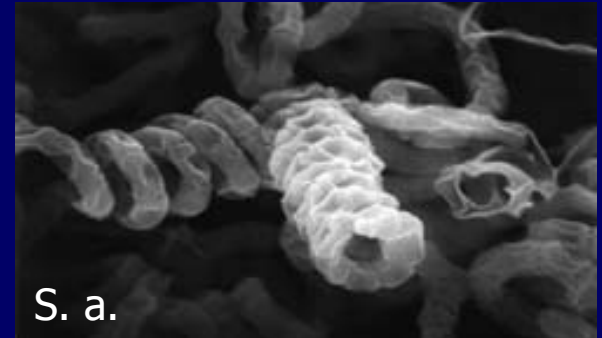
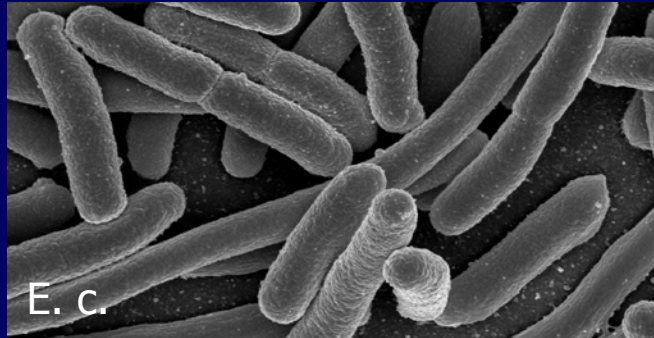


Хромосомы бактерий

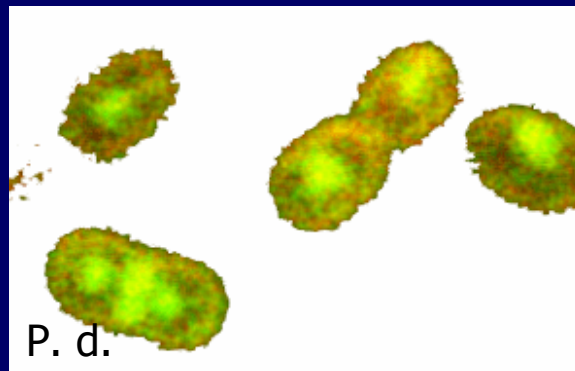
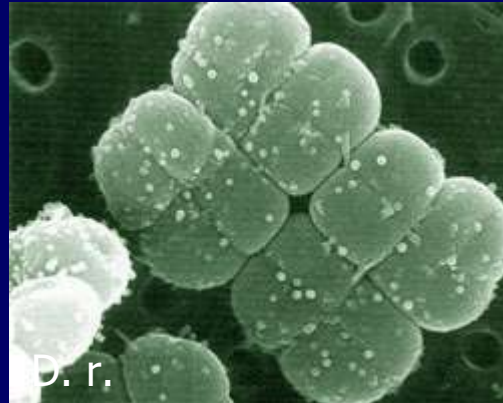
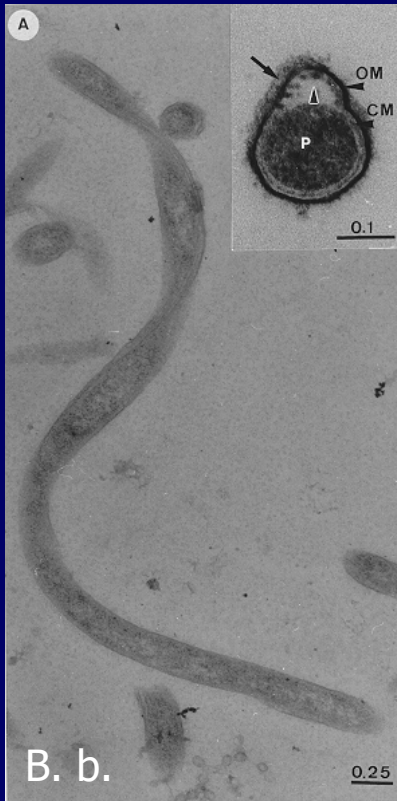
Размер хромосом

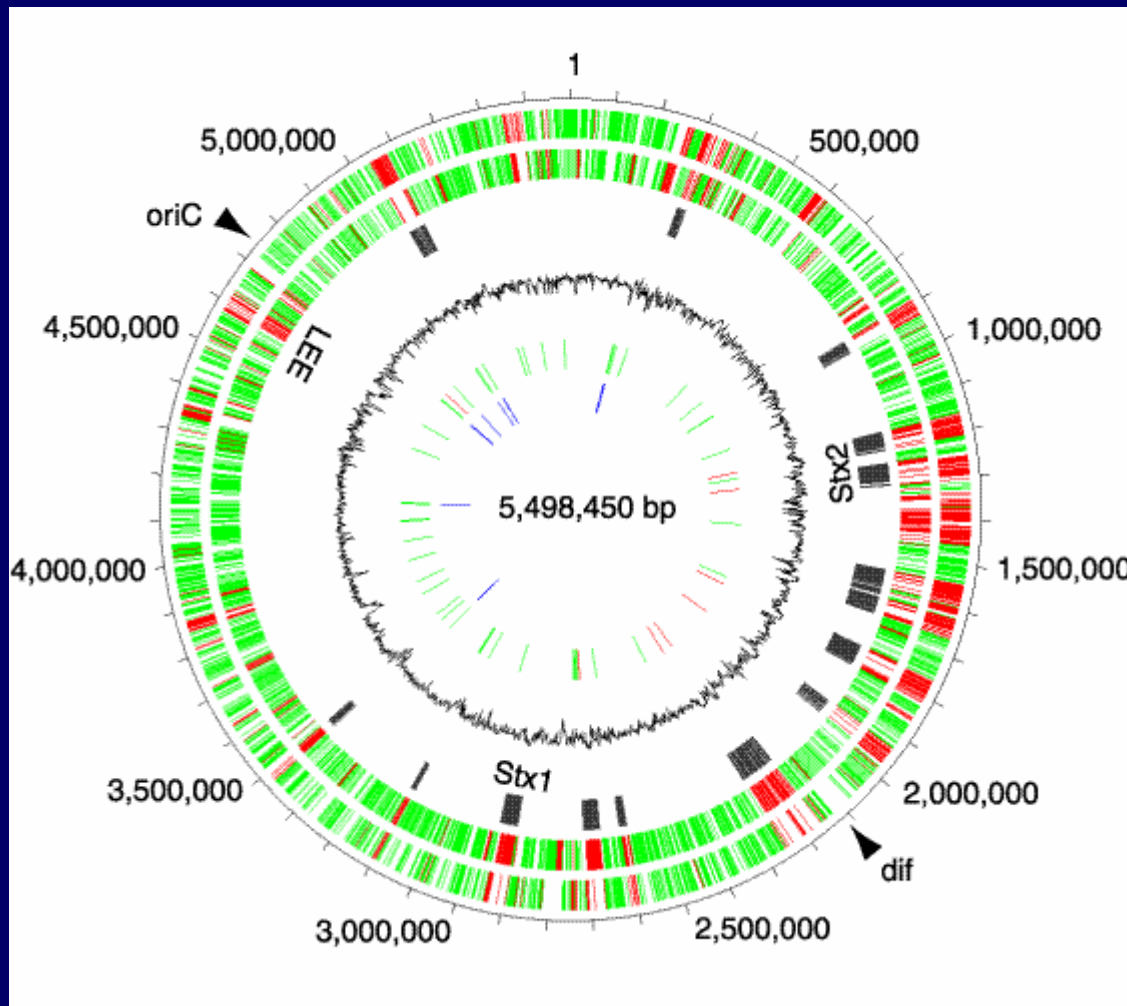
<i>Mycoplasma genitalium</i>	580 074
<i>Escherichia coli</i>	4 639 221
<i>Streptomyces avermitilis</i>	9 025 608
<i>Bradyrhizobium japonicum</i>	9 105 828



Число хромосом

<i>Deinococcus radiodurans</i>	2 кольцевые (2.6 + 0.4)
<i>Vibrio cholerae</i>	2 кольцевые (2.9 + 1.1)
<i>Paracoccus denitrificans</i>	3 кольцевые (2.0 + 1.1 + 0.64)
<i>Borrellia burgdorferi</i>	1 линейная (0.946)
<i>Agrobacterium tumefaciens</i>	1 линейная (2.1), 1 кольцевая (3.0)





E. coli K12
4 639 221 п.н.
4909 генов

E. coli

Белок-кодирующие гены	87.8%
РНК-кодирующие гены	0.8%
регуляторные последовательности	11.0%

Haemophilus influenzae 85%

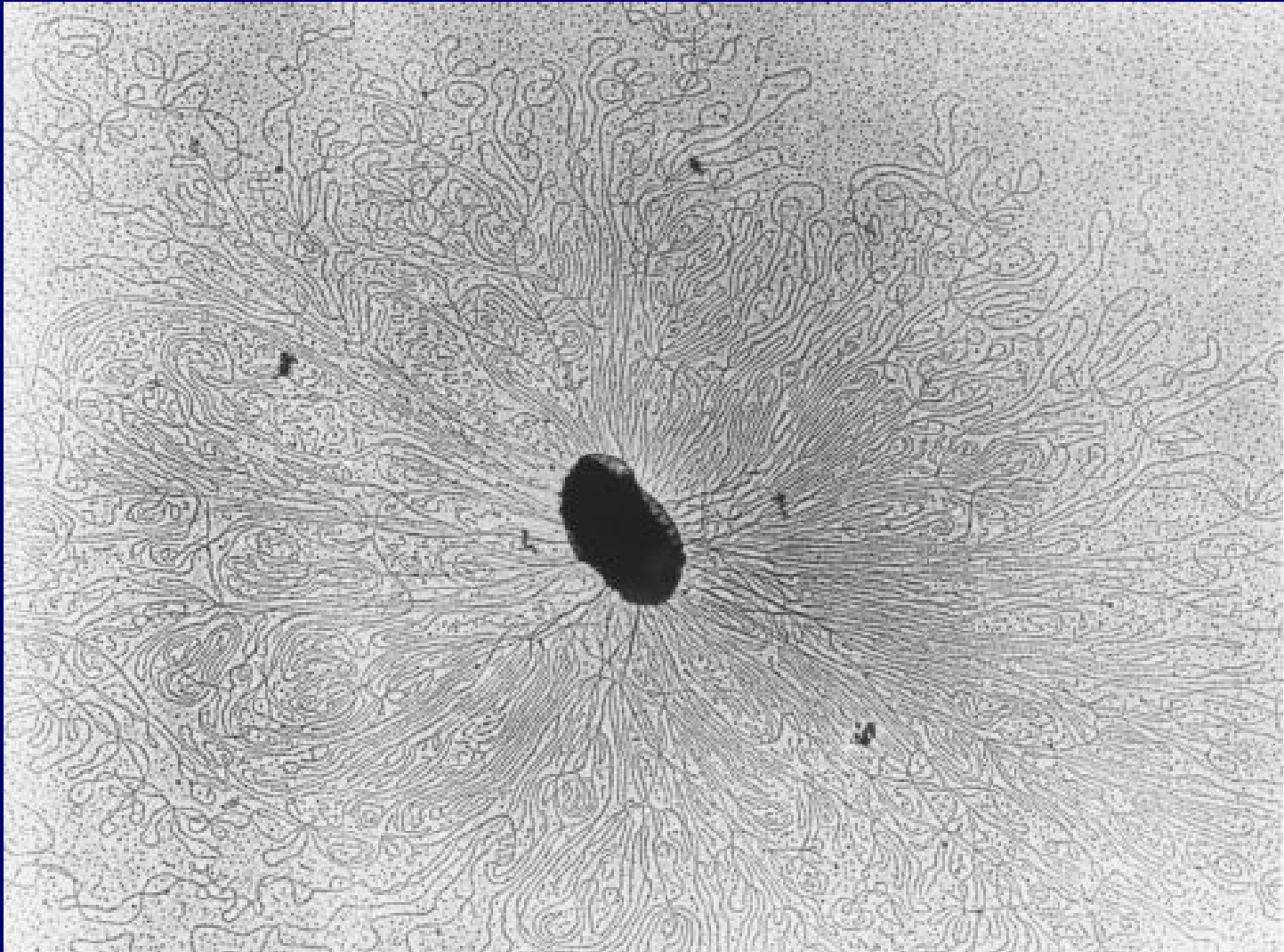
Bacillus subtilis 86%

Mycoplasma genitalium 88%

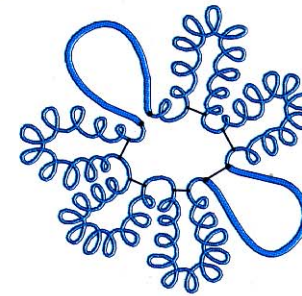
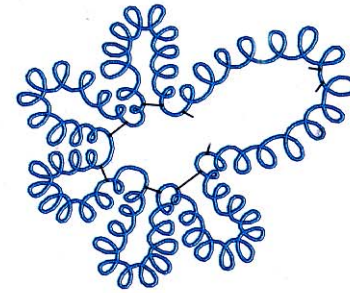
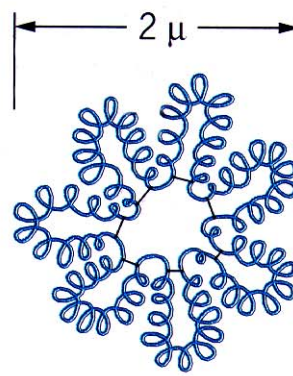
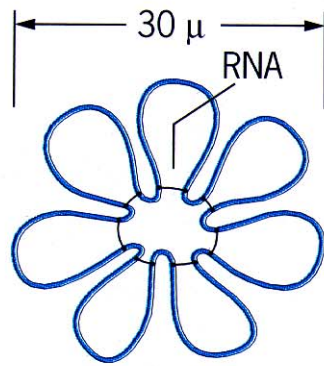
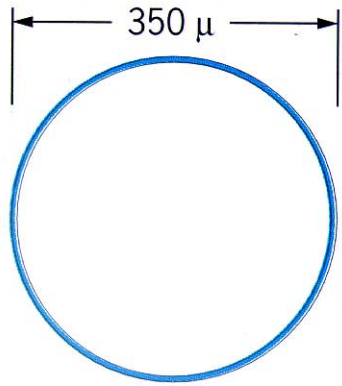
Helicobacter pylori 91%

Как все это организовано в
пространстве?

Escherichia coli



«псевдокомпармент» – нулеоид

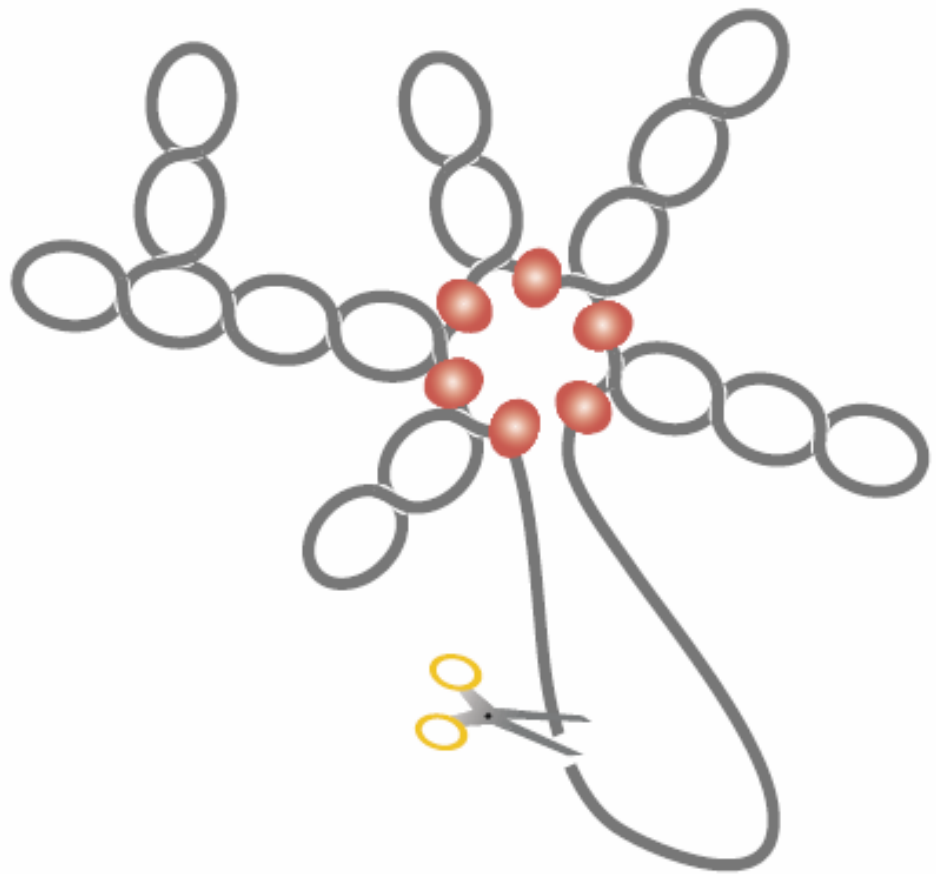


1.6mm long chromosomal DNA molecule of *Escherichia coli*

cell that is only $2 \mu\text{m}$ long and $1 \mu\text{m}$ wide

У бактерий существует несколько механизмов компактизации ДНК

Суперспирализация
Упаковка в белки



Current Opinion in Genetics & Development

Бактериальная хромосома состоит из 50–400 отрицательно суперспирализованных ДНК петель, средний размер которых около 10 т.п.н. Эти ДНК петли являются топологически независимыми дискретными хромосомными территориями.

nucleoid-associated proteins (NAPs)

DNA bridging proteins

histone-like
nucleoid structuring
protein

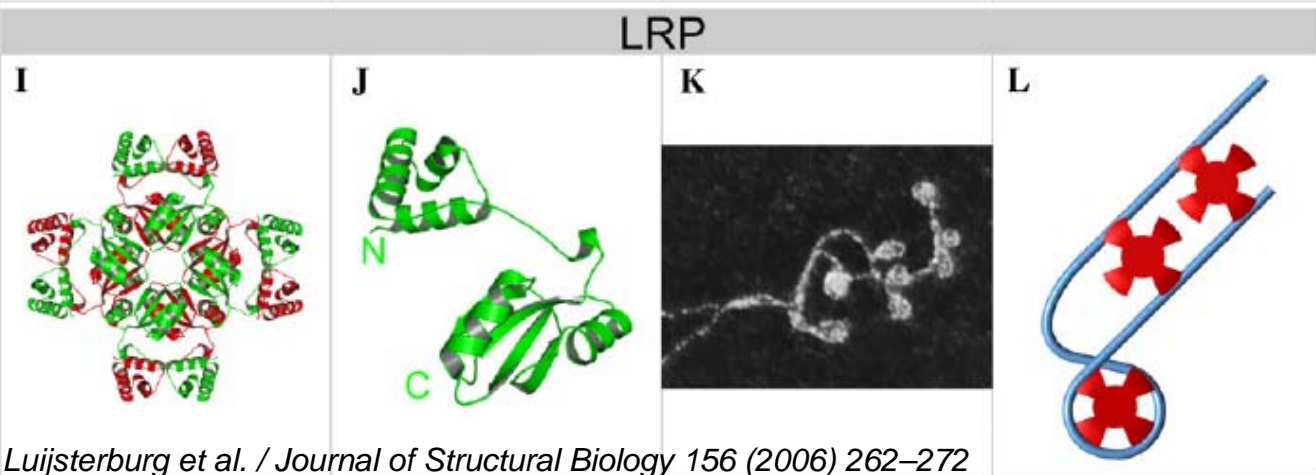
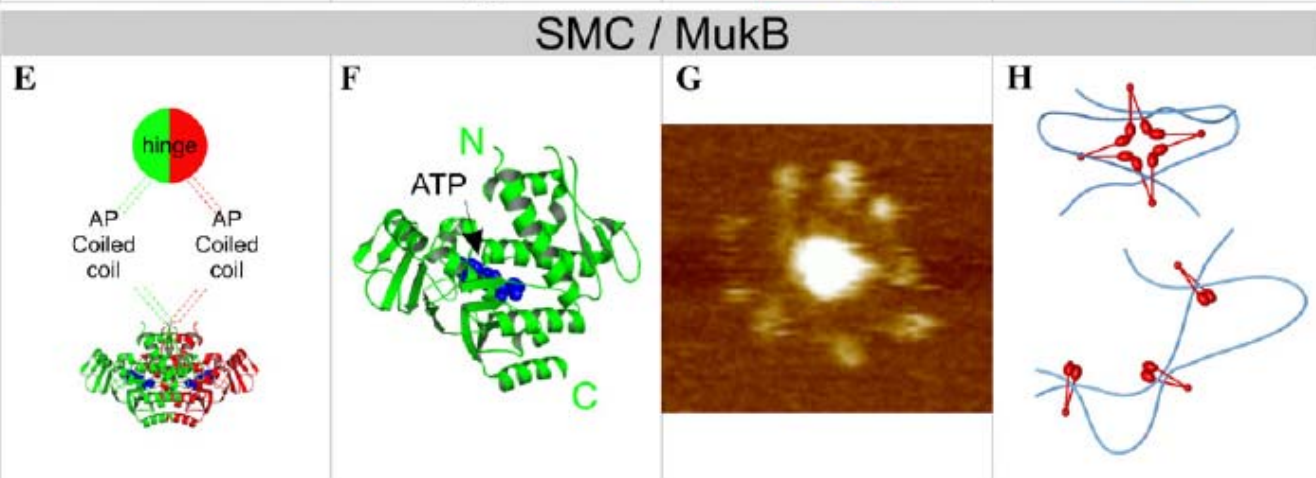
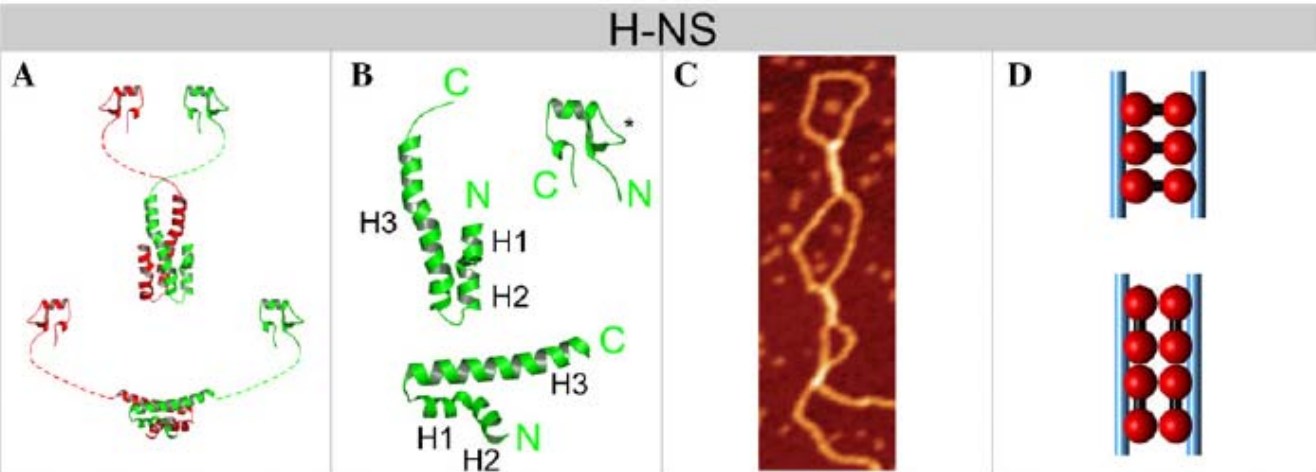
H-NS

Structural
maintenance of
chromosomes

SMC

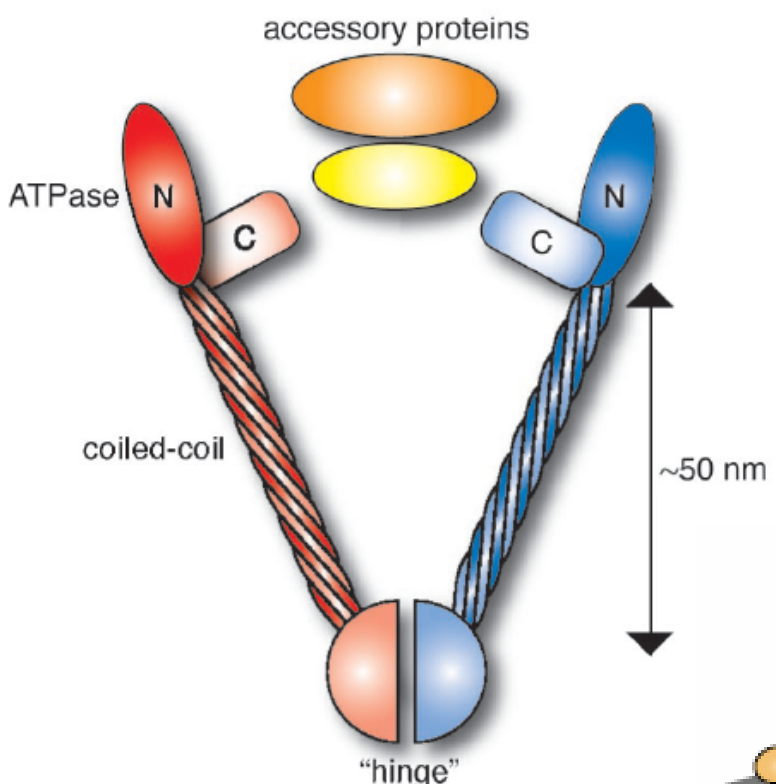
Leucine-
responsive
regulatory protein

LRP



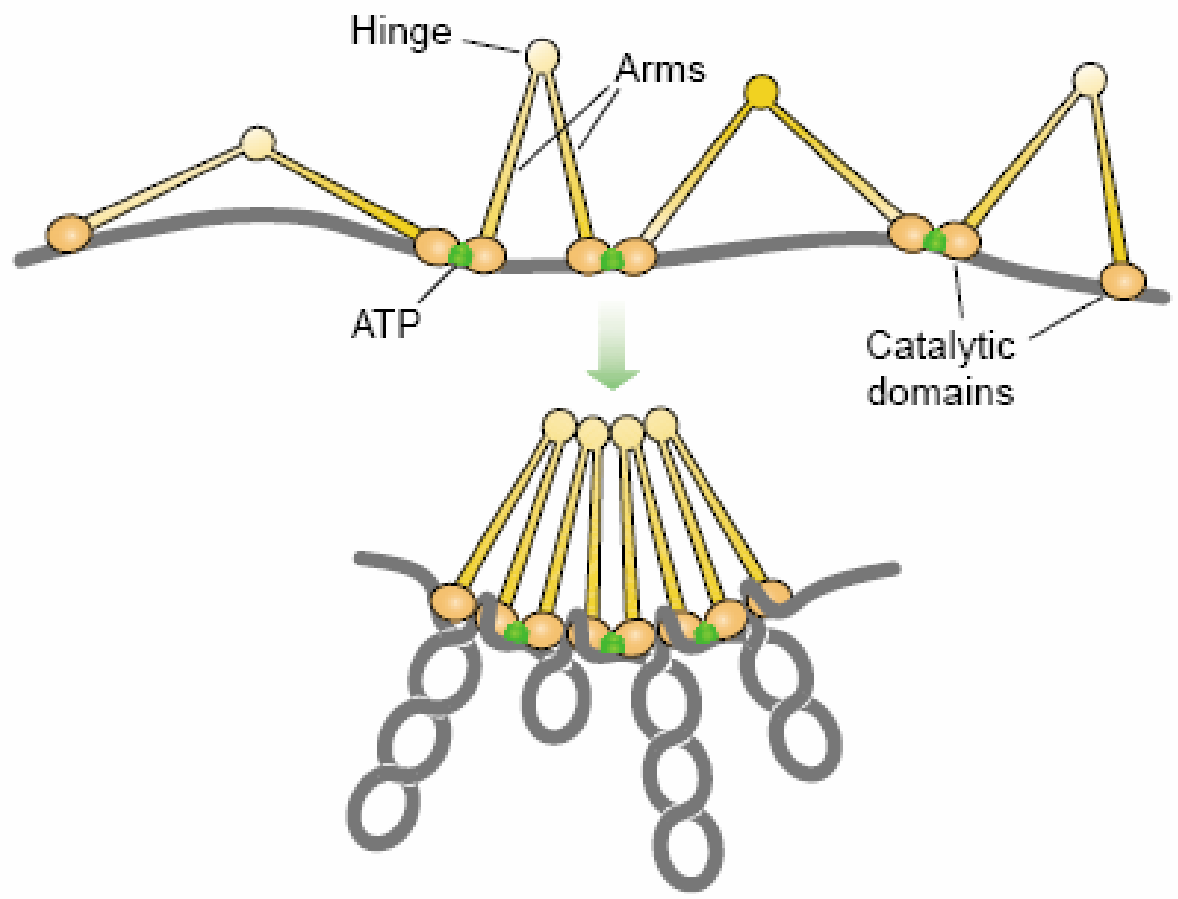
SMC

Очень консервативные белки.
Эукариотические когезины и
конденсины – гомологи
бактериальных SMC.



SMC architecture. SMCs, which act in chromosome organization, sister cohesion, and processing of DNA ends, may be homodimers (bacteria) or heterodimers (eukaryotes). The "hinge" is the dimerization region. Interactions of the N- and C-terminal regions form a functional ATPase. Two or more accessory proteins interact with the C-N-terminal regions. These regions may also interact to form a closed ring

Механизм конденсации ДНК



DNA bending proteins

Integration host factor

IHF

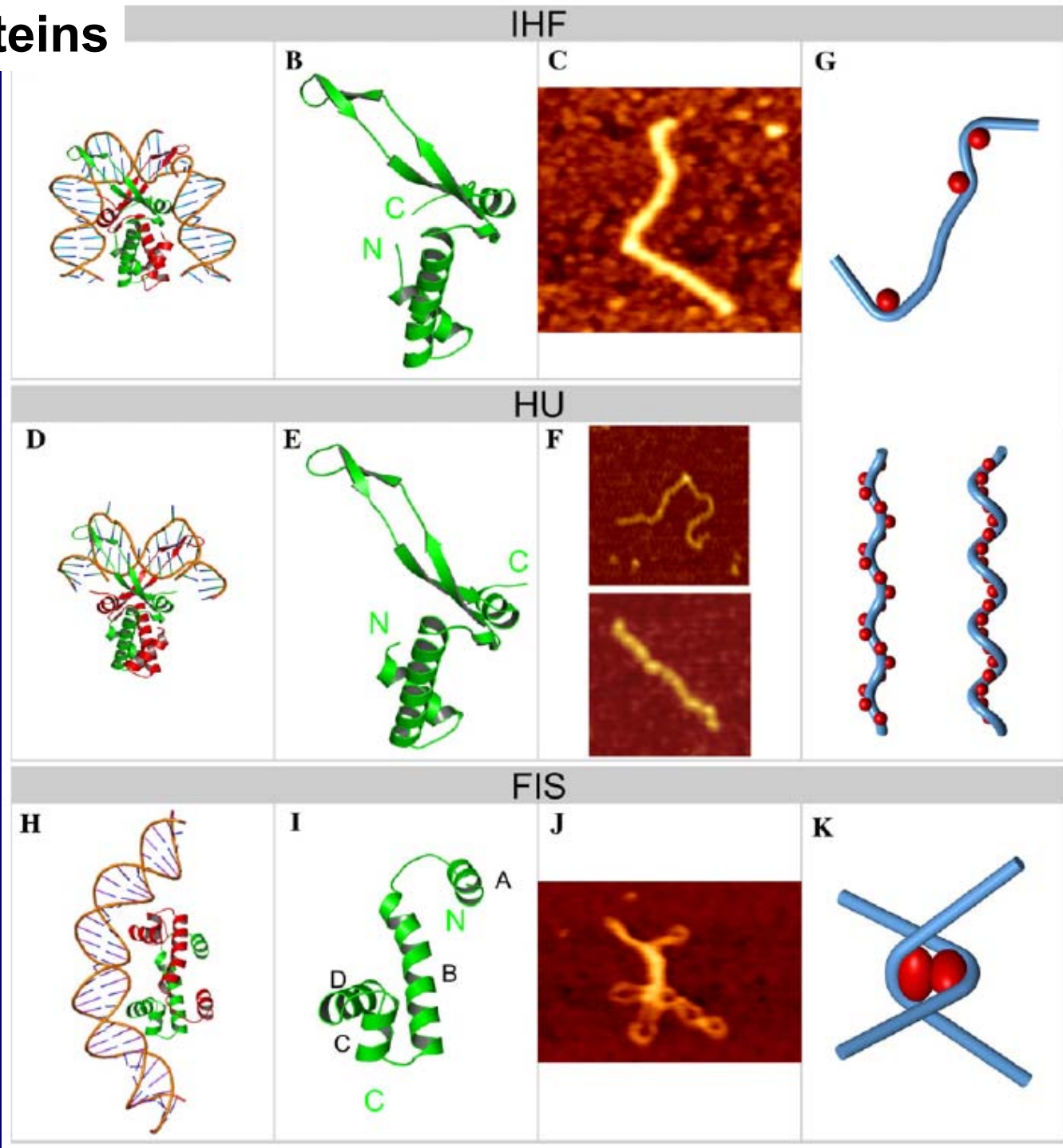
The histone-like protein from *E. coli* strain U93

HU (heat-unstable nucleoid protein)

HU

The factor for inversion stimulation (**Fis**)

FIS



The DNA protection during starvation protein (Dps)

DPS

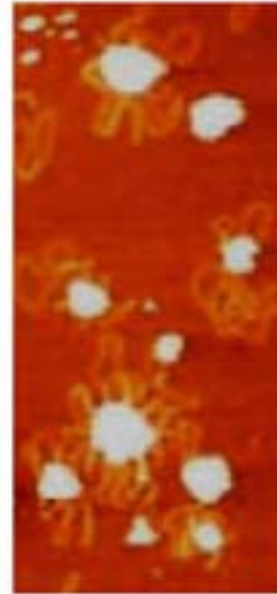
A



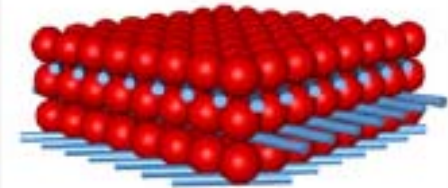
B



C



D



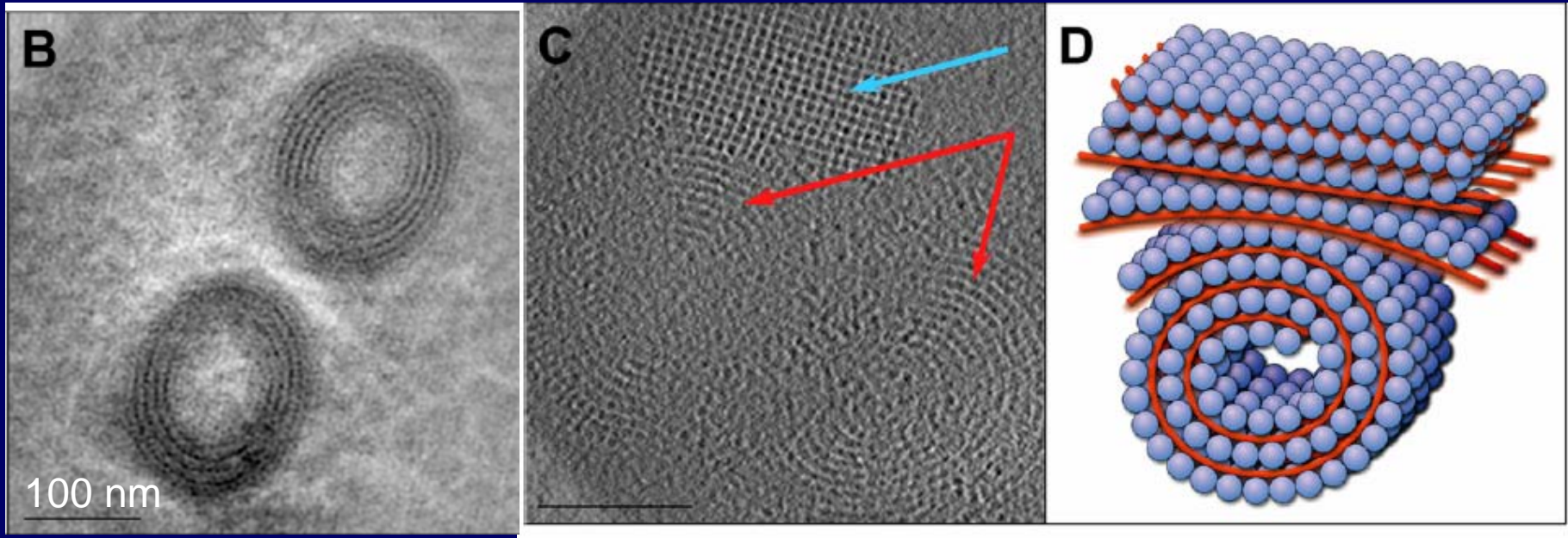
Structure of dodecameric
Escherichia coli Dps

Close-up of a
monomeric Dps
subunit (within a
Dps dodecameric
context).

SFM
image of
Dps-DNA
complexes.
Image size:
600 x1300 nm

Low resolution
model of three-
dimensional
hexagonal Dps-
DNA arrays

DNA–Dps co-crystallization in starved *E. coli* cells.



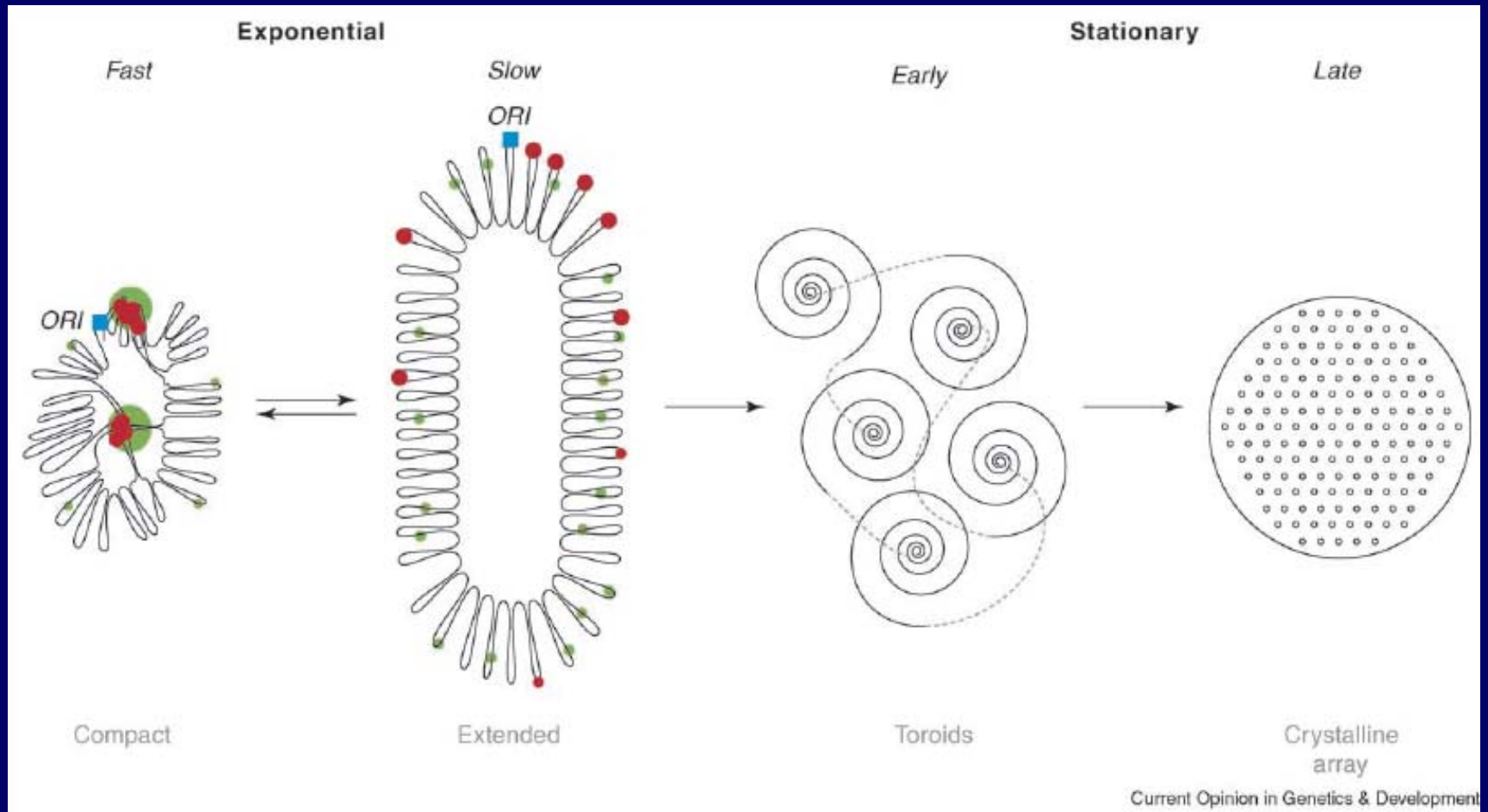
24 h-starved *E. coli* cell showing the ring-like chromatin organization.

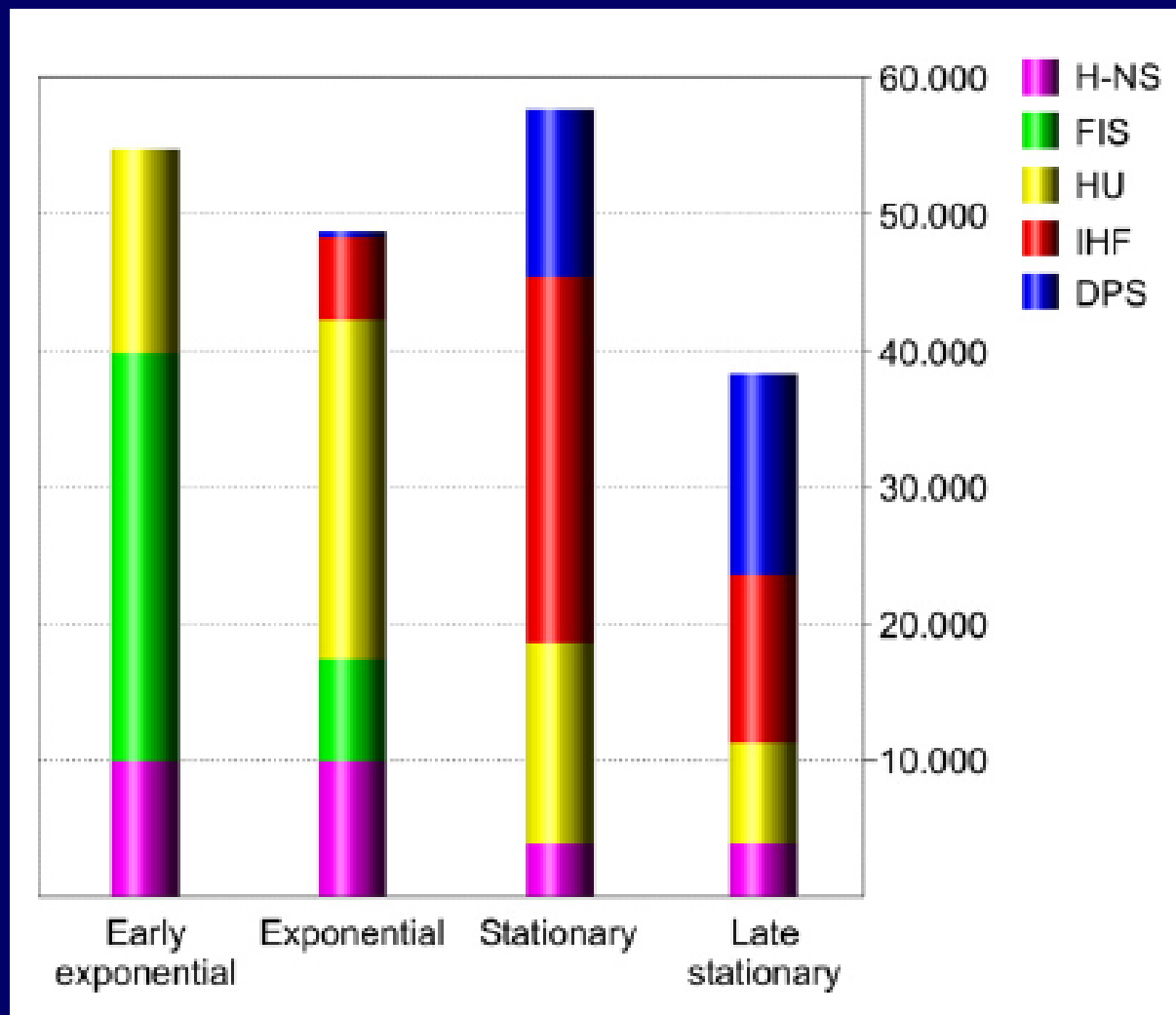
36 h-starved cell, showing ring-like DNA structures (red arrows) in close vicinity to a growing DNA–Dps co-crystal

Tomographic reconstruction

Зависимость организации нуклеоида от фазы роста.

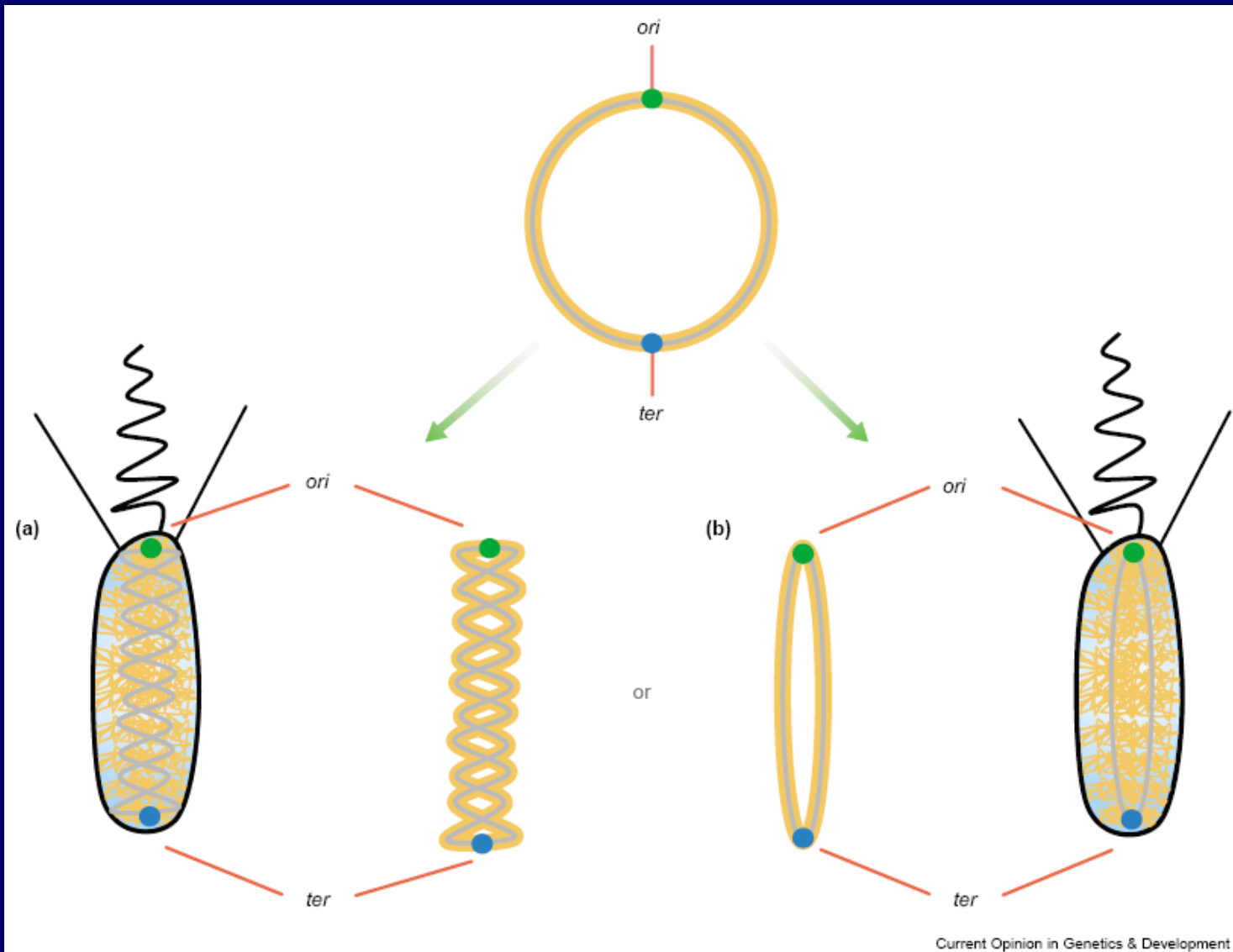
Организация петель и сайтов транскрипции зависит от общего уровня транскрипции.



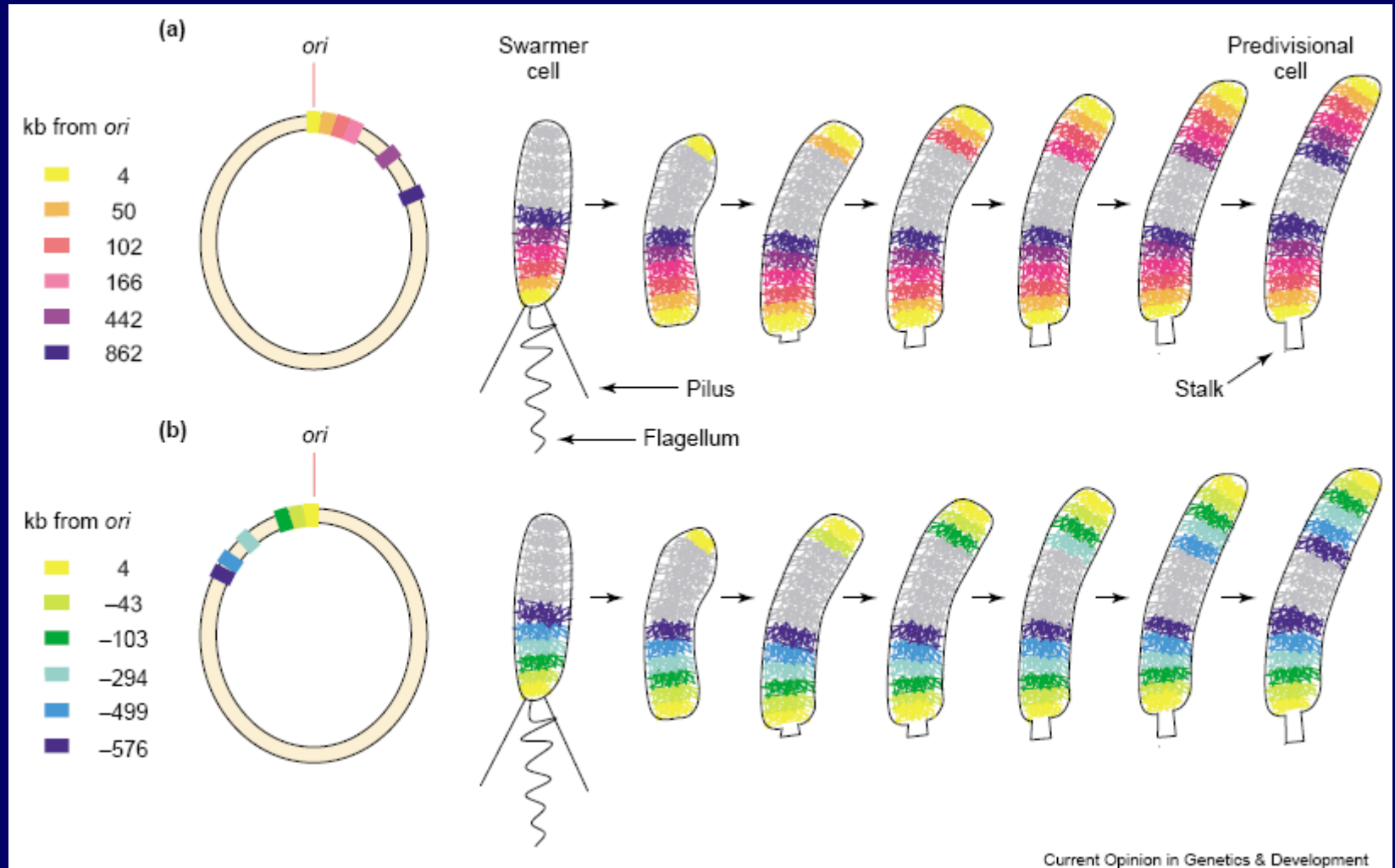


Normalized amounts (expressed in functional units) of nucleoid-associated proteins during different growth phases.

Пространственная укладка хромосомной ДНК *Caulobacter crescentus*

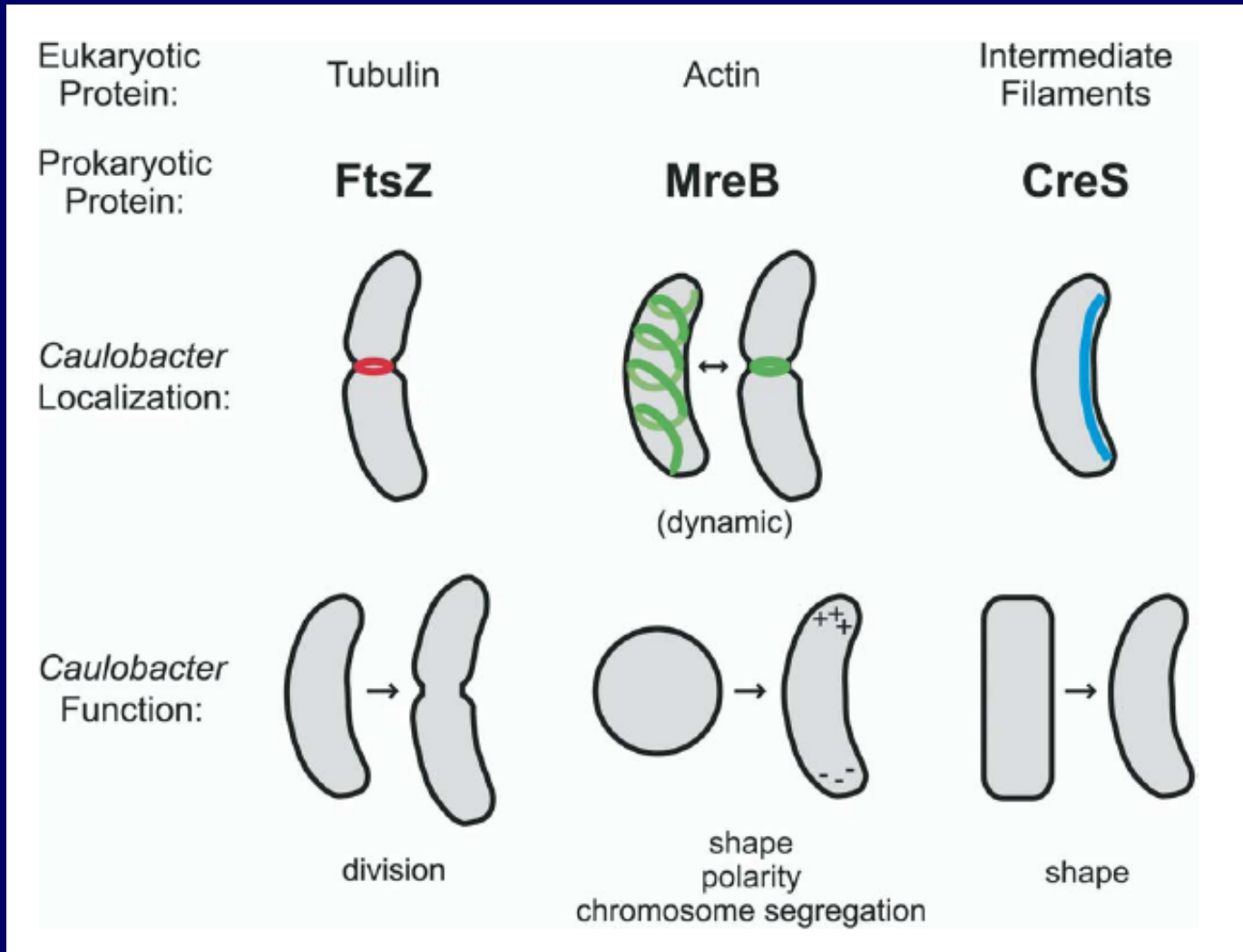


Пространственная укладка хромосомной ДНК *Caulobacter crescentus* и ее сохранение в клеточном цикле



Caulobacter crescentus – новый модельный объект для исследования клеточного цикла у бактерий. Клетки меняют морфологию на разных этапах жизненного (=клеточного) цикла.

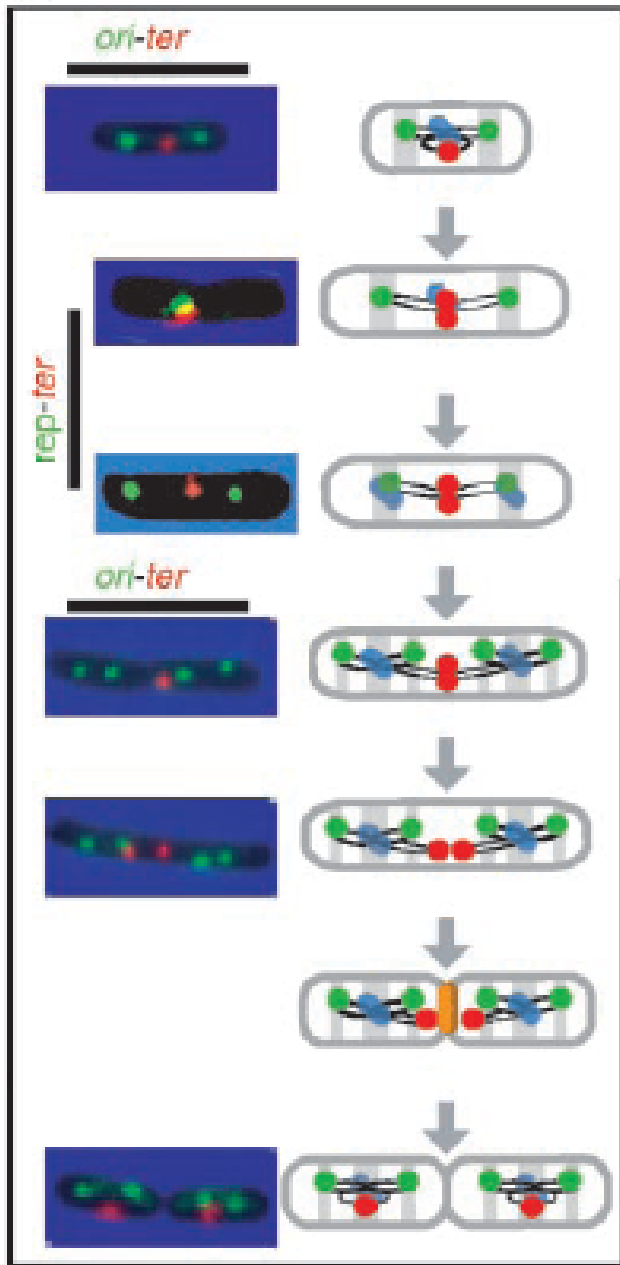
Компоненты цитоскелета *Caulobacter*



В клетках *Caulobacter* присутствуют гомологи всех основных компонентов цитоскелета эукариотических клеток

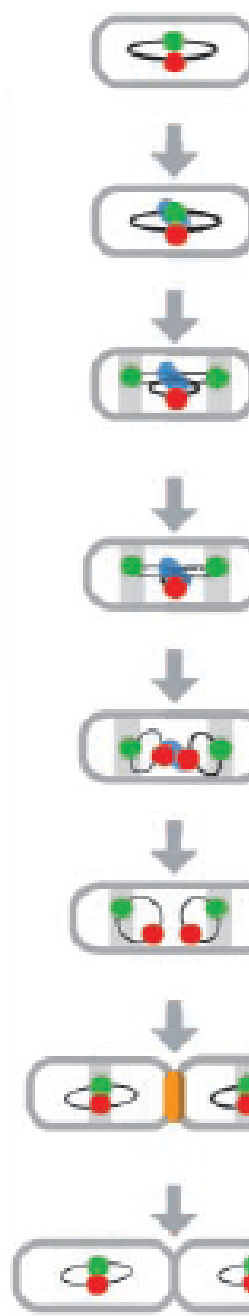
У E. coli все гораздо хуже...

Bacterial Chromosome Dynamics
Sherratt, et al. (2003) *Science* 301



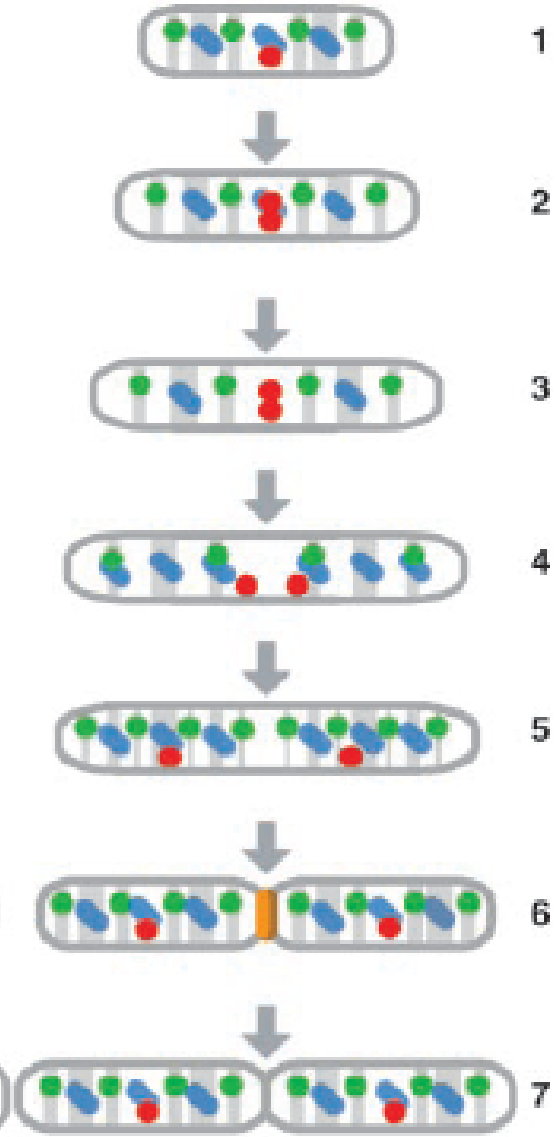
Generation time

40 min



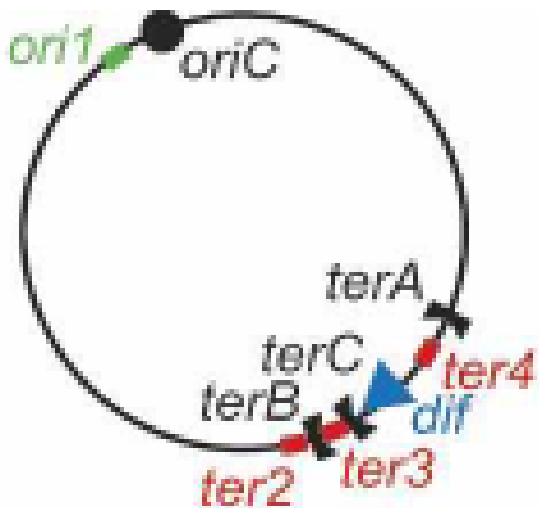
120 min

Simultaneous microscopic analysis of *ori* and *ter* regions



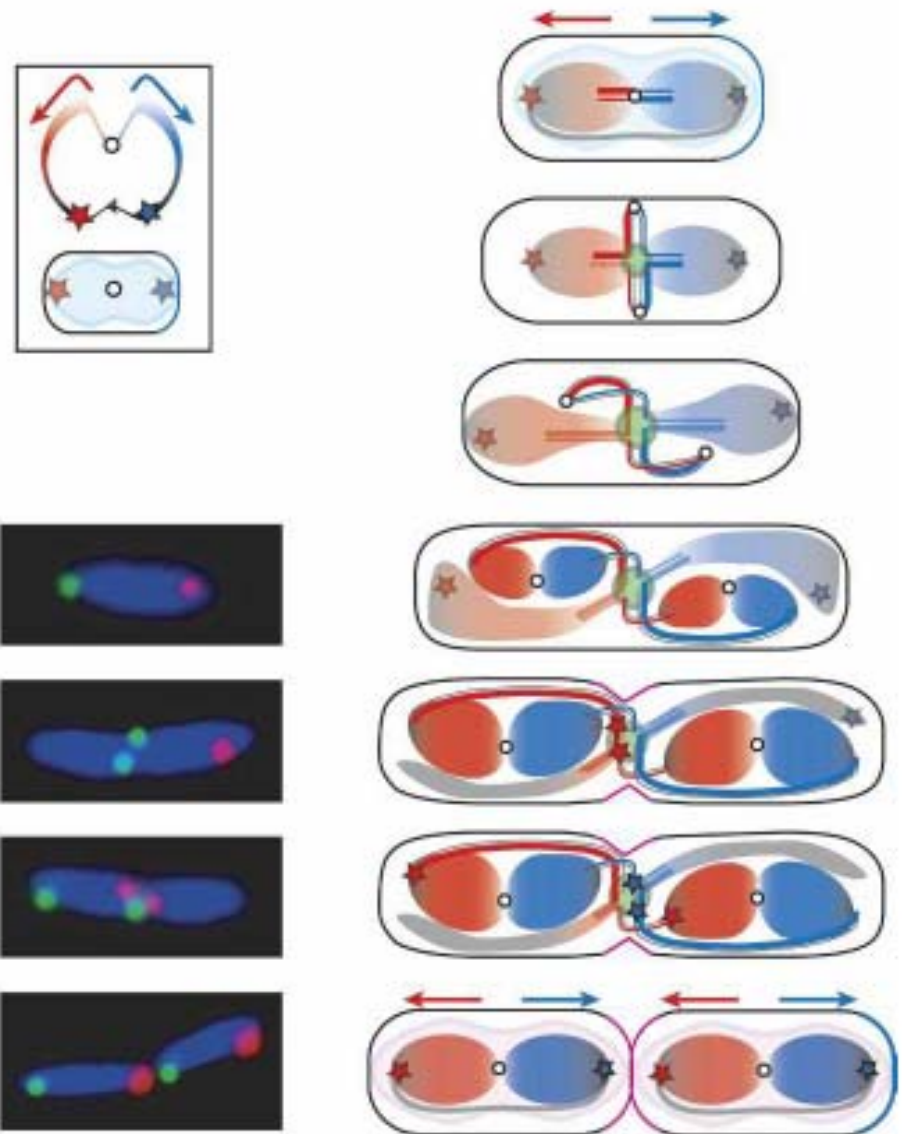
20 min

Модельная система для исследования пространственной организации реплицирующегося нуклеоида *E. coli* in vivo



ter1,2,3- искусственно вставленные участки, связывающие флюоресцентный зонд in vivo. Расположены вблизи участка встречи репликационных вилков (**dif**).

Dancing around the divisome: asymmetric chromosome segregation in *Escherichia coli*
Wang et al., 2005; *Genes & Dev.* 19: 2367-2377



Модель расхождения дочерних хромосом *E. coli*. Левая и правая репликоры окаршены соответственно красным и синим. **Ter2** (см. левый Рис.) – красная звездочка, **ter4** – синяя звездочка.