

Streszczenie

Streptomyces to Gram-dodatnie, tlenowe bakterie znane przede wszystkim ze złożonego metabolizmu drugorzędowego. *Streptomyces* produkują szerokie spektrum metabolitów wtórnych, wliczając w to większość naturalnych antybiotyków o znaczeniu klinicznym. Ponadto, *Streptomyces* przechodzą złożony cykl życiowy obejmujący fazę wzrostu wegetatywnego oraz sporulację. W fazie wegetatywnej rosną w postaci rozgałęziających się strzępek tworzących gęstą grzybnię. Wydłużone przedziały komórkowe strzępek wegetatywnych zawierają od kilku do kilkunastu kopii liniowego chromosomu. W wyniku ograniczenia dostępności składników odżywczych *Streptomyces* wytwarzają strzępki powietrzne, które następnie różnicują się w łańcuchy spor. Przekształcenie wielogenomowych strzępek w łańcuchy jednogenomowych zarodników wymaga dokładnej koordynacji procesów kondensacji i segregacji DNA z synchronicznymi podziałami komórkowymi. Chromosom *Streptomyces*, podobnie jak i innych bakterii, jest organizowany dzięki aktywności licznych białek: topoizomerazy, białek z grupy NAP (ang. *Nucleoid Associated Proteins*) oraz wysokocząsteczkowych kondensyn – np. białek SMC (ang. *Structural Maintenance of Chromosome*). W niniejszej pracy zbadano wpływ białek HupS (należącego do białek NAP) oraz SMC na organizację chromosomu oraz podziały komórkowe podczas sporulacji modelowego organizmu *Streptomyces venezuelae*. W tym celu analizowano mikroskopowo przebieg całego cyklu życiowego *S. venezuelae* metodą poklatkową, przy użyciu znakowanych fluorescencyjnie białek HupA-mCherry jako marker chromosomu oraz FtsZ-YPet jako marker pierścieni podziałowych. Analizy wykazały, że delecja genów *hupS* i *smc* powoduje dekondensację chromosomów w trakcie sporulacji, a także wpływa na podziały komórkowe skutkując powstawaniem wydłużonych zarodników. Ponadto, wykorzystując technikę immunoprecypitacji połączoną z wysokoprzepustowym sekwencjonowaniem nowej generacji (ChIP-seq), wytypowano prawdopodobne sekwencje związane specyficznie przez białko HupS oraz wykazano wzajemny wpływ białek HupS i SMC na ich oddziaływanie z DNA. Uzyskane wyniki wskazały na uzupełniające się funkcje białek HupS i SMC podczas kompaktowania chromosomów w trakcie sporulacji *Streptomyces*.