

Nasze badania mają na celu poznanie roli białek NAP (ang. *nucleoid associated proteins*) w regulacji ekspresji genów bakteryjnych. Białka NAP wiążąc się do DNA wpływają na jego upakowanie i organizację w komórce bakteryjnej. Jednocześnie zakłada się, że wiązanie białek NAP wpływa na dostępność DNA dla czynników transkrypcyjnych i polimerazy RNA - białek zaangażowanych w transkrypcję. Co więcej, uważa się, że stan fizjologiczny i warunki stresowe wpływają na wiązanie białek NAP do DNA, tym samym regulując ekspresję genów. Nasze badania będą miały na celu zbadanie wpływu białek NAP na ekspresję genów u glebowych bakterii *Streptomyces*.

*Streptomyces* są cenione jako producenci wielu aktywnych biologicznie związków, w tym licznych antybiotyków. Większość tych cennych związków nie jest jednak produkowana w optymalnych warunkach wzrostu bakterii. Ich produkcja jest ściśle regulowana poprzez złożone, wciąż nie do końca poznane mechanizmy pozwalające na dostosowanie się bakterii do warunków życiowych. Wykazano udział niektórych białek NAP w regulacji biosyntezy antybiotyków przez *Streptomyces*. Celem projektu jest zbadanie współdziałania białek NAP z innymi regulatorami ekspresji genów, szczególnie genów kodujących szlaki biosyntezy aktywnych biologicznie związków.

Aby odpowiedzieć na postawione pytania badawcze wykorzystamy zestaw metod badawczych opartych o wysokoporzepustowe sekwencjonowanie nowej generacji – globalne analizy ekspresji genów, badania wiązania białek do chromosomu oraz analizy organizacji całego chromosomu. Dodatkowo zastosujemy analizy mikroskopowe, w tym mikroskopię wysokorozdzielczą, aby zbadać strukturę chromosomu i wiązanie białek. Wymienione techniki zostaną użyte do badania struktury chromosomu i ekspresji genów w zestawie odpowiednio zaprojektowanych, zmodyfikowanych szczepów *Streptomyces* hodowanych w warunkach optymalnych i stresowych. Zbadamy także, czy usunięcie białek NAP ze szczepów *Streptomyces* zwiększa biosyntezę antybiotyków.

Spodziewamy się, że nasze kompleksowe badania pozwolą na uzyskanie pierwszego pełnego obrazu przedstawiającego powiązanie pomiędzy organizacją chromosomu i ekspresją genów bakteryjnych. Ponadto oczekujemy, że wyjaśnią one złożone mechanizmy regulacji szlaków biosyntezy cennych bioproduktów.