

Abstrakt:

Rozmanitost bakterií a jejich genomů může zapříčinit konzervaci funkčních molekulárních motivů na úrovni strukturní místo konzervace na úrovni sekvencí. V případě regulační 6S RNA byly nalezeny sekvenční homology u více než sta bakteriálních druhů. U bakterií rodu *Streptomyces* však nebyl nalezen žádný. Jedinečný genom těchto bakterií, důležitých pro svou schopnost produkce antibiotik, má vysoký obsah G-C párů bází a je představitelem unikátních genomů fylogeneticky staré větve Aktinobakterií. Funkce nekódující 6S RNA je dána její sekundární strukturou. 6S RNA svou strukturou napodobují cílové promotorové sekvence a vychytávají tak sigma faktory, které jsou součástí transkripčního aparátu. Tímto napomáhají přepínání souborů exprimovaných genů během vývojových přechodů. Pomocí porovnání *in silico* predikovaných sekundárních struktur známých 6S RNA byl vytvořen počítačový model, který predikoval 6S-like RNA u *Streptomyces*. Cílem této práce bylo ověřit expresi těchto 6S-like RNA predikovaných u *Streptomyces coelicolor* pomocí RT-PCR a RNA koimunoprecipitace (RNA CoIP). Výsledkem této práce je detekce šesti nových ncRNA transkriptů, které by mohly být homology 6S RNA u *Streptomyces*. Tato zjištění rovněž potvrdila *in silico* predikční metodu, kterou byly nalezeny nekódující bakteriální RNA na základě strukturní homologie. Aby mohla být určena funkce těchto nalezených RNA, je třeba pokračovat ve výzkumu.

Klíčová slova: 6S RNA, sigma faktor, *Streptomyces*, antibiotika, fyziologická diferenciaci, genová exprese