

## OPRAVNÝ LÍSTEK

Jméno studenta: Tomáš Kučera

Téma bakalářské práce: Regulační síť řízené faktory sigma RNA polymerázy  
v *Corynebacterium glutamicum*

---

### Seznam zkratek

HTH	helix-turn-helix	helix-otočka-helix
MSG	monosodium glutamate	glutamát sodný
PHB	polyhydroxybutyrate	polyhydroxy butyrát
RpoD	RNA polymerase sigma factor N	faktor sigma N RNA polymerázy
RpoN	RNA polymerase sigma factor 54	faktor sigma 54 RNA polymerázy

### Oprava text str. 4

Původní	V oblasti promotoru se může nacházet také sekvence -10 rozšiřujícího motivu rozpoznávaná doménou $\sigma 3$ a UP element, který se vyskytuje před -35 motivem, rozpoznávaný C-koncovou doménou RNAP (Browning & Busby, 2004; Ross et al., 2001) (Obrázek 2).
Opravený	V oblasti promotoru se může nacházet také sekvence -10 rozšiřujícího motivu rozpoznávaná doménou $\sigma 3$ a UP element, který se vyskytuje před -35 motivem, rozpoznávaný C-koncovou doménou $\alpha$ -podjednotky RNAP (Browning & Busby, 2004; Ross et al., 2001) (Obrázek 2).

### Oprava citace str. 5

Původní	C-koncová doména proteinu CarD vytváří stabilizační vazby komplementární k vazbám RbpA, zatímco N-koncová doména interaguje s podjednotkou $\beta$ RNAP. Proteiny RbpA a CarD během stabilizace otevřeného komplexu promotor=RNAP pravděpodobně spolupracují (Bae et al., 2015; Srivastava et al., 2013).
Opravená	C-koncová doména proteinu CarD vytváří stabilizační vazby komplementární k vazbám RbpA, zatímco N-koncová doména interaguje s podjednotkou $\beta$ RNAP. Proteiny RbpA a CarD během stabilizace otevřeného komplexu promotor=RNAP pravděpodobně spolupracují (Bae et al., 2015; Srivastava et al., 2013; Flentie et al., 2016).

### Oprava citace str. 7

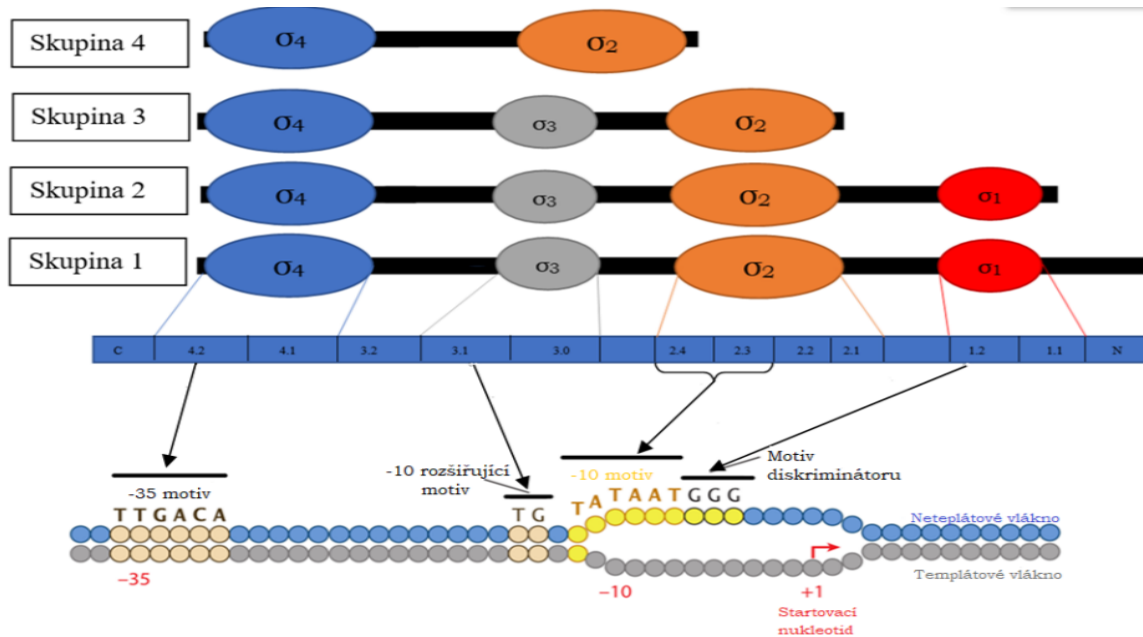
Původní	(M. Loneto et al., 1992)
Opravená	(Loneto et al., 1992)

## Oprava text str. 7

Původní	Skupina 3 stejně jako skupina 4 postrádá doménu $\sigma_1$ , která rozpoznává rozšířený -10 motiv (Wösten, 1998)
Opravený	Skupina 3 stejně jako skupina 4 postrádá doménu $\sigma_1$ , která rozpoznává motiv diskriminátoru (Wösten, 1998).

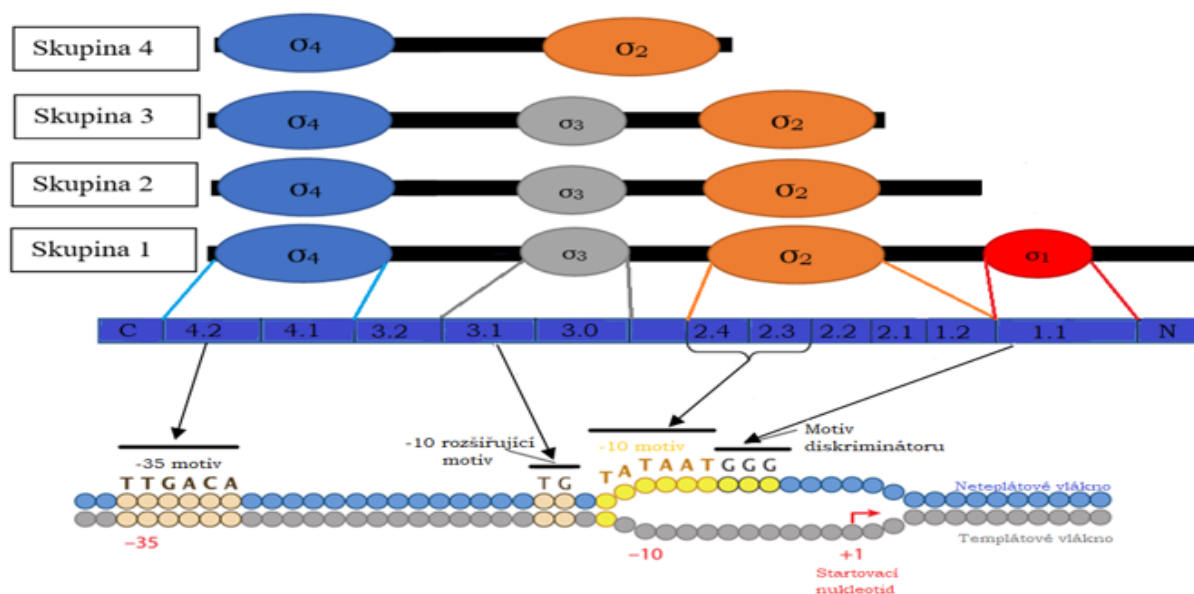
## Oprava stavby obrázku 3 a citace obrázku str. 8

Původní



**Obrázek 3 - Detail struktury FS rodiny  $\sigma^{70}$**  – Schéma znázorňuje základní rozdíly v doménách jednotlivých skupin. Nejsložitější stavbu mají FS ze skupiny 1, která řídí iniciaci transkripce vegetativních genů. Jak lze pozorovat, skupina 2 se od skupiny 1 odlišuje pouze chybějícím N-koncem, ale váže stejné motivy nacházející se v sekvenci promotoru. Skupině 3 a skupině 4 již schází doména  $\sigma_1$ , která slouží k přechodu komplexu do otevřené pozice. Skupina 3 se nachází u všech pohyblivých bakterií, jelikož řídí syntézu flagelinu. Skupina 4 má pouze domény  $\sigma_2$  a  $\sigma_4$  pro rozeznání klíčových sekvencí v oblastech -35 a -10. Modrý obdélník reprezentuje přesnější rozdělení jednotlivých domén FS, hlavní vazebné poddomény a cíle jejich vazeb v sekvenci promotoru. Upraveno dle Paget (2015).

## Opravený



**Obrázek 3 - Detail struktury FS rodiny  $\sigma^{70}$**  – Schéma znázorňuje základní rozdíly v doménách jednotlivých skupin. Nejsložitější stavbu mají FS ze skupiny 1, která řídí iniciaci transkripce vegetativních genů. Jak lze pozorovat, skupina 2 se od skupiny 1 odlišuje pouze chybějícím N-koncem, ale váže stejné motivy nacházející se v sekvenci promotoru. Skupině 3 a skupině 4 již schází doména  $\sigma_1$ , která slouží k přechodu komplexu do otevřené pozice. Skupina 3 se nachází u všech pohyblivých bakterií, jelikož řídí syntézu flagelinu. Skupina 4 má pouze domény  $\sigma_2$  a  $\sigma_4$  pro rozeznání klíčových sekvencí v oblastech -35 a -10. Modrý obdélník reprezentuje přesnější rozdělení jednotlivých domén FS, hlavní vazebné poddomény a cíle jejich vazeb v sekvenci promotoru. Upraveno dle Paget (2015), Feliskov *et al.* (2014).

## Oprava text str. 9

Původní	U některých FS s extracytoplasmatickou funkcí (extracytoplasmic function, ECF) existuje posttranslační mechanismus, kdy dochází ke snížení aktivity přidáním inhibujícího rozšíření na N-konec (Chandrangu & Helmann, 2014).
Opravený	U některých FS s extracytoplasmatickou funkcí (extracytoplasmic function, ECF) dochází ke translaci společně s inhibujícím rozšířením na N-konci (Chandrangu & Helmann, 2014).

Původní	Cílem fyzické regulace nemůže být interakce RNAP=FS, ale interakce je nepřímo regulována afinitou FS k RNAP, hladinou FS v buňce a dále fyziologickým stavem buňky (Gruber & Gross, 2003).
Opravený	Cílem fyzické regulace nemůže být již vytvořená vazba RNAP=FS, ale interakce je nepřímo regulována afinitou FS k RNAP, hladinou FS v buňce a dále fyziologickým stavem buňky (Gruber & Gross, 2003).

### Oprava text str. 11

Původní	V roce 1957 byla izolována nepatogenní bakterie <i>C. glutamicum</i> , která byla popsána jako krátká, aerobní, gram-pozitivní tyčinka schopná růstu na různých cukrech a organických kyselinách (Lee <i>et al.</i> , 2016)
Opravený	V roce 1956 byla izolována nepatogenní bakterie <i>C. glutamicum</i> , která byla popsána jako krátká, aerobní, gram-pozitivní tyčinka schopná růstu na různých cukrech a organických kyselinách (Lee <i>et al.</i> , 2016)

### Oprava text str. 13

Původní	5' – TATAAT – 3'	5' – TANNNT – 3'
Opravený	5' – TATAAT – 3'	5' – TANNNT – 3'

### Oprava text str. 16

Původní	Při inaktivaci faktoru $\sigma^D$ však byla zjištěna zvýšená koncentrace sloučenin obsahující sacharidy v extracelulárním prostoru, což může znamenat buněčnou agregaci (Taniguchi <i>et al.</i> , 2017; Toyoda & Inui, 2018).
Opravený	Při nadprodukci faktoru $\sigma^D$ však byla zjištěna zvýšená koncentrace sloučenin obsahující sacharidy v extracelulárním prostoru, což může znamenat buněčnou agregaci (Taniguchi <i>et al.</i> , 2017; Toyoda & Inui, 2018).

### Oprava text str. 18

Původní	podjednotky $F_1F_0$ ATPázy
Opravený	podjednotky $F_0F_1$ ATPázy

### Oprava text str. 20

Původní	Tato mezimolekulární interakce může regulovat aktivitu faktoru $\sigma^C$ (Toyoda & Inui, 2016).
Opravený	Tato intramolekulární interakce může regulovat aktivitu faktoru $\sigma^C$ (Toyoda & Inui, 2016).

Původní	Zajímavostí genu <i>rsdA</i> je jeho velikost (37 kDa) v porovnání s ostatními FAS v <i>C. glutamicum</i> , které jsou výrazně menší (RsdA 11kDa, CseE 19 kDa).
Opravený	Zajímavostí genu <i>rsdA</i> je jeho velikost a velikost výsledných proteinů (RsdA 37 kDa) v porovnání s ostatními FAS v <i>C. glutamicum</i> , které jsou výrazně menší (RsdH 11kDa, CseE 19 kDa).

### Oprava text str. 21

Původní	Jak se ukázalo v kmeni s delecí sigM, došlo ke snížení exprese genu sigM a ostatních genů ve shluku, tudíž dochází k přímé nebo nepřímé autoregulaci aktivity (Nakunst et al., 2007).
Opravený	Jak se ukázalo v kmeni s delecí sigH, došlo ke snížení exprese genu sigM a ostatních genů ve shluku, tudíž dochází k přímé nebo nepřímé autoregulaci aktivity (Nakunst et al., 2007).