

Ostatnie doniesienia literaturowe wykazują, że chromosom bakteryjny, podobnie jak chromatyna eukariotyczna, charakteryzuje się hierarchiczną strukturą. Jednakże, procesy replikacji, transkrypcji i translacji zachodzące w komórce jednocześnie, powodują ciągłe zmiany topologiczne w strukturze chromatyny bakteryjnej. Organizacja tej dynamicznej i wysoce uporządkowanej struktury wynika z działania wielu różnych białek wiążących się do DNA: topoizomeraz, kondensyn i małych, zasadowych białek NAP (*ang. nucleoid-associated proteins*).

Rodzaj *Mycobacterium* obejmuje m.in. gatunki chorobotwórcze dla człowieka (np. *Mycobacterium tuberculosis*). Charakterystyczne cechy biologii komórki prątków powodują utrudnienia w skutecznym leczeniu gruźlicy. *Mycobacterium*, w przeciwieństwie do innych przedstawicieli bakterii pałeczkowatych, wykazują wzrost wierzchołkowy i asymetryczny podział komórki.

Obecnie wiedza na temat organizacji chromosomu u *Mycobacterium*, jego dynamiki podczas wzrostu w różnych warunkach środowiskowych i adaptacji do wrogiego środowiska (np. kwaśnego pH we wnętrzu makrofagów) jest niewielka. Stawiamy więc hipotezę, że główną funkcją różnorodnego i jednocześnie swoistego repertuaru białek wiążących się do nukleoidu (tj. białka NAP i kondensyny), które kształtują strukturę chromosomu jest dostosowanie się komórek do różnych warunków środowiskowych podczas wzrostu.

Planujemy odpowiedzieć na następujące pytania:

- (1) Jaka jest rola białek NAP w modelowaniu struktury chromosomu podczas różnych faz wzrostu oraz w odpowiedzi na niekorzystne warunki środowiskowe?**
- (2) W jaki sposób kondensyny współpracują z białkami NAP w utrzymaniu globalnej struktury chromosomu podczas wzrostu asymetrycznie dzielących się prątków?**
- (3) W jaki sposób materiał genetyczny *Mycobacterium* ulega segregacji do nierównocennych komórek potomnych?**

Uważamy, że udzielenie odpowiedzi na powyższe pytania zapewni mechanistyczny wgląd w procesy zapewniające utrzymanie właściwej struktury chromosomu w różnych warunkach środowiskowych, także w tych niekorzystnych oraz pozwoli wyjaśnić regulację procesu segregacji materiału genetycznego do asymetrycznie dzielących się komórek *Mycobacterium*.