

MOLEKULÁRNÍ BIOLOGIE PROKARYOT (PS 2016)

Jiří Doškař, Ivana Mašlaňová

OSNOVA PŘEDNÁŠKY 2016

- **Úvodní přednáška: obsah přednášek, literatura, význam prokaryot**
- **Genom prokaryot a charakteristika jeho složek**
 - Struktura prokaryotického genomu, jeho základní charakteristika a informační obsah
 - Složky genomu a jejich a vzájemné interakce
 - Bakteriální chromozom
 - Plazmidy
 - Prokaryotické transponovatelné elementy
- **Využití transpozonů ke studiu prokaryotického genomu, Transpozonová mutageneze**
- **Mutace bakterií**
 - Principy mutageneze, metody selekce mutantů, jaderná segregace, fenotypové zdržení, flukтуаční test a jeho využití
- **Reparace mutačních poškození DNA u bakterií**
- **Mechanismy horizontálního přenosu genů u prokaryot**
 - Transformace (přirozená a uměle navozená)
 - Transdukce (nespecifická a specifická), kapsdukce
 - Konjugace (konjugativní plazmidy, konjugativní transpozony)
- **Obranné mechanismy bakterií vůči externí DNA, RM-systémy bakterií, antirestrikční mechanismy fágů a plazmidů, systémy CRISPR-Cas**
- **Evoluce bakteriálních genomů, podstata změn ve struktuře a obsahu genomů**

DOPORUČENÁ LITERATURA

- **Rosypal S. a kol.:** Obecná bakteriologie, SPN Praha 1981.
- **Josef F.:** Guespin-Michel J. Prokaryotic Genetic. Blackwell Science Ltd. 1993.
- **Lewin B.:** Genes V-VII, Oxford University Press, Oxford, New York Tokyo 1994-2000.
- **Maloy S.R. et al.:** Microbial Genetics, 2. vydání, Jones and Barlett Publ, Boston-London, 1994.
- **Birge E.A.:** Bacterial and bacteriophage genetics. Springer 2000.
- **Snyder L., Peters JE, Henkin TM, Champness W.:** Molecular genetics of bacteria, 4th ed. , ASM Press 2013.
- **Miller R. V., Day M. J.:** Microbial evolution – Gene establishment, Survival and Evolution. ASM Press, Washington, D.C., 2004.
- **Funnell B.E., Phillips G.J.:** Plasmid Biology, ASM Press, Washington, D.C., 2004, 2015
- **Persing D.H.** ed. Molecular Microbiology – Diagnostic Principles and Practice, ASM Press, Washington, 2011
- **Snustad P., Simmons MJ.:** Genetika, český překlad, MU 2009.
- **M.P. Francino:** Horizontal gene transfer in Microorganisms. Caister Acad. Press, Norfolk, UK 2012.
- **Alberts et al.:** Molecular biology of the cell. Garland Publ. 2015.

VÝZNAM PROKARYOT Z HLEDISKA MOLEKULÁRNÍ BIOLOGIE

- **Modelové organismy pro studium základních biologických procesů**
- **Využití bakterií v základním výzkumu (klonování genů, studium jejich exprese, atd)**
- **Výhody**
 - **krátká generační doba, vysoký počet jedinců**
 - **snadná kultivace na definovaných půdách, znalost metabolických drah**
 - **existence dobře definovaných mutant**
 - **dobře přístupné studiu, snadná izolace biol. makromolekul a struktur**
 - **studium evoluce - možnost sledování genetických změn v krátkých časových intervalech**

PRAKTICKÝ VÝZNAM PROKARYOTICKÝCH ORGANISMŮ

- patogenita řady druhů (parazitismus - symbioza)**
- využití v tradičních biotechnologiích (kvasný průmysl, příprava nápojů a potravin)**
- producenti významných látek (antibiotika, enzymy, farmaka, sekundární metabolity)**
- producenti cizorodých látek připravených metodami GI (např. inzulin, hormony, protilátky aj.)**
- příprava probiotických preparátů (úprava mikrobiomu, mikrobiota)**
- příprava vakcín genetickou modifikací („infektomika“)**
- využití extrémofilů a jejich produktů (bakterie a archea)**

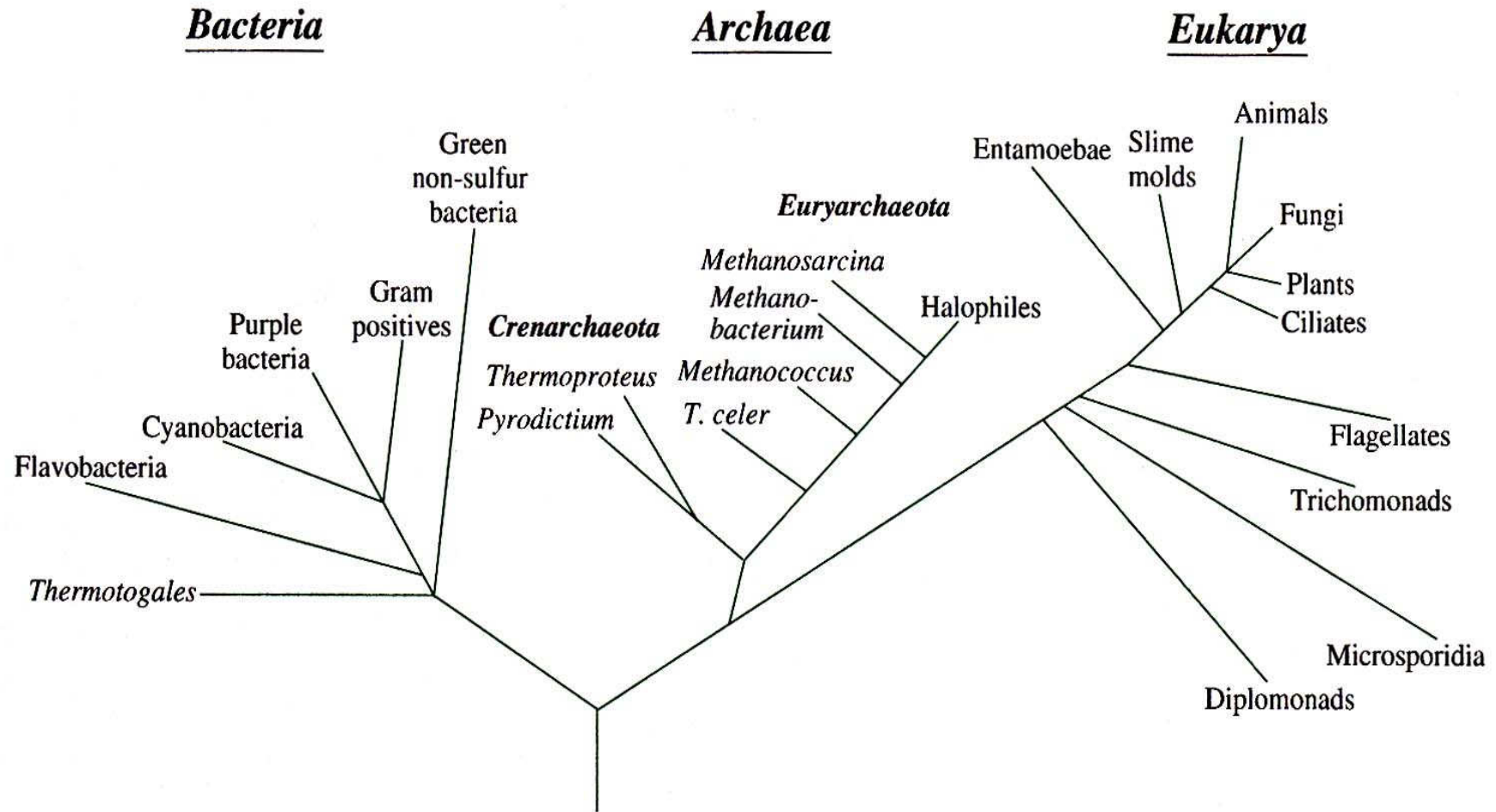
Současné trendy v oblasti molekulární biologie prokaryot

A. poznání struktury genomu a funkce jeho složek

- vytváření cílených změn genomu za účelem navození nových vlastností:
- - příprava produkčních kmenů v biotechnologiích
- - **Interakce bakterií s hostitelem (patogenní a potenciálně patogenní druhy) – antigenní struktury x imunitní odpověď**
- - příprava vakcín
- - vyhledání buněčných cílů pro nová terapeutika

B. objasnění mechanismů evoluce

- charakter (makro)mutačních změn genomů
- úloha horizontálního přenosu genů v evoluci genomů (objasnění vzniku kmenů rezistentních k léčivům nebo kmenů se zvýšenou virulencí, vznik nových druhů)

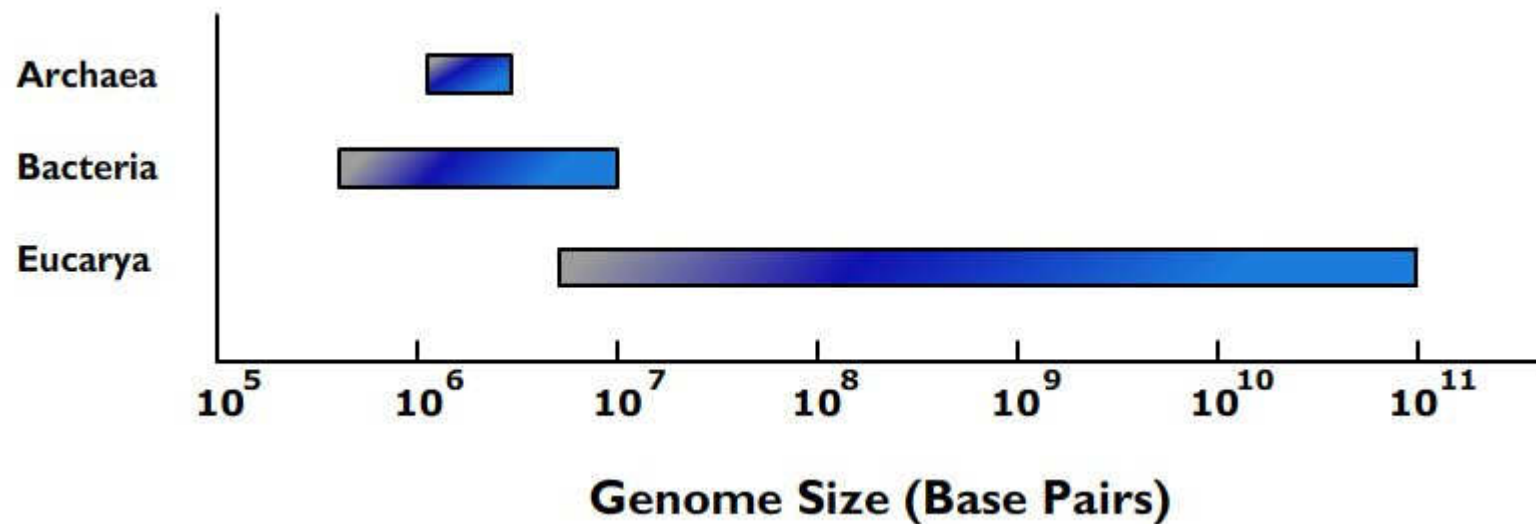


UNIVERSAL PHYLOGENETIC TREE.

Více než 5 000 popsaných bakteriálních druhů ~ 1% dosud známých (odhad 5-10 milionů druhů)

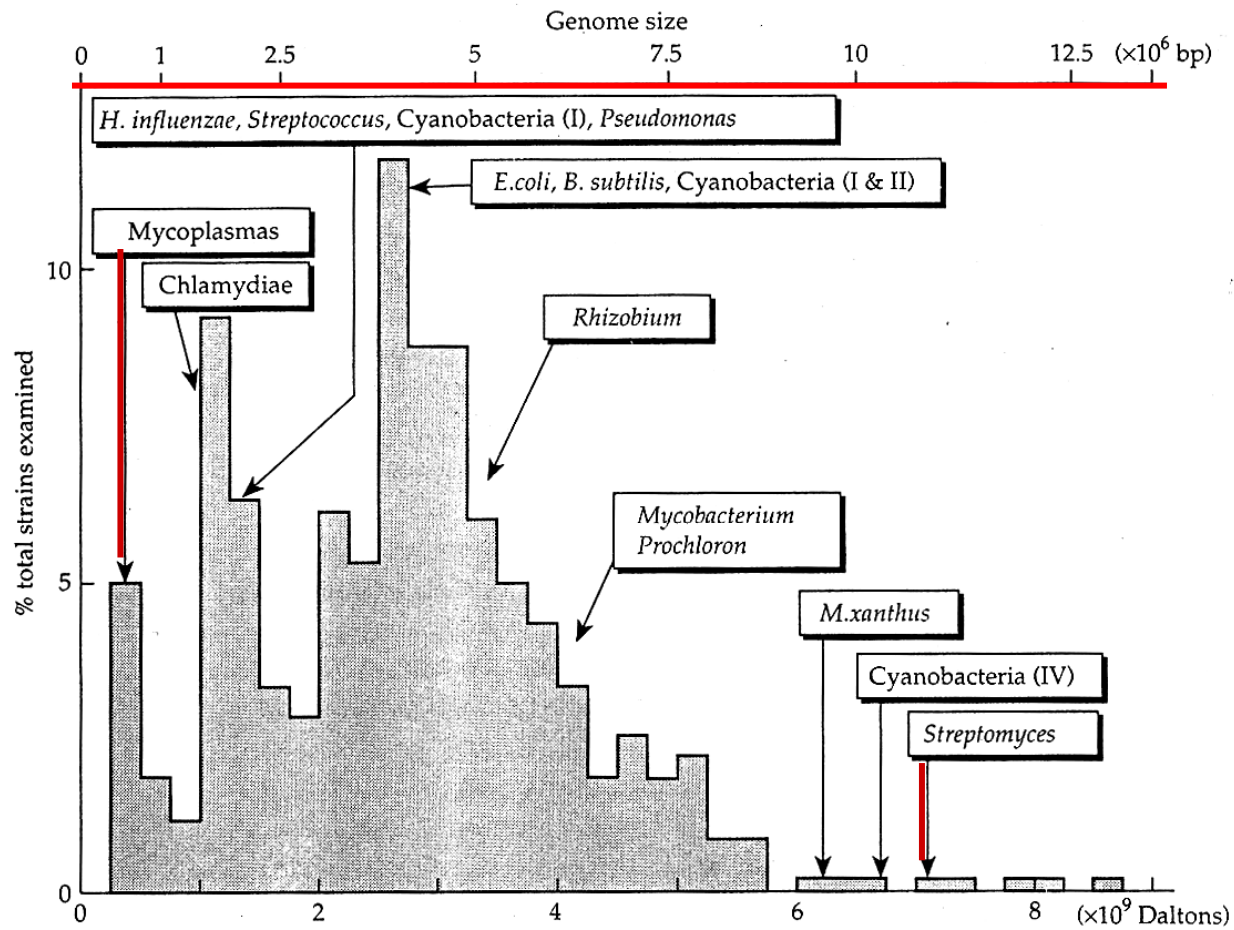
10,000,000,000,000,000,000 (10¹⁹) or a ten quintillion

SROVNÁNÍ VELIKOSTI GENOMŮ PROKARYOT A EUKARYOT



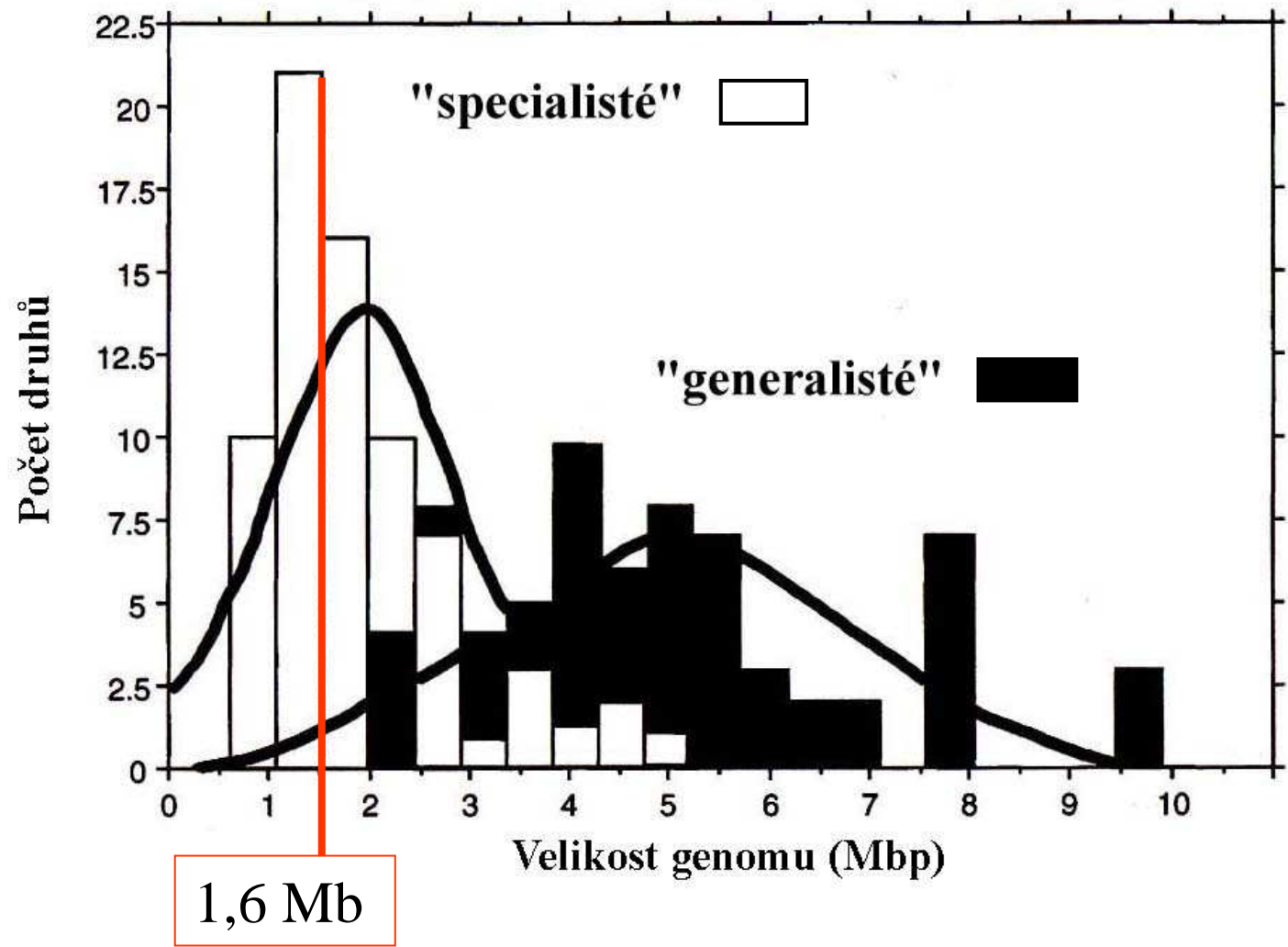
U prokaryot neplatí paradox hodnoty C

Velikost genomu vybraných druhů bakterií

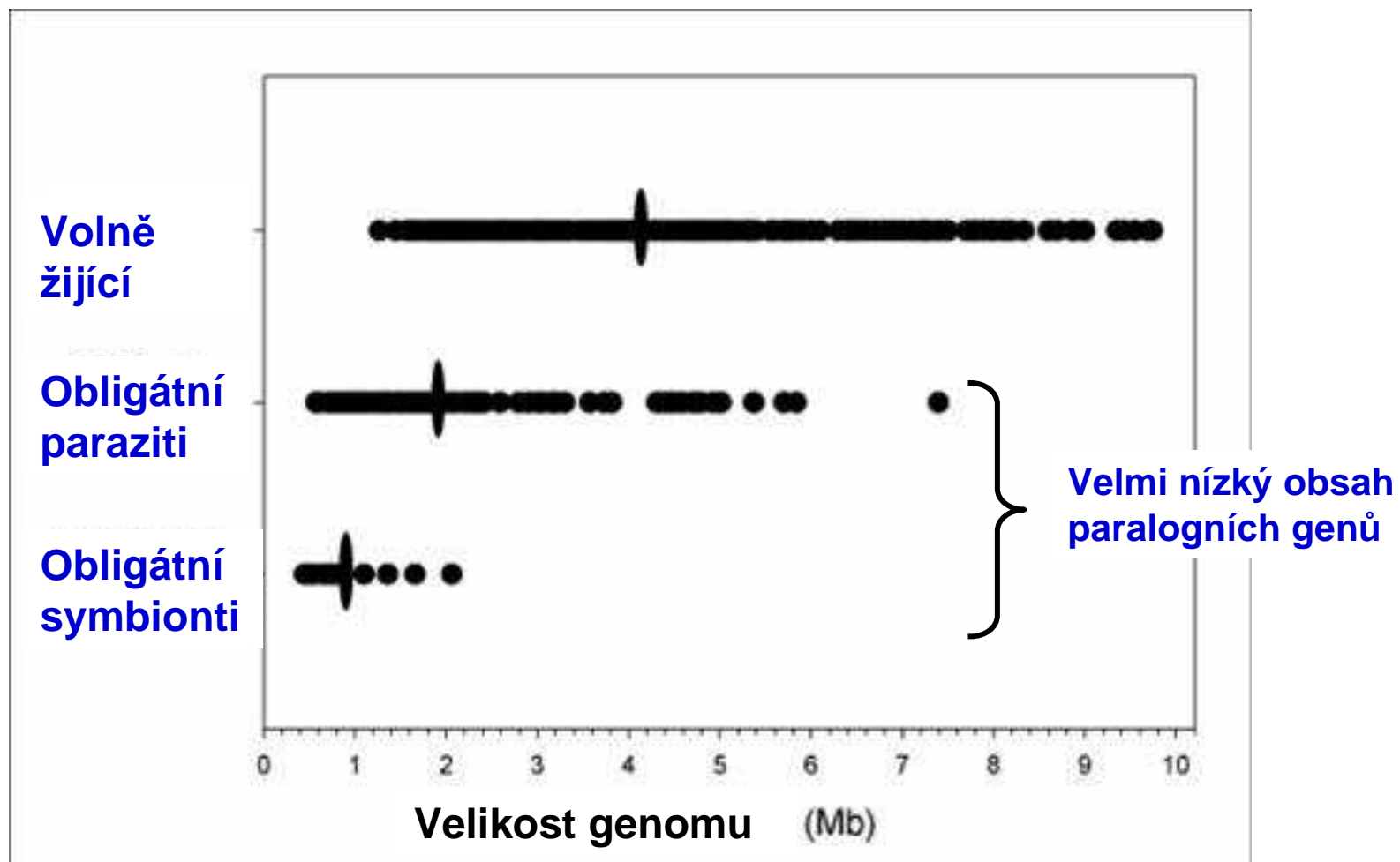


Obsah GC = 22-75 mol%

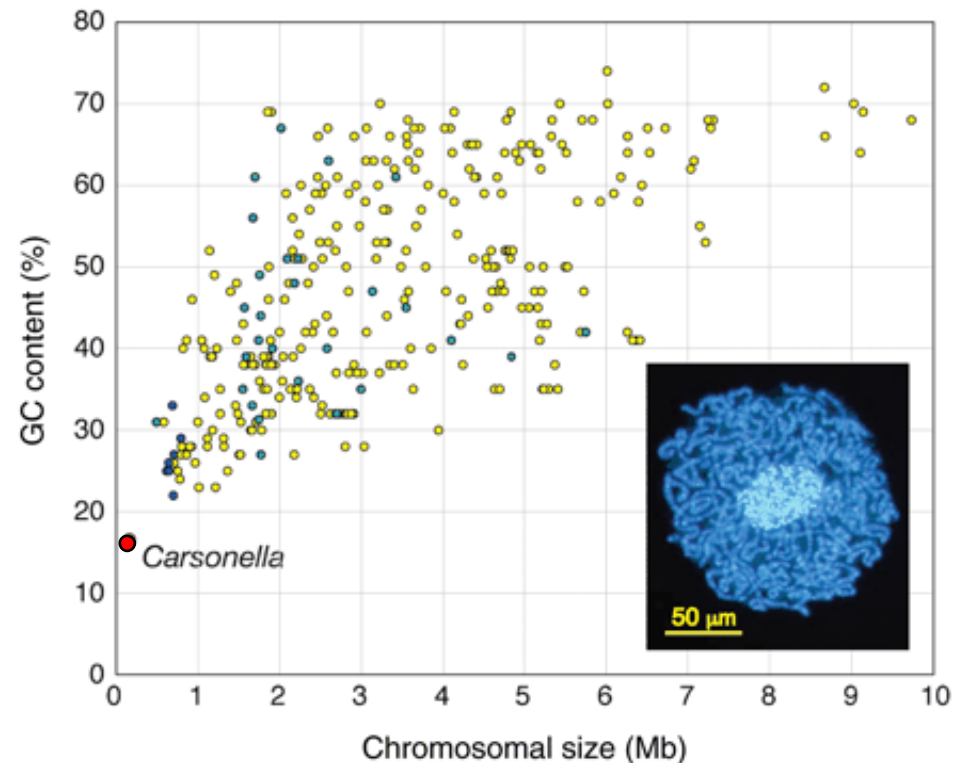
Velikost genomu prokaryot



Velikost genomů bakterií podle jejich životního stylu



Symbiont *Carsonella ruddii*, which consists of a circular chromosome of 159,662 base pairs, 182 ORFs, averaging 16.5% GC content. It is by far the smallest and most AT-rich bacterial genome yet characterized. The genome has a high coding density (97%) with many overlapping genes and reduced gene length. Genes for translation and amino acid biosynthesis are relatively well represented, but numerous genes considered essential for life are missing, suggesting that *Carsonella* may have achieved organelle-like status.



Relationship between genome sizes and GC content of 358 complete genomes from Bacteria and Archaea: red indicates *Carsonella*; blue represents endosymbionts *Buchnera*, *Blochmannia*, *Wigglesworthia*, and *Baumannia*; yellow, other Bacteria; and green, Archaea

Genome reduction appear to reach limits of about 400 kb and about 20% GC, which are believed to be the minimal limits for cellular organisms

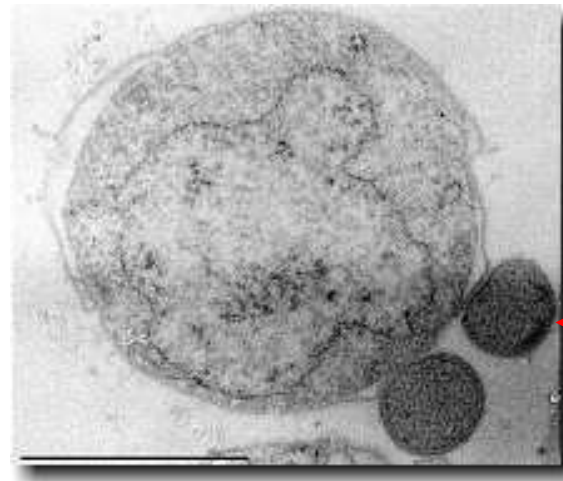
Carsonella ruddii (nebo též *Candidatus C. ruddii*, protože nebyla kultivována) je endosymbiotická proteobakterie s nejmenším genomem ze všech buněčných organismů.[1] *Carsonella ruddii* žije uvnitř těla určitého druhu mer, drobného hmyzu. Má jen 159 662 párů bází a jejich genom je složen pouze z 182 genů, což je méně, než bylo vydáváno za minimální nutné množství genů k životu.[1] Mnoho důležitých genů patrně chybí, a tak se zdá, že se *Carsonella* dostává v těle svého hostitele do pozice „organely“.[2]

Nanoarchaeum equitans

Nanoarchaeum equitans je neobvyklý druh [archea](#), objevený v roce 2002. Většinou je řazen do samostatného kmene [Nanoarchaeota](#), přestože některé studie ho řadí k [Euryarchaeota](#). Dosahuje i na [prokaryotické](#) poměry velmi drobných rozměrů. Byl objeven v mořích poblíž [Islandu](#) mikrobiologem [Karlem Stetterem](#) a jeho kolegy.

Popis

Nanoarchaeum byl objeven v horké vodě poblíž [hydrotermálních průduchů](#) v mořích u Islandu. Jelikož zde voda dosahuje bodu varu, jedná se o [hypertermofila](#). Zajímavou skutečností je fakt, že zde *Nanoarchaeum* žije v symbiotickém vztahu s jiným archeonem, a to z rodu [Ignicoccus](#). Tento vztah je některými vědci považován za [parazitismus](#) a *Nanoarchaeum* je tedy zatím jediným známým [parazitem](#) z domény [archea](#).^[6] *Nanoarchaeum* je extrémně drobný, jeho [kokovité](#) buňky mají v průměru asi 400 [nm](#). Také **genom je velmi malý a je vůbec nejmenší mezi všemi buněčnými organismy: má jen 490 885 párů [bází](#). Tato DNA je však velmi efektivní a 95% jsou kódující sekvence (kódují [proteiny](#) či některé druhy [RNA](#)).**^[6] Na **druhou stranu však nebyly nalezeny geny pro [biosyntézu lipidů](#), [kofaktorů](#), [aminokyselin](#) či [nukleotidů](#).**

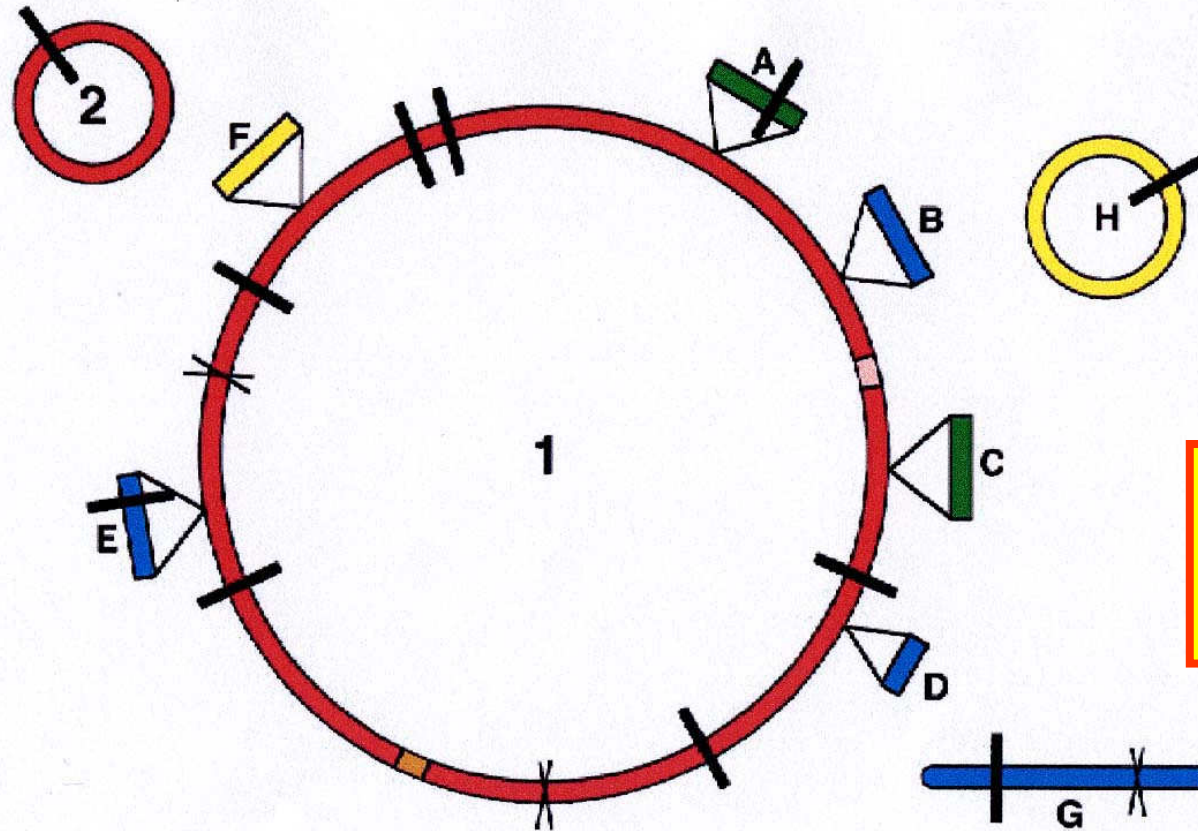


Nanoarchaeum equitans

STRUKTURA PROKARYOTICKÝCH GENOMŮ

Mozaikový charakter

Vysoká dynamika a plasticita



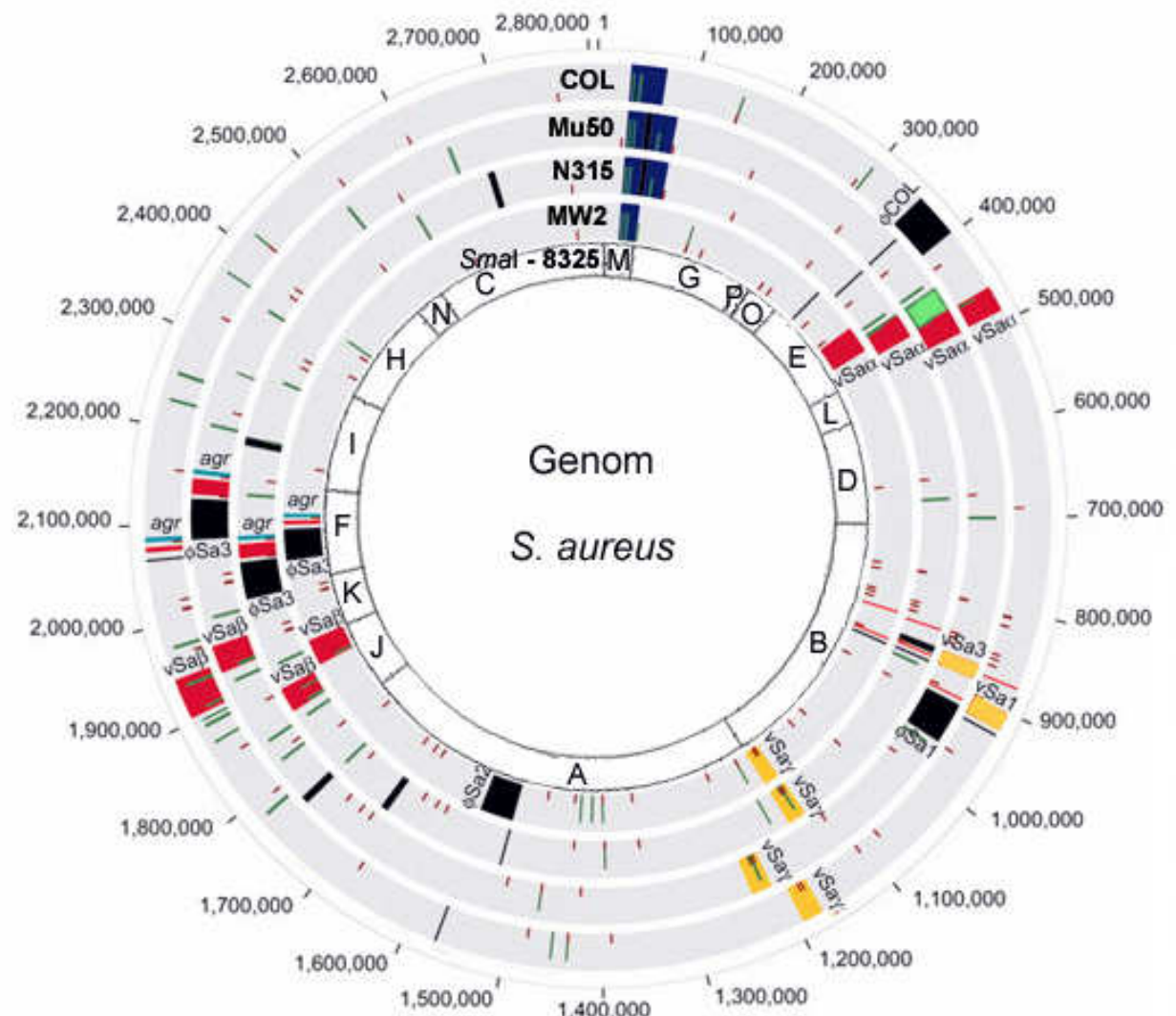
Rozdíly v obsahu VGE u různých druhů

- Endochromozomy (1,2)**
Přídavné genetické elementy (A-H)
- Plazmidy (H, F)
 - Profágy a defektní profágy (B, D, E, G)
 - Genomické ostrovy (A, C)
 - IS-elementy, transpozony, integrony (I)

Variabilní složka genomu – adaptace na prostředí

Variabilní genetické elementy (VGE) (20 % genomu *S. aureus*)

-  Chromozomové kazety rezistence k meticilinu (SCCmec)
-  Jedinečné ostrovy patogenity (SaPI)
-  Společné genomické ostrovy
-  Profágy
-  Lokus přídatného genového regulátoru (*agr*)
-  Integrované plazmidy
-  Repetitivní elementy (STAR)
-  Inzerční sekvence a transpozony



Pangenom (supra-genom)

Soubor genů u daného druhu bakterií nebo archeí

- odpovídá počtu genů zjištěných u kmenů daného druhu – obsah a forma genů u různých kmenů se výrazně liší.

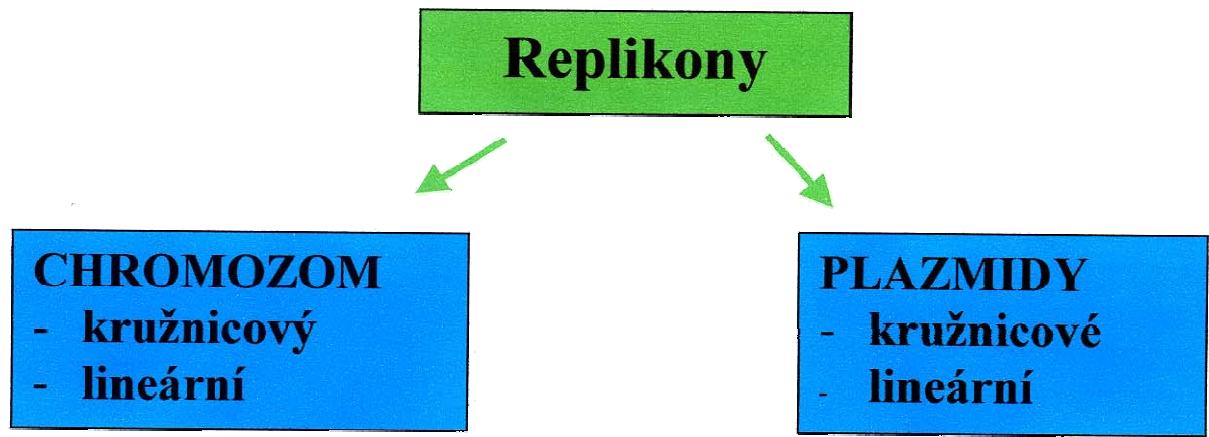
„Core“ genom – geny přítomné u všech kmenů

Postradatelná část genomu – geny přítomné jen u dvou nebo více kmenů

Jedinečné geny – geny vyskytující se pouze u jednoho kmene

Pangenom určitého bakteriálního druhu může být až řádově vyšší než jsou genomy jednotlivých kmenů

TOPOLOGIE PROKARYOTICKÉHO GENOMU



DRUH	CHROMOZOMY		PLAZMIDY	
	KRUŽNICOVÉ	LINEÁRNÍ	KRUŽNICOVÉ	LINEÁRNÍ
<i>Escherichia coli</i>	1 (4,6 Mb)		několik	
<i>Bacillus cereus</i>	1 (5 Mb) 1 (2,4 Mb)		0 několik (2,6 Mb)	
<i>Vibrio cholerae</i>	2 (2,9+1,1 Mb)			
<i>Borrelia burgdorferi</i>		1 (0,9Mb)	9 (kb)	12 (kb)
<i>Agrobacterium tumefaciens</i>	1 (2,8 Mb)	1 (2,1 Mb)	2 (0,75 Mb)	
<i>Streptomyces lividans</i>	1 (8 Mb)			1 (50 kb)

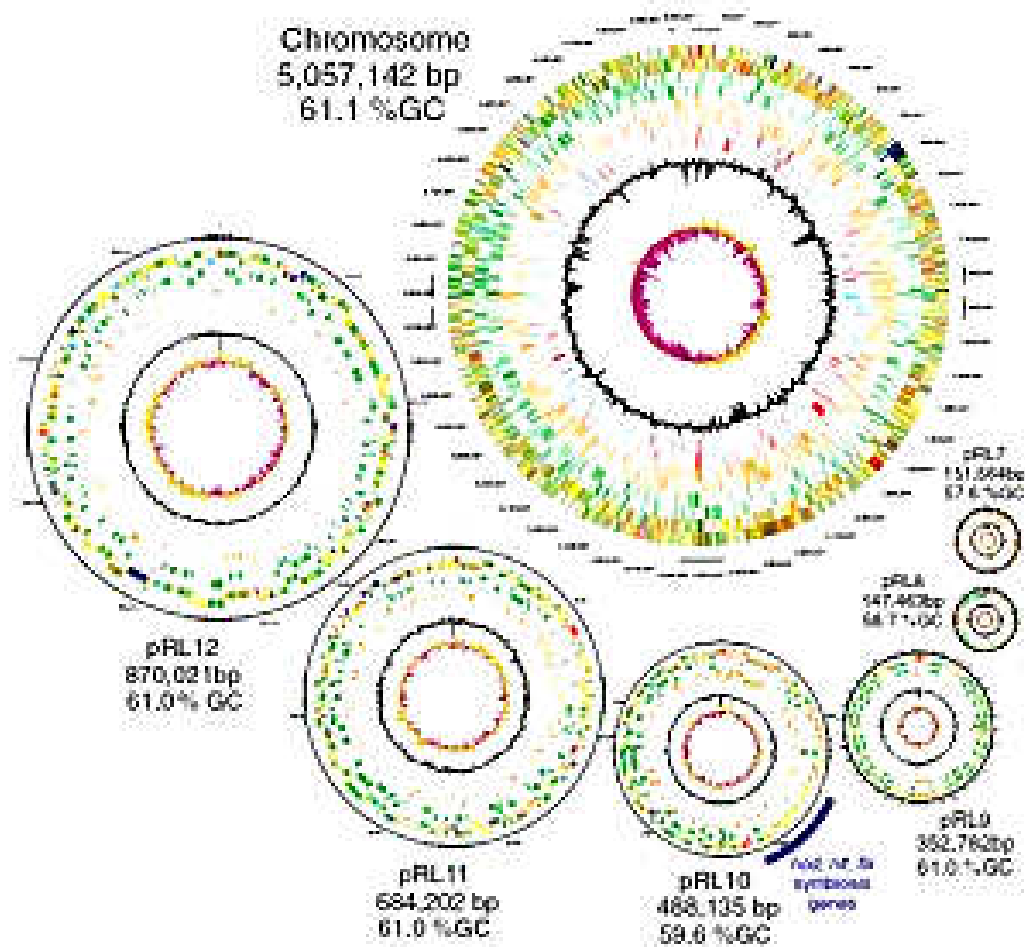
Some examples of bacterial genome organization

Bacteria	Chromosome(s)	Plasmid(s)
<i>Agrobacterium tumefaciens</i>	one linear (2.1 Mb) + one circular (3.0 Mb)	two circular (450 + 200 Kb)
<i>Bacillus subtilis</i>	one circular (4.2 Mb)	
<i>Bacillus thuringiensis</i>	one circular (5.7 Mb)	six (each >50 Kb)
<i>Borrelia</i>	one linear (0.91 Mb)	multiple circular + linear (5-200 Kb)
<i>Bradyrhizobium japonicum</i>	one circular (8.7 Mb)	
<i>Brucella melitensis</i>	two circular (2.1 + 1.2 Mb)	
<i>Brucella suis</i> biovars 1, 2, 4	two circular (1.0 + 2.0 Mb)	
<i>Brucella suis</i> biovar 3	one circular (3.1 Mb)	
<i>Buchnera sp.</i> strain APS	one circular (640 Kb)	two circular (<7.8 Kb each)
<i>Deinococcus radiodurans</i>	two circular (2.6 + 0.4 Mb)	two circular (177 + 45 Kb)
<i>Escherichia coli</i> K-12	one circular (4.6 Mb)	
<i>Leptospira interrogans</i>	two circular (4.7 + 0.35 Mb)	
<i>Paracoccus denitrificans</i>	three circular (2.0 + 1.1 + 0.64 Mb)	
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	single circular (6.3 Mb)	
<i>Rhizobacterium meliloti</i>	two circular (3.4 + 1.7 Mb)	one circular megaplasmid (1,400 Kb)
<i>Rhodobacter sphaeroides</i>	two circular (3.0 + 0.3 Mb)	
<i>Ureaplasma urealyticum</i>	one circular (0.75 Mb)	
<i>Vibrio cholerae</i>	two circular (2.9 + 1.1 Mb)	
<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	two circular (3.2 + 1.9 Mb)	
<i>Xylella fastidiosa</i>	one circular (2.7 Mb)	two circular (51 + 1.3 Kb)

Počet kopií chromozomu: 1-40/buňku (haploidie, ~polyploidie)

MCLR – multiple chromosome-like replicons – známy u 44 druhů

Hlavní chromozom *Rhizobium leguminosarum* o velikosti 5 Mb a soubor plazmidů o velikostech od 0.87 do 0.15 Mb, které dohromady představují 35% celého genomu



Příklady bakteriálních druhů obsahujících více chromozomů

Bacterium	Strain/origin (T = type strain)	No. of replicons ^a	Sizes of replicons (Mb) ^b	Genome size (Mb)	Method of analysis ^c
<i>Agrobacterium radiobacter</i> bv. 1	CFBP 2414 ^T	3(2)	3.0*, 2.1(L)*, 0.68	5.78	PFGE
<i>A. tumefaciens</i> bv. 1	ATCC 23308 ^T	4(2)	3.0*, 2.1(L)*, 0.55, 0.25	5.90	PFGE
<i>A. tumefaciens</i>	C58	4(2)	3.0* ² , 2.0* ² (L), 0.55, 0.21	5.70	Genome
<i>Azospirillum brasilense</i>	FP2	7(4)	2.5*, 1.72*, 0.81(L)*, 0.7(L), 0.63(L)*, 0.17, 0.15	6.70	PFGE
<i>A. lipoferum</i>	Sp59b	7(6)	2.6*, 1.8*, 1.38*, 1.18(L)*, 0.97(L)*, 0.71(L), 0.65(L)*	9.70	PFGE
<i>Brucella melitensis</i>	16M	2(2)	2.1* ² , 1.2*	3.30	Genome
<i>B. abortus</i>	544	2(2)	2.1* ² , 1.2*	3.30	PFGE
<i>B. suis</i>	1330	2(2)	2.1* ² , 1.2*	3.30	PFGE
<i>Mycoplana dimorpha</i>	ATCC 4279 ^T	3(NE)	3.2, 0.3, 0.15	3.15	PFGE PFGE
<i>Ochrobactrum anthropi</i>	ATCC 49188 ^T	4(2)	2.7*, 1.9*, 0.15, 0.1	4.85	PFGE PFGE
<i>Paracoccus denitrificans</i>	Pd1222	3(NE)	2.0, 1.1(L), 0.64(L)	3.74	PFGE PFGE
<i>Phyllobacterium myrsinacearum</i>	ATCC	5(1)	3.5*, 0.68, 0.5, 0.365, 0.285	5.33	PFGE PFGE
<i>Rhizobium leguminosarum</i> bv. trifolii	ATCC 14480 ^T	4(1)	4.6*, 1.1, 0.65, 0.45	6.80	PFGE PFGE PFGE
<i>Rhizobium</i>	ATCC 14482 ^T	4(NE)	4.6, 1.1, 0.45, 0.285	6.435	PFGE
<i>R. capsulatus</i>	SB1003	2(1)	3.8*, 0.134	3.93	Genome
<i>R. sphaeroides</i> ^d	2.4.1	7(2)	3.110*, 0.9* ² , 0.114, 0.113, 0.104, 0.101, 0.037	4.48	Genome
<i>Sinorhizobium</i>	ATCC 35423 ^T	3(1)	4.0*, 2.2, 0.45	6.65	PFGE

Bacterium	Strain/origin (T = type strain)	No. of replicons ^a	Sizes of replicons (Mb) ^b	Genome size (Mb)	Method of analysis ^c
<i>Burkholderia cepacia</i> ^e	ATCC 25416	4(3)	3.7* ⁴ , 3.2*, 1.1*, 0.2	8.20	PFGE
<i>B. cepacia</i> ^e	C1 (CF patient, Wales)	3(NE)	3.1, 1.9, 0.1	5.10	PFGE
<i>B. cepacia</i> ^e	NCPFB 2993 (rotting onion, USA)	3(NE)	3.4, 3.1, 1.1, 0.2	7.80	PFGE
<i>B. cepacia</i> ^e	NCIMB 9087 (rotting tree trunk, Trinidad)	3(NE)	3.2, 3.0	6.20	PFGE
<i>B. gladioli</i> ^e	NCPFB 2478	2(NE)	3.2, 3.0	5.20	PFGE
<i>B. glumae</i> ^e	PG1	2(NE)	3.8, 3.0	6.80	PFGE
<i>Ralstonia</i> (<i>Alcaligenes</i>) <i>eutropha</i>	H16	3(2)	4.1*, 2.9*, 0.44	7.10	PFGE
<i>Ralstonia solanacearum</i>	GMI1000	2(2)	3.7* ³ , 2.1*	5.80	Genome
<i>Buchnera aphidicola</i> sp. APS		3(1)	0.64*, 0.078, 0.073	0.80	Genome
<i>Vibrio cholerae</i>	El Tor N16961	2(1)	3.0* ⁸ , 1.0	4.00	Genome
<i>V. parahaemolyticus</i>	AQ4673	2(2)	3.2* ⁴ , 1.9*	5.10	PFGE
<i>V. mimicus</i>	2031	2(NE)	2.4, 1.6	4.00	PFGE
<i>Deinococcus radiodurans</i>	R1	4(1)	2.6* ⁶ , 0.4, 0.2, 0.045	3.30	Genome
<i>Leptospira interrogans</i> serovar ictero- haemorrhagiae	Verdun	2(1)	4.6*, 0.35	5.00	PFGE

^aThis column gives the number of replicons that make up the genome of each organism. In parentheses are the numbers of replicons that hybridize or are shown to have 16S ribosomal RNA (*rm*) genes through sequencing. If 16S ribosomal RNA hybridization was not carried out, this is indicated by NE (not examined).

^bThe sizes of the replicons are given in megabase pairs. (L) indicates that a replicon is linear rather than circular. An asterisk (*) indicates that a 16S *rm* gene or a *rm* operon has been detected by hybridization or sequencing. A number after an asterisk indicates the number of *rm* hybridization signals or operons that were detected on the replicons by hybridization or sequencing, e.g., *A. tumefaciens* C58 has the following entry; 3.0*², 2.0*²(L), 0.55, 0.21, meaning that there are two *rm* operons on the 3.0-Mb replicon, two *rm* operons on the 2.0-Mb linear replicon, and no *rm* operons on the smaller replicons.

^cIndicates whether pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) or genome sequencing was the method used to determine the size and number of the replicons and the locations of their ribosomal RNAs.

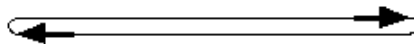
^dIn addition to *R. sphaeroides* 2.4.1 at least 23 other strains are known to contain multiple chromosomes.

^eIn addition to the four strains of *B. cepacia* given as examples in the table, 25 other strains are known to contain multiple large replicons. Two other *Burkholderia* species, *B. glathei* and *B. pickettii*, have also been shown to contain multiple replicons greater than 1.0 Mb in size.

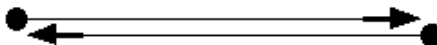
PŘÍKLADY PROKARYOT S LINEÁRNÍM CHROMOZOMEM

- *Streptomyces* (*S. ambofaciens*, *S. lividans*) 10 Mb
- *Borrelia burgdorferi* (*B. hermsii*) 0.95 Mb
- *Coxiella burnetii* 2,1 Mb
- *Paracoccus denitrificans* - tři molekuly DNA
 - 2 Mb; 1,1 Mb; 0,64 Mb, dvě jsou lineární
- *Agrobacterium tumefaciens* - tři molekuly DNA
 - 3,0 Mb; 2,1 Mb; 0,55 Mb; 0,25 Mb

Vlásenkové telomery

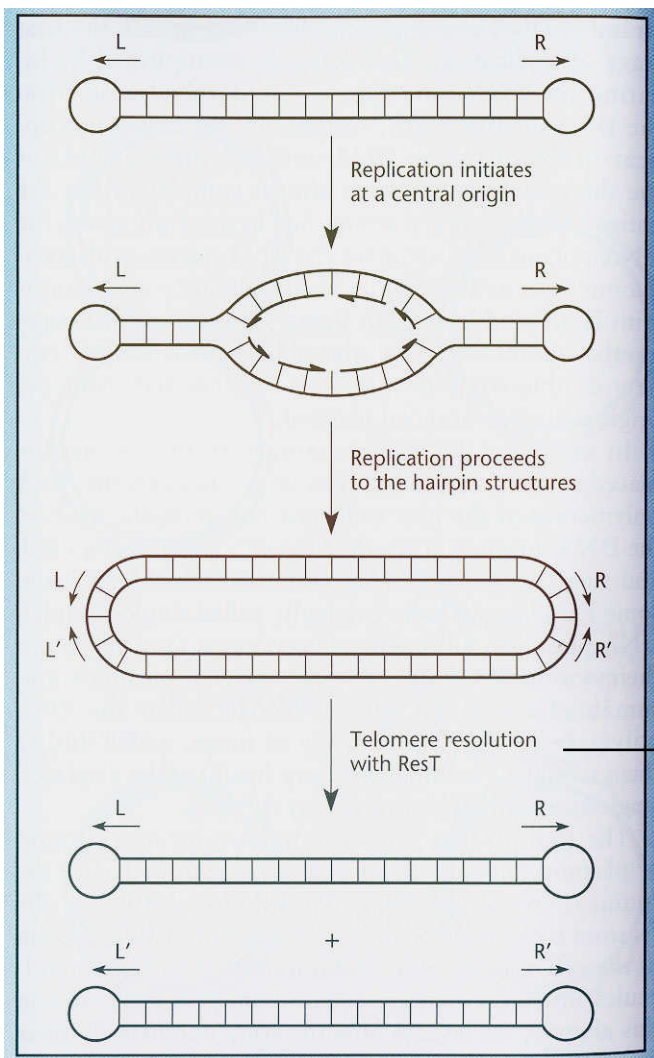


Invertronové telomery



dNTP vázající se na TP (telomerový protein) poskytuje 3'-OH

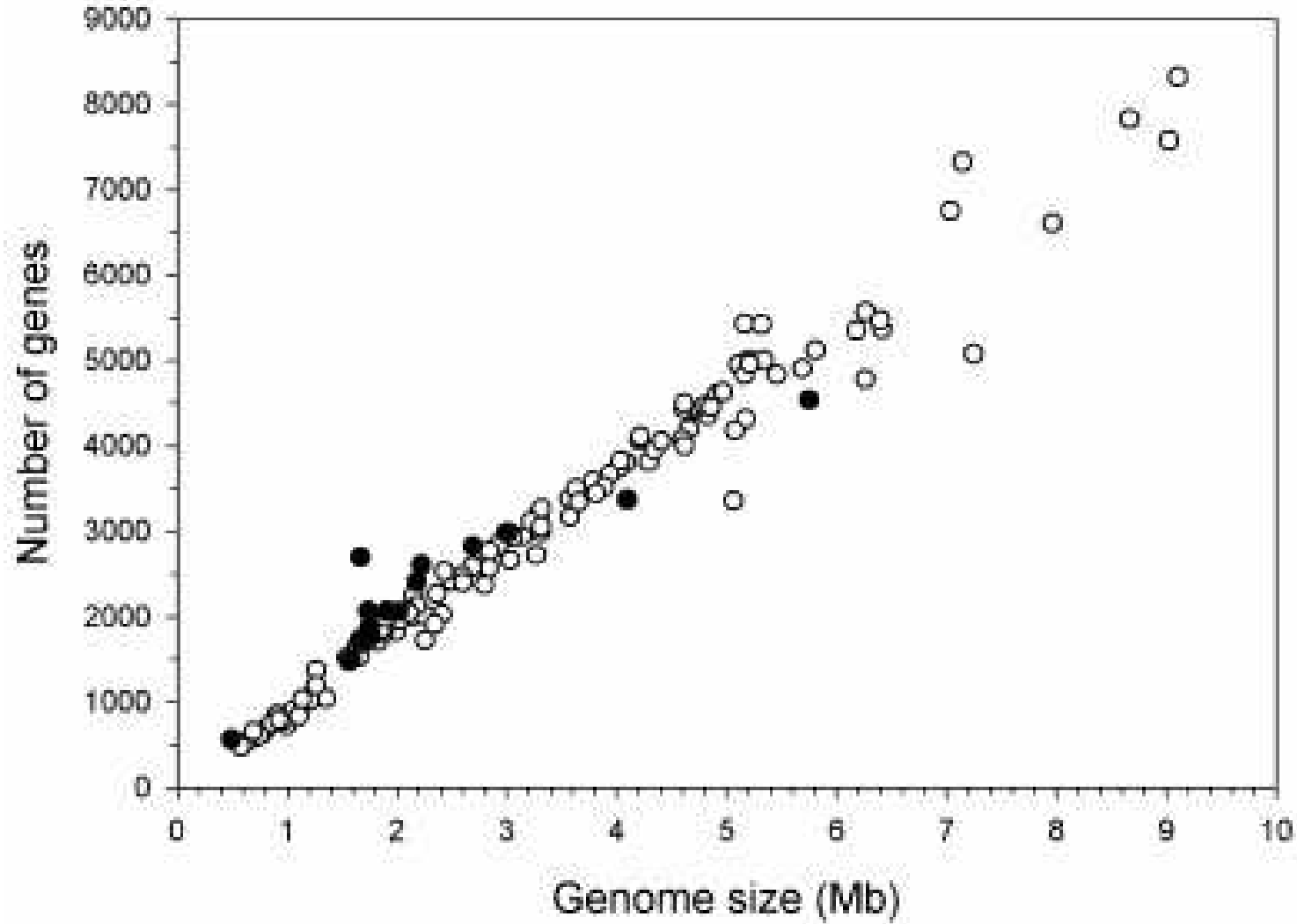
Replikace lineárního chromozomu u bakterií r. *Borrelia*



Protein ResT (telomere resolvase protein) vytvoří zlomy v obou řetězcích a znovuspojí je za vzniku vlásenek

Bakteriofág N15 – koncová oblast *tos* jeho lineárního genomu + protein TelN – přenos těchto elementů do *E. coli* vede k linearizaci jejího chromozomu

Velikost genomu a počet genů u bakterií a archeí



SEKVENOVANÉ GENOMY PROKARYOT

<http://www.sanger.ac.uk/resources/downloads/bacteria/>



Species	Strain	Type	bp	Genes
Acidobacteria bacterium	Ellin345	Acidobacteria	5,650,368	4,777
Acinetobacter sp.	ADP1	Proteobacteria Gammaproteobacteria	3,598,621	3,325
Agrobacterium tumefaciens	C58	Proteobacteria Alphaproteobacteria	2,841,581	2,722
Anabaena nostoc	PCC7120	Cyanobacteria Nostocales	6,413,771	5,368
Anabaena variabilis	ATCC29413	Cyanobacteria Nostocales	6,365,727	5,039
Anaeromyxobacter dehalogenans	2CP-C	Proteobacteria delta-epsilon	5,013,479	4,346
Anaplasma marginale	StMaries	Proteobacteria Alphaproteobacteria	1,197,687	949
Anaplasma phagocytophilum	HZ	Proteobacteria Alphaproteobacteria	1,471,282	1,264
Aquifex aeolicus	VF5	Aquificae Aquificae	1,551,335	1,522
Azoarcus sp.	EbN1	Proteobacteria Betaproteobacteria	4,296,230	4,128
Bacillus anthracis	Ames	Firmicutes Bacilli	5,227,293	5,311
Bacillus anthracis	Sterne	Firmicutes Bacilli	5,228,663	5,287
Bacillus cereus	ATCC10987	Firmicutes Bacilli	5,224,283	5,603

Současný stav: zhruba tisíc kompletně sekvenovaných genomů, u některých druhů více kmenů: značné rozdíly ve velikosti a struktuře

SEKVENOVANÉ GENOMY: ARCHAEA



Species	Strain	bp	Genes
<u>Aeropyrum pernix</u>	K1	1,669,695	2,694
<u>Archaeoglobus fulgidus</u>	DSM4304	2,178,400	2,407
<u>Haloarcula marismortui</u>	ATCC43049	3,131,724	3,131
<u>Haloferax volcanii</u>	DS2		
<u>Halobacterium</u> species	NRC1	2,014,239	2,058
<u>Methanobacterium thermoautotrophicum</u>	delta-H	1,751,377	1,869
<u>Methanocaldococcus jannaschii</u>	DSM2661	1,664,970	1,715
<u>Methanococcoides burtonii</u>	DSM6242	2,575,032	2,273
<u>Methanococcus maripaludis</u>	S2	1,661,137	1,722

Současný stav: zhruba 30 kompletně sekvenovaných genomů

GENETICKÁ ORGANIZACE PROKARYOTICKÉHO GENOMU

- velmi kompaktní genom s malými mezerami mezi geny
- většina genomu je obsazena strukturními geny (převážně jednoduché geny, u $\frac{1}{4}$ genomů byly nalezeny introny II sk. (mimo ORF, na VGE, např. retroelementech, kódující RT)
- malá část (10%) je tvořena nekódující DNA
- operonové uspořádání genů (většinou funkčně příbuzné)
- pořadí genů není u prokaryot konzervováno

TYPY SEKVENCÍ PROKARYOTICKÉHO GENOMU

□ Kódující oblasti

- Geny (ORF) se známou nebo neznámou funkcí
- Inzerční sekvence a transpozony
- Profágy (a defektní profágy)

□ Sekvence přepisované do RNA (rRNA, tRNA)

90%

□ Repetice

- Polynukleotidové sekvence a tandemové repetice
- Krátké roztroušené repetitivní sekvence
- Dlouhé roztroušené repetitivní elementy
- Mosaikové repetitivní elementy
- **Chi-místa a jim podobné sekvence**
- **Rhs elementy**

10%

Charakteristika předpovězených kódujících sekvencí (ORF) v sekvencovaných genomech

Organismus	VELIKOST GENOMU (Mbp)	CELKOVÝ POČET ORF	NEZNÁMÁ FUNKCE (%)	JEDINEČNÉ ORF (%)
<i>Archaoglobus fulgidus</i>	2.18	2437	1315 (54)	641 (26)
<i>Methanobacterium thermotautotrophicum</i>	1.75	1855	1010 (54)	496 (27)
<i>Methanococcus jannaschii</i>	1.66	1749	1076 (62)	525 (30)
<i>Pyrococcus horikoshii</i>	1.74	2061	859 (42)	453 (22)
<i>Aquifex aeolicus</i>	1.50	1521	663 (44)	407 (27)
<i>Bacillus subtilis</i>	4.20	4100	1722 (42)	1053 (26)
<i>Borrelia burgdorferi</i>	1.44	1751	1132 (65)	682 (39)
<i>Chlamydia pneumoniae</i>	1.23	1073	437 (40)	186 (17)
<i>C. trachomatis</i>	1.04	894	290 (32)	255 (28)
<i>Deinococcus radiodurans</i>	3.28	3193	1515 (47)	1001 (31)
<i>Escherichia coli</i>	4.60	4288	1632 (38)	1114 (26)
<i>Haemophilus influenzae</i>	1.83	1692	592 (35)	237 (14)
<i>Helicobacter pylori</i>	1.66	1657	744 (45)	539 (33)
<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	4.41	3924	1521 (39)	606 (15)
<i>Mycoplasma genitalium</i>	0.58	470	173 (37)	7 (2)
<i>Mycobacterium pneumoniae</i>	0.81	677	248 (37)	67 (10)
<i>Rickettsia prowazekii</i>	1.11	834	311 (38)	207 (25)
<i>Synechocystis sp.</i>	3.57	3168	2384 (75)	1426 (45)
<i>Thermotoga maritima</i>	1.86	1877	863 (46)	373 (20)
<i>Treponema pallidum</i>	1.14	1040	461 (44)	28 (27)
CELKEM	41.6	40,261	18,948 (47)	10,303 (26)

Hustota genů je zhruba stejná: 1 gen ~ 1 kb

POČTY PARALOGNÍCH GENŮ V GENOMECH BAKTERIÁLNÍCH DRUHŮ

Se zvětšováním genomu se zvyšuje obsah paralogních genů

HGT, genové duplikace

Organismus	Velikost genomu (Mbp)	Počet ORF	Počet paralogů
<i>T. pallidum</i>	1.14	1 040	129 (12%)
<i>B. burgdorferi</i>	1.44	1 751	707 (40%)
<i>H. pylori</i>	1.66	1 657	266 (16%)
<i>A. fulgidus</i>	2.18	2 437	719 (30%)
<i>B. subtilis</i>	4.20	4 100	1 947 (47%)
<i>M. tuberculosis</i>	4.41	3 924	2 000 (51%)
<i>E. coli</i>	4.60	4 288	2 272 (53%)

TYPY REPETICÍ V PROKARYOTICKÝCH GENOMECH

A. Polynukleotidové sekvence a tandemové repetice

- **Trinukleotid TGG** – nejčastější trinukleotid *E. coli* (součást penta nebo oktanukleotidů)
- **Nonamer AAGTGCGGT (uptake signal sequence – USS)** *H. influenzae* - 1465 kopií
- **Tandemově opakované polynukleotidové sekvence (GTG)_n nebo (GCC)_n** - vysoce repetitivní u *E. coli*, *S. typhimurium* a *Shigella* sp.
- **Short tandemly repeated repetitive (STRR) sequences** - heptanukleotidová opakování u sinice *Calothrix*
- **Major polymorphic tandem repeat (MPTR)** - polymorfní 10-bp DR u *Mycobacterium tuberculosis* a dalších mykobakterií (podobnost s místy **Chi** a roztroušenými **REP** elementy)

TYPY REPETICÍ V PROKARYOTICKÝCH GENOMECH

B. Krátké roztroušené repetitivní sekvence (kratší než 50 bp)

- **REP (repetitivní extragenové palindromatické sekvence)** 38 bp, **500 REP** u *E. coli*
- **PU (palindromic units)** u *E. coli* a *S. typhimurium*.
- **Mnohokopiový 26-mer (Ngrep)** u *Neisseria gonorrhoeae* a *N. meningitidis*
- **Mnohokopiový 24-mer DR element** u *Mycobacterium bovis* (38 kopií)

TYPY REPETICÍ V PROKARYOTICKÝCH GENOMECH

C. Dlouhé roztroušené repetitivní elementy (větší než 50 bp)

- intergenic repeat unit (IRU)
- enterococcal repetitive intergenic consensus (ERIC) 126 bp nebo zkrácené formy. Chromozomová lokalizace se liší u kmenů a druhů
- ERIC-like sekvence – celá bakteriální říše.
- RLEP (545 - 1063 bp) u *Mycoplasma leprae* 28 (0,6% genomu)
- Mx-rep u *Myxococcus xanthus* - 87 pb jádrová sekvence
- Dr-rep (SARK) u *Deinococcus radiodurans* Element o variabilní délce (150-192 bp)
- RepMP2, RepMP1, SDC1 (150 bp – 1 kb) u *Mycoplasma pneumoniae*, v genomu 8-10 kopií.
- RepMP2-like u *Staphylococcus*

TYPY REPETICÍ V PROKARYOTICKÝCH GENOMECH

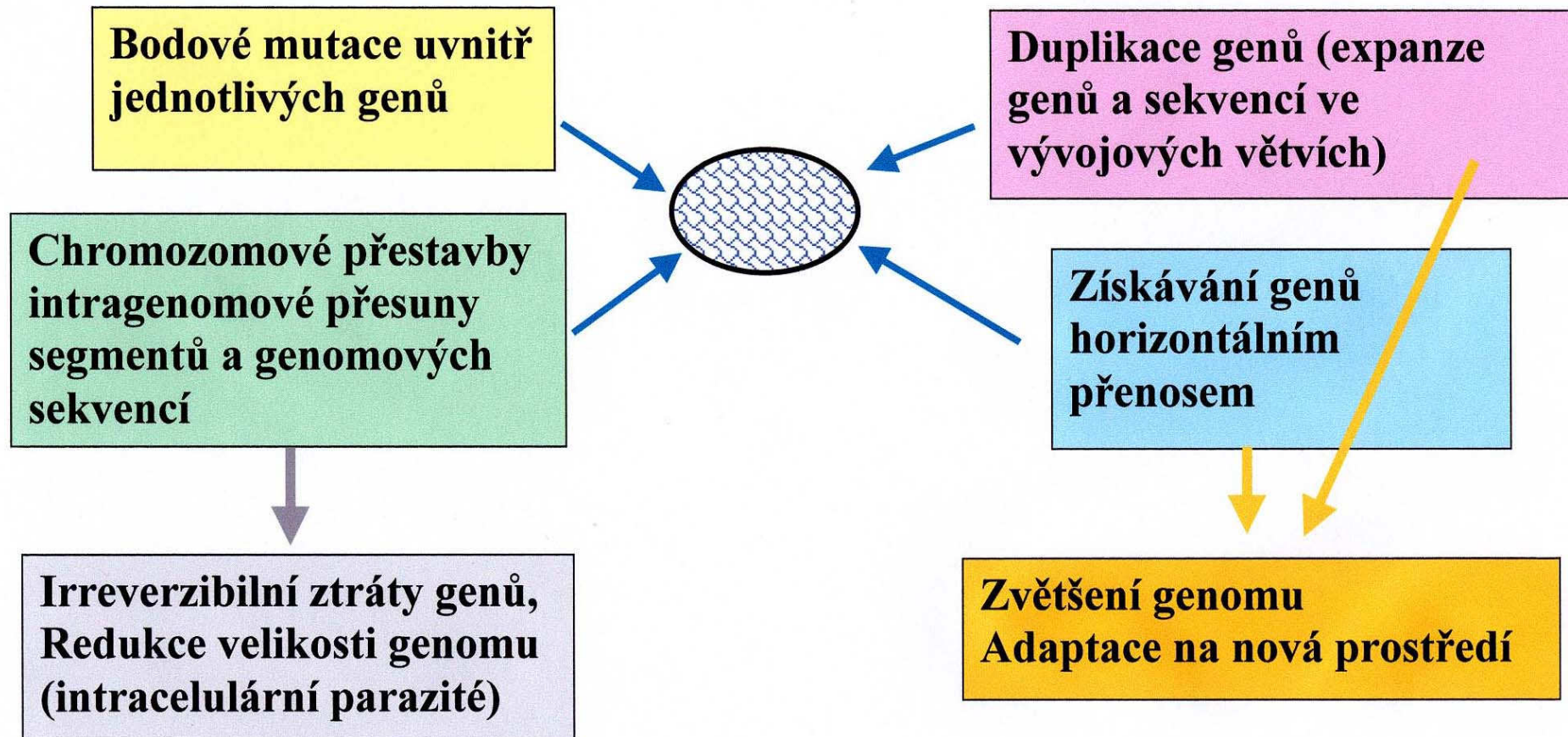
D. Mosaikové repetitivní elementy

- **Bacterial Interspersed Mosaic Elements (BIME)** – (kombinace REP a sedmi dalších repetitivních motivů).
- 500 u *E. coli* a dalších G- enterobakterií (*Klebsiella pneumoniae*, *S. typhimurium*)
- **REP MP** 1 300 bp element ohraničený kratšími repetitivními sekvencemi u *M. pneumoniae*.
- **BOX elementy** – rozptýlené repetitivní elementy u G+ (*Streptococcus pneumoniae*).

ZÁVĚRY ZE SROVNÁNÍ SEKVENOVANÝCH GENOMŮ

- **Počet informačních genů je v každém genomu zhruba stejný, i když se jejich velikosti liší až 5x.**
- **Počet genů ostatních funkčních kategorií je mnohem variabilnější a má tendenci se zvyšovat**
- **Se zvětšováním velikosti genomu přibývá paralogních genů a zvětšuje se též biochemická komplexita organismu.**
- **Jedna čtvrtina ORF u každého druhu je jedinečná a nemá významnou sekvenční homologii k žádné známé nukleotidové nebo proteinové sekvenci.**

Podstata změn v obsahu genomu prokaryot v průběhu evoluce



Důsledek: Pořadí genů je zachováno jen u velmi blízké příbuzných druhů

HORIZONTALNÍ PŘENOS GENŮ

- Často přenášené: operační geny
(metabolismus a regulace, buněčné struktury)

- Zřídka přenášené: informační geny
(transkripce, translace)

- Horizontální přenos genů je spjat s variabilními genetickými elementy
 - profágy,
 - plazmidy,
 - IS-elementy,
 - transpozony,
 - integrony

POČET HORIZONTÁLNĚ PŘENESENÝCH GENŮ U VYBRANÝCH DRUHŮ BAKTERIÍ A ARCHEÍ

Druh	Velikost genomu (Mbp)	Počet ORF	Horizontálně přenesené ORF	
			počet	%
<u>Proteobacteria</u>				
<i>Escherichia coli</i>	4,64	4289	381	9,6
<i>Haemophilus influenzae</i>	1,83	96	96	6,2
<i>Helicobacter pylori</i>	1,67	1553	89	6,4
<i>Rickettsia prowazekii</i>	1,11	834	28	3,6
<u>Gram-pozitivní bakterie</u>				
<i>Bacillus subtilis</i>	4,21	4100	537	14,5
<i>Mycoplasma genitalium</i>	0,58	480	67	14,5
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	0,82	677	39	5,9
<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	4,41	3918	187	5,0
<u>Spirochaete</u>				
<i>Borrelia burgdorferi</i>	0,91	850	12	1,56
<i>Treponema pallidum</i>	1,14	1031	77	8,3
Chlamydiae				
<i>Chlamydia trachomatis</i>	1,04	894	36	4,3
<i>Deinococcus radiodurans</i>	2,65	2580	95	3,92
<i>Synechocystis sp.</i>	3,57	3169	219	7,5
<i>Thermotoga maritima</i>	1,86	1846	198	11,63
<u>Archaea</u>				
<i>Aeropyrum pernix</i>	1,67	2694	370	14,0
<i>Methanobacterium therm.</i>	1,75	1869	179	10,3
<i>Methanococcus jannaschii</i>	1,66	1715	77	5,0
<i>Pyrococcus abyssi</i>	1,76	1765	124	7,35

Bakterie s umělým genomem

Tým čtyřadvaceti genetiků v čele s Craigen Venterem syntetizoval v laboratořích *The J. Craig Venter Institute* dědičnou informaci jednoduché bakterie ***Mycoplasma mycoides*** složenou z více než milionu písmen (1 Mbp) genetického kódu. Tak dlouhou molekulu nelze vyrobit najednou. Vědci nejprve syntetizovali její kratší části a ty pak skládali do větších celků. Nakonec byly součásti genomu tak velké, že si s nimi už laboratorní technika neporadila. Finální kompletaci bakteriální DNA proto genetici svěřili buňkám kvasinek. V těch pak získali úplný genom bakterie, který přenesli do příbuzné bakterie ***Mycoplasma capricolum***.

Gibson DG, et al.: Creation of a bacterial cell controlled by a chemically synthesized genome. *Science*. 2010 Jul 2;329(5987):52-6.

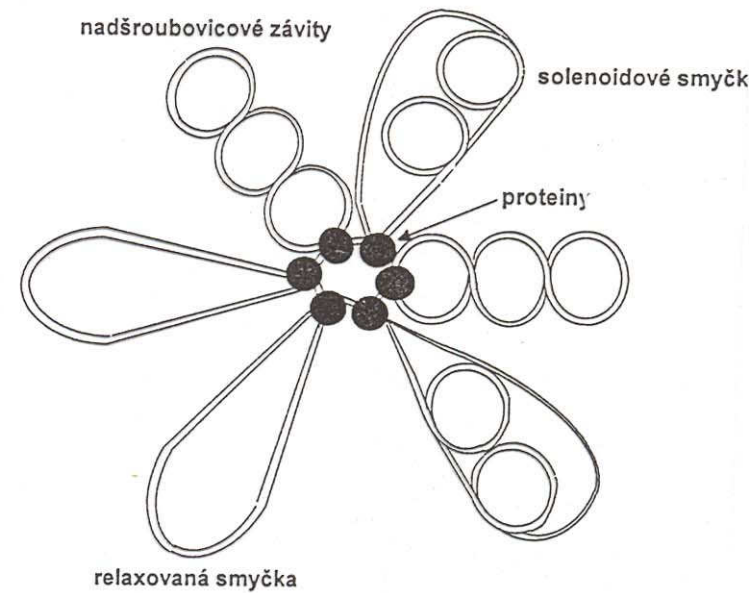
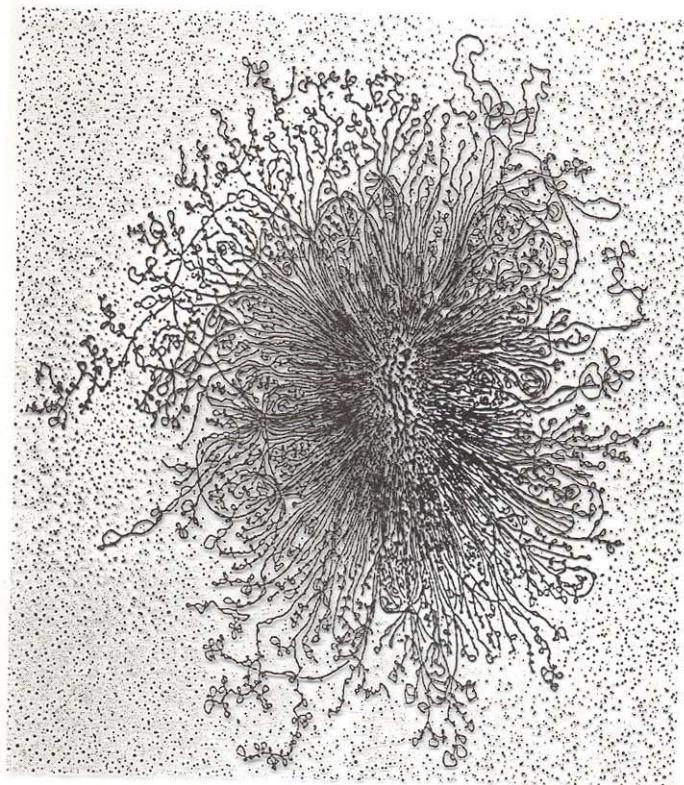
FYZIKÁLNÍ ORGANIZACE BAKTERIÁLNÍHO CHROMOZOMU

- **dsDNA** - není obalená jadernou membránou
- vazba malých proteinů typu **HU** (histon-like)
- 105 molekul, vázajících se sekvenčně nespecificky, ovlivňujících flexibilitu DNA (ohýbání DNA do smyček) („architektura“ nukleoidu).
Účast při replikaci, transkripci a rekombinaci
- Proteiny **HN-S** vázají se na AT-bohaté oblasti DNA, zvyšuje její teplotní stabilitu a brání transkripci. Možná má podobnou funkci jako histony.
- Protein **Fis** – ovlivňuje topologii a superhelicitu DNA
- Vazba proteinu **IHF** (integration host factor), vázající se sekvenčně specificky na DNA, zejména na regulační oblasti
- 50 superhelikálních smyček, bez účasti RNA
- kontrola stavu superhelicity: topoizomeráza, gyráza – změny vinutí při replikaci, přichycení na membránu

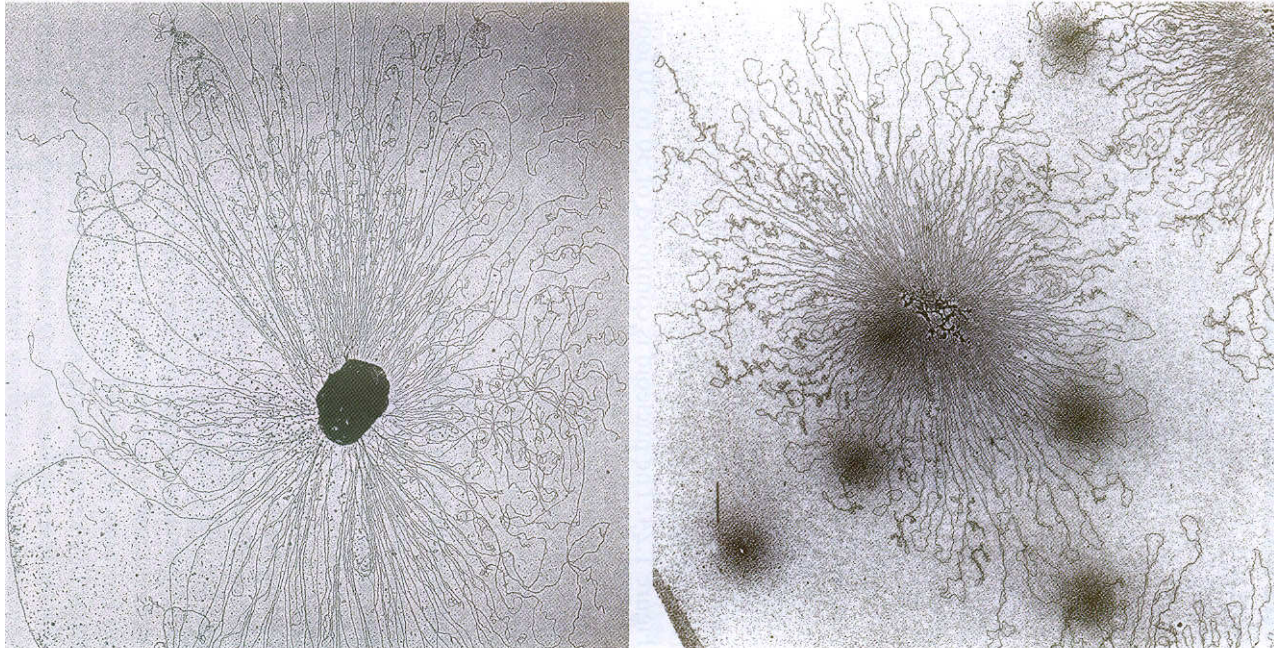
Archea: mají rudimentární histony příbuzné histonům eukaryot

STRUKTURA CHROMOZOMU *E. coli*

- 4,6 Mb, 50% GC, 1 μm



Bakteriální nukleoid



...molekulární mechanismy udržující nukleotid v buňce jsou neznámé, ale jistě existují specifické systémy, které zajišťují jeho replikaci, transkripci, rekombinaci a další funkce...

CHARAKTERISTIKA PLAZMIDŮ

dsDNA – kružnicová nebo lineární, velikost: 1-1000 kb

Základní typy plazmidů:

- kryptické - funkce neznámá
- epizomální - reverzibilní integrace do chromozomu hostitele
- konjugativní - schopné přenosu konjugací
- mobilizovatelné – přenositelné za přítomnosti konjugativního plazmidu

Příklady plazmidů:

- F-plazmidy (fertilní faktor, konjugativní)
zodpovědné za konjugaci, příp. mobilizaci jiných plazmidů
- R-plazmidy (R-faktory)
zodpovědné za rezistenci k antibiotikům, řada z nich konjugativní
- kolicinogenní (Col-plazmidy)
tvorba proteinů s antibiotickým charakterem (*Enterobacteriaceae*)
- Ti-plazmidy (tumory indukující)
tvorba nádorů u dvouděložných rostlin (*Agrobacterium tumefaciens*)
- Plazmidy odbourávající organické sloučeniny (*Pseudomonas*)
- Plazmidy podílející se na fixaci vzdušného dusíku (*Rhizobium*).
- Plazmidy používané jako vektory pro přenos DNA (pBR322, pUC)

