

## Streszczenie rozprawy:

Niniejsza rozprawa doktorska przedstawia wyniki prac mających na celu ustalenie molekularnych przyczyn zróżnicowanego metabolizmu oligosacharydów w populacjach zamieszkujących region Karelii. W ramach prac opracowano procedurę bioinformatyczną do przetwarzania danych. Została ona wykorzystana do wyznaczenia profili taksonomicznych i genowych dla próbek metagenomowych. Następnie przeprowadzono analizy porównawcze dwóch populacji bakteryjnych pochodzących z regionu Karelii: w częściach rosyjskiej i fińskiej. Wyniki tych badań wykazały istotne różnice między tymi populacjami, zwłaszcza w odniesieniu do składu bakteryjnego i funkcjonalnego mikrobiomów.

Zbadano czynniki kluczowe dla klasyfikacji pochodzenia próbek mikrobiomów. Zbudowano modele uczenia maszynowego, które pomogły w identyfikacji cech umożliwiających rozróżnienie między populacjami, a także porównano różne strategie projektowania takich klasyfikatorów z uwzględnieniem biologicznego znaczenia danych.

Jednym z najważniejszych wyników tej pracy jest ustalenie, że dwa enzymy, lakto-N-biozydaza i beta-galaktozydaza Bga42A, są istotnie związane z różnicami w składach bakteryjnych. Odkrycie to może pomóc w wyjaśnieniu wcześniej obserwowanej dysproporcji między liczebnością typowych dla niemowląt bakterii *Bifidobacterium* w grupie fińskiej i rosyjskiej, a także w zrozumieniu różnic w rozpowszechnieniu enzymów dostosowanych do metabolizowania oligosacharydów typowych dla ludzkich mleka (HMO) między tymi populacjami.

Wnioski z tej pracy wskazują na potencjał badań metagenomicznych do charakteryzowania różnic w badaniach populacyjnych oraz do opracowania hipotez biologicznych. Zastosowanie procedury analitycznej przedstawionej w tej pracy może przyczynić się do lepszego zrozumienia związków między składem bakteryjnym mikrobiomów a procesami metabolicznymi zachodzącymi w organizmie ludzkim.

