

Linkomycín je prírodne antibiotikum zaradené do skupiny linkozamidových antibiotík, ktorého zhluk biosyntetických génov je známy a funkcia mnohých génov z tohto zhluku už bola popísaná.

Táto práca je zameraná na štúdium záverečného kroku bisyntetickej dráhy linkomycínu, metyláciu na dusíku pyrolového reťazca propylprolínovej podjednotky N-demetylalinkomycínu (NDL). Cieľom práce bolo charakterizovať enzým LmbJ, katalyzujúci tento biosyntetický krok. Všetky stanovenia boli uskutočnené pre enzým LmbJ s histidínovou kotvou, ktorý bol pripravený heterológnu expresiou v bunkách *Escherichia coli*. Bolo stanovené teplotné a pH optimum metylačnej reakcie, rovnako ako Michelissove konštanty pre oba substráty reakcie: N-demetylalinkomycín a S-adenozylmetionín (SAM - donor metylovej skupiny). S výnimkou pH optima se všetky stanovené parametre výrazne odlišovali od publikovaných údajov pre enzým izolovaný z prirodzeného zdroja. Na základe porovnania výsledkov elektrónovej mikroskopie, natívnej elektroforézy a gélovej filtrácie bol vytvorený predpokladaný model kvartérnej štruktúry enzýmu. Na rozdiel od väčšiny doteraz popísaných metyltransferáz, ktoré sa vyskytujú v monomérnej, dimérnej alebo tetramérnej forme, sa v našom prípade jedná s najväčšou pravdepodobnosťou o hexamér.