

Abstrakt

Streptomycety jsou lékařsky důležité bakterie žijící v půdě, které podléhají morfologickým změnám od spór po vzdušné hyfy a jsou důležitými producenti bioaktivních látek včetně antibiotik. Jejich genová exprese je přísně regulována v časných úrovních transkripce a translace. Během řízení transkripce hrají sigma faktory ústřední roli; modelový organismus *Streptomyces coelicolor* má ohromujících 65 sigma faktorů. Exprese sigma faktorů samotných je řízena na post-transkripční úrovni působením malých RNA molekul, které modifikují hladinu jejich messengerových RNA. Avšak pouze několik sigma faktorů ve streptomycetách má známé regulony a také jejich regulace prostřednictvím malých RNA molekul nebyla dosud studována.

V závislosti na předtím naměřených datech o genové expresi jsme vybrali několik vysoce exprimovaných sigma faktorů. Pomocí mutantních kmenů nesoucích sigma faktory značené HA tagem byly analyzovány regulony dvou důležitých sigma faktorů, SigQ a HrdB, pomocí techniky ChIP-seq. Další sigma faktory byly dále studovány pomocí metody 5' a 3' RACE a Northern blottingu, aby se zjistilo, zda mají asRNA.

Naše data potvrzují nezbytnost sigma faktoru HrdB během vegetativní fáze růstu. Ukázalo se, že druhý sigma faktor, SigQ, je důležitým regulátorem metabolismu dusíku a regulátorem reakce na osmotický stres, probíhající během klíčení spór.

Objevili jsme také tři nové *cis*-asRNA sigma faktorů SigR, SigB a SigH; navíc se předpokládá, že poslední dva vytváří complex s RNázou III. Na základě těchto údajů lze navrhnout dráhu pro transkripční řízení asRNA-sigma faktor-regulon.

Klíčová slova: streptomycety, sigma faktor, *cis*-asRNA, mRNA, RACE, Northern blot, RNáza