

Topologia chromosomu *Pseudomonas aeruginosa*. Rola białka partycyjnego ParB.

Badania z ostatnich 10 lat wykazały, że chromosomy bakteryjne są strukturami precyzyjnie zorganizowanymi w czasie i przestrzeni komórkowej. Tworzą one ściśle zdefiniowane 3-4 makrodomeny, o rozmiarach do 1.5 Mb, m.in. domeną *ori* czy *ter* z miejscem odpowiednio inicjacji replikacji i jej terminacji, które są przemieszczane w określonym czasie cyklu komórkowego do określonych miejsc w komórce. Oprócz makro-domen chromosomy składają się z mniejszych (30-400 kb) chromosomalnych domen interakcyjnych (CID), reprezentujących fragmenty nukleoidu często oddziaływujące ze sobą oraz z licznych, małych mikro-domen transkrypcyjnych. Topologia nukleoidu jest gatunkowo-specyficzna ponieważ wynika z sekwencji DNA, o typowym dla danego gatunku składzie nukleotydowym, zależy od stopnia negatywnego superskręcenia, regulowanego przez topoizomazy czy maszynę transkrypcyjną a przede wszystkim jest wynikiem działania różnych gatunkowo-specyficznych białek związanych z nukleoidem (NAP), które mogą zakrzywiać DNA, owijać, zapętląć i tworzyć mosty między odległymi fragmentami DNA. W wielu gatunkach bakteryjnych główną rolę w organizacji makrodomeny *ori* (z miejscem inicjacji replikacji chromosomu *oriC*) odgrywa partycyjne białko ParB, które ściśle wiąże się do miejsc *parS* w tej domenie, rozprzestrzenia się wzdłuż DNA, tworząc oligomery wprowadza mosty i pętle, pomaga kondensować noworeplikowane DNA poprzez ułatwianie wiązania kondensyn (odpowiedzialnych za utrzymywanie struktury przestrzennej chromosomu) a także, wraz z ParA, bierze udział w transporcie upakowanych domen *ori* do dedykowanych miejsc w komórce. Ostatnio odkryliśmy, że białko ParB w *Pseudomonas aeruginosa*, ważnym oportunistycznym patogenie, wiąże się nie tylko do dziewięciu palindromowych sekwencji *parS* ale także do siedmionukleotydowego motywu odpowiadającego połowie palindromu *parS*, występującego w ponad 1000 miejsc w genomie *P. aeruginosa*. W zależności od wewnątrzkomórkowego stężenia, które zmienia się podczas cyklu komórkowego, ParB może wiązać się do różnej ilości motywów z różnym powinowactwem wpływając na topologię genomu. Przepuszczalna rola interakcji ParB z licznymi połówkami *parS* w topologii genomu i w regulacji ekspresji genów w różnych warunkach wzrostu bakterii będzie analizowana przy zastosowaniu najnowszych technik analizy genomów na szeroką skalę. Idea, że partycyjne białko ParB mogłoby być głównym regulatorem łączącym istotne procesy komórkowe ze stanem metabolicznym komórki poprzez wprowadzanie zmian w topologii DNA jest nową i ekscytującą hipotezą.