

Co můžeme vyčíst z genomu kvasinek žijících v trávicí soustavě lýkožrouta smrkového

BARBORA KŘÍŽKOVÁ

Mikrobiologický ústav AV ČR, Vídeňská 1083, 142 00 Praha 4
b.krizkova@gmail.com

S rozvojem technologií je stále jednodušší získat úplný genom jakéhokoliv organismu a nahlédnout tak na jeho roli v ekosystému a biotechnologické využití. Funkční anotace genomů však stále narážejí na neúplnost databází a alternativní funkce anotovaných enzymů, což znesnadňuje interpretaci dat. Pro zjištění funkční role dominantních kvasinek patřících do střevního společenstva kůrovce lýkožrouta smrkového (*Ips typographus*) jsme proto spojili tři nezávislé přístupy: genomová data, in vitro enzymatické testy a analýzu metatranskriptomu, což přineslo jedinečný vhled do významu těchto kvasinek pro samotného kůrovce i do vztahů mezi mikroorganismy v rámci jeho trávicí soustavy.

U pěti druhů kvasinek, *Kuraishia molischiana*, *Nakazawaea ambrosiae*, *Ogataea ramenticola*, *Wickerhamomyces bisporus* a *Cryptococcus* sp., izolovaných ze střeva lýkožrouta smrkového, byly v genomech nalezeny kompletní dráhy pro štěpení buněčné stěny rostlin a hub, syntézu esenciálních aminokyselin a vitamínu B6, což naznačuje jejich klíčovou roli pro úspěšný vývoj tohoto škůdce.

Nakolik tato zjištění odpovídají reálné funkci, ilustruje in vitro analýza enzymů typu CAZymes (Carbohydrate Active enZymes), tedy enzymů zapojených do rozkladu, biosyntézy a modifikaci sacharidů. Zaměřili jsme se na rozklad buněčné stěny rostlin (lignin, celulóza, hemicelulóza, pektin) a hub (chitin) a zásobní látky rostlin (škrob). Výsledky ukázaly mírnou až vysokou aktivitu exoceluláz, mírnou aktivitu hemiceluláz a velmi nízkou aktivitu pektináz. Ani lignin, ani škrob těmito kvasinkami rozkládán nebyl. Nejvyšší enzymatickou aktivitu při štěpení celulózy a hemicelulóz vykazovaly druhy *Kuraishia molischiana* a *Nakazawaea ambrosiae*, které zároveň dominují ve střevním mikrobiomu lýkožrouta během letní generace.

Metatranskriptomická data střevního společenstva přinesla vhled do aktuálně probíhajících metabolických procesů. Tato analýza ukázala, že houby jsou schopné degradace celulózy a chitinu, ale pro degradaci pektinů a hemicelulózy závisí na bakteriálním společenstvu, které oproti houbám zajišťuje kompletní degradační dráhy těchto polysacharidů. Tato diskrepance ukazuje, že genomická data by měla být interpretována obezřetně a měla by být doplněna o další nezávislé analýzy, než budou vyvozeny závěry.