowanie Illumina 2x250nt, sekwencjonowanie RNA zostanie przeprowadzone w technologii Illumina 2x150nt. W analizie bioinformatycznej wykorzystany zostanie *pipeline* (Ryc.1).



Ryc 1 Pipeline do analizy bioinformatycznej w projekcie Mobiles

