

I. ABSTRACT v češtině

Předložená práce se zabývá sekundárním metabolismem a jeho regulací u bakterií *Streptomyces ambofaciens* a *Streptomyces lividans* se zaměřením na nové biosyntetické dráhy.

Během sekvenace chromozomů bakterií a nižších hub se ukázalo, že počet clusterů pro biosyntézu sekundárních metabolitů v genomu těchto bakterií je mnohem větší než bylo známo sekundárních metabolitů produkovaných těmito mikroorganismy. Genové shluky jejichž produkty nebyly známy se začaly nazývat kryptické. Další výzkumy ukázaly, že alespoň některé z těchto kryptických genových shluků jsou za určitých podmínek exprimovány a kódují biosyntézu průmyslově využitelných sekundárních metabolitů (Gottelt *et al.*, 2010; Gross *et al.*, 2007; Pang *et al.*, 2004). Kryptické klustery jsou proto považovány za jeden z možných „rezervoárů“ nových bioaktivních látek.

Inspirována těmito výsledky jsem se v předložené práci zabývala studiem kryptických biosyntetických klusterů sekundárních metabolitů u bakterie *S. ambofaciens*, jež je průmyslově využívána jako producent antibiotika spiramycinu. V druhé části práce jsem studovala regulaci produkce sekundárních metabolitů a zejména možnost delece či nadprodukce globálních regulátorů (Rep a DasR), která by vedla k aktivaci genů z kryptických biosyntetických klusterů. Třetí část práce se týká studia vlivu inaktivace *ppk* genu, kódujícího enzym polyfosfát kinázu, na produkci antibiotik a celkovou expresi proteinů u bakterie *S. lividans*.