

**Marko Kojić**, IST Austria

Kratka biografija

Marko Kojić je rođen u Beogradu 1997. godine. U toku srednje škole je bio polaznik seminara biologije u Petnici. Zatim je upisao molekularnu biologiju na Biološkom fakultetu u Beogradu. Nakon druge godine studija radio je praksu na Caltech-u iz oblasti molekularne mikrobiologije kod profesorke Dianne Newman. Naredne godine, praksu je radio u okviru Amgen Scholars Programa na Institutu Pasteur iz oblasti proteinske biohemije kod profesorke Sophie Goyard. Odmah nakon završenih osnovnih studija, upisuje doktorske studije na IST Austria u grupi profesora Martin Loose, gde se trenutno bavi biohemijskim mehanizmima deobe arhea i bakterija. Rezultate prvog dela doktorata objavio je u časopisu Nature Microbiology, a u okviru ovog predavanja predstaviće nove rezultate iz drugog dela svog doktorata.

**Kratak opis projekta**

**„One Ring To Rule Them All”: biohemijski mehanizam deobe bakterija**

Iako se već trideset godina ćelijska deoba kod bakterija intenzivno istražuje i iako su skoro svi proteini koji čine deobnu mašineriju (tzv. divizom) identifikovani, i dalje nije najjasnije na koji način se divizom organizuje u tako dinamičan proteinski arsenal. Na ovom predavanju ću se fokusirati na protein FtsZ, homolog eukariotskog tubulina, i predstaviti jedinstvene mehanizme koji su otkriveni u našoj laboratoriji koristeći biohemijske i biofizičke metode. FtsZ je glavni protein divizoma koji formira linearne polimere. Ti polimeri se kasnije udružuju u više strukture da bi napravili prsten na sredini bakterijske ćelije i na taj način označili mesto deobe. Naša grupa je otkrila mehanizam organizacije ovog prstena (tzv. treadmilling) i nastavila da se bavi uticajem tog mehanizma na ostale komponente divizoma. Naime, najpre ću predstaviti rezultate koji objašnjavaju detaljan mehanizam treadmillinga i način organizacije FtsZ polimera u prsten. Zatim, predstaviću rezultate koji pokazuju kako većina ostalih proteina zaduženih za sintezu i organizaciju novog ćelijskog omotača kopira ovaj mehanizam zarad njihove efikasne i brze distribucije u okviru septuma. Na kraju, fokusiraću se na preliminarne rezultate drugog dela mog doktorata koji pokazuju do sada neotkriveni mehanizam kojim FtsZ prsten prilagođava svoju arhitekturu (prečnik) u skladu sa smanjenjem prečnika septuma u kasnijim fazama deobe. Takođe, trudiću se da se u toku predavanja osvrnem i na nekonvencionalne biofizičke metode bez kojih ne bismo uspeli da ovako zanimljive mehanizme otkrijemo.

---

**Miloš Tišma**, TU Delft

Kratka biografija

Miloš Tišma rođen je u Beogradu, 1994. godine. Nakon završenih osnovnih studija na Biološkom fakultetu u Beogradu, smer Molekularna biologija i fiziologija, 2017. godine upisuje master studije Molekularnog bioinženjeringa na Tehničkom univerzitetu u Drezdenu, Nemačka. U Drezdenu se bavio biofizikom i praćenjem pojedinačnih molekula LexA proteina koji je odgovoran za SOS odgovor u E.coli bakterijama. Dobio je nagradu za najbolji MSc rad u Drezdenu i prestižnu nagradu “Dresden Excellence Award”. 2019. godine upisuje doktorat iz oblasti Biofizike na Tehničkom univerzitetu u Delftu. Trenutno radi na istraživanju organizacije hromozoma kod

bakterija, konkretno fokusiran na ParB i SMC proteine iz bakterija koji osiguravaju da hromozom bude adekvatno upakovan i segregiran u ćerke ćelije. Homolozi ovih proteina se nalaze ne samo u bakterijama, nego i u arheama i eukariotima, stoga ovaj praistorijski način organizacije hromozoma iz bakterija može biti direktno povezan sa organizacijom hromozoma kod ljudi, kao i više patologija koje su vezane za defekte ovih sistema.

### **Kratak opis projekta na engleskom jeziku**

Precise chromosome segregation throughout each cell cycle is a prerequisite for the stable propagation of all life forms. In most bacteria, the ParABS system is the main component ensuring such a faithful segregation of chromosomes. This system consists of an ATP-hydrolase partition protein A (ParA), a CTP-hydrolase partition protein B (ParB), and a 16-bp centromeric sequence parS that typically is located near the replication origin on the genome. ParB proteins can load to the parS sequence and subsequently assemble into a higher-order nucleoprotein complex that is referred to as 'the partition complex'. Furthermore, bacterial SMC proteins are recruited to the partition complex, which was previously suggested to further increase the fidelity of the chromosome segregation process. Thus the formation of a partition complex function is essential for the proper functioning of the ParABS system.

With the high complexity of the cellular environment, we attempt to isolate single ParB proteins (by protein purification methods) and observe their function on single DNA tethers outside of the cell environment. In our projects we study the formation of ParB partition complex using 1) in-vitro single molecule assays (magnetic tweezers, atomic force microscopy, optical tweezers) in combination with 2) TIRF microscopy and 3) computational analysis. We work on multiple aspects of ParB mechanism including DNA-condensation by ParB, ParB interaction with supercoiled DNA, and protein-protein interaction via single-molecule FRET (Fluorescence resonance energy transfer).