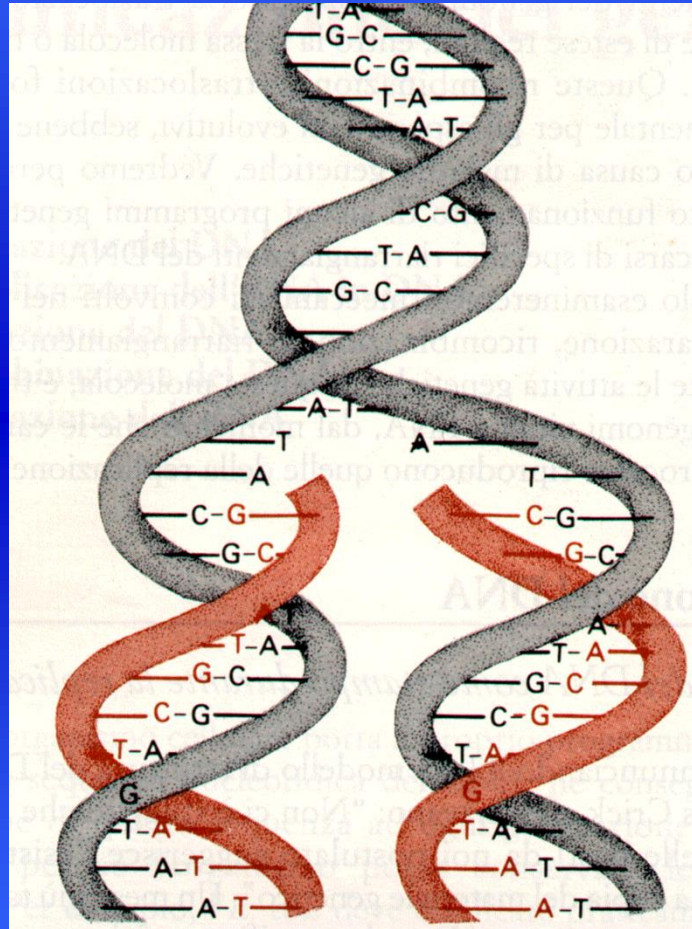


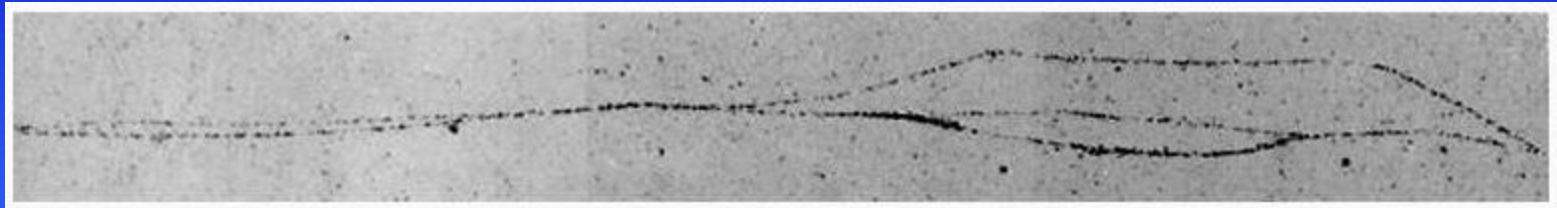
# LA replicazione del DNA

- È un fenomeno fondamentale della biologia
- Watson & Crick: nasce l'idea
- Meselson & Stahl e la replicazione semiconservativa
- Cairns e le forche replicative

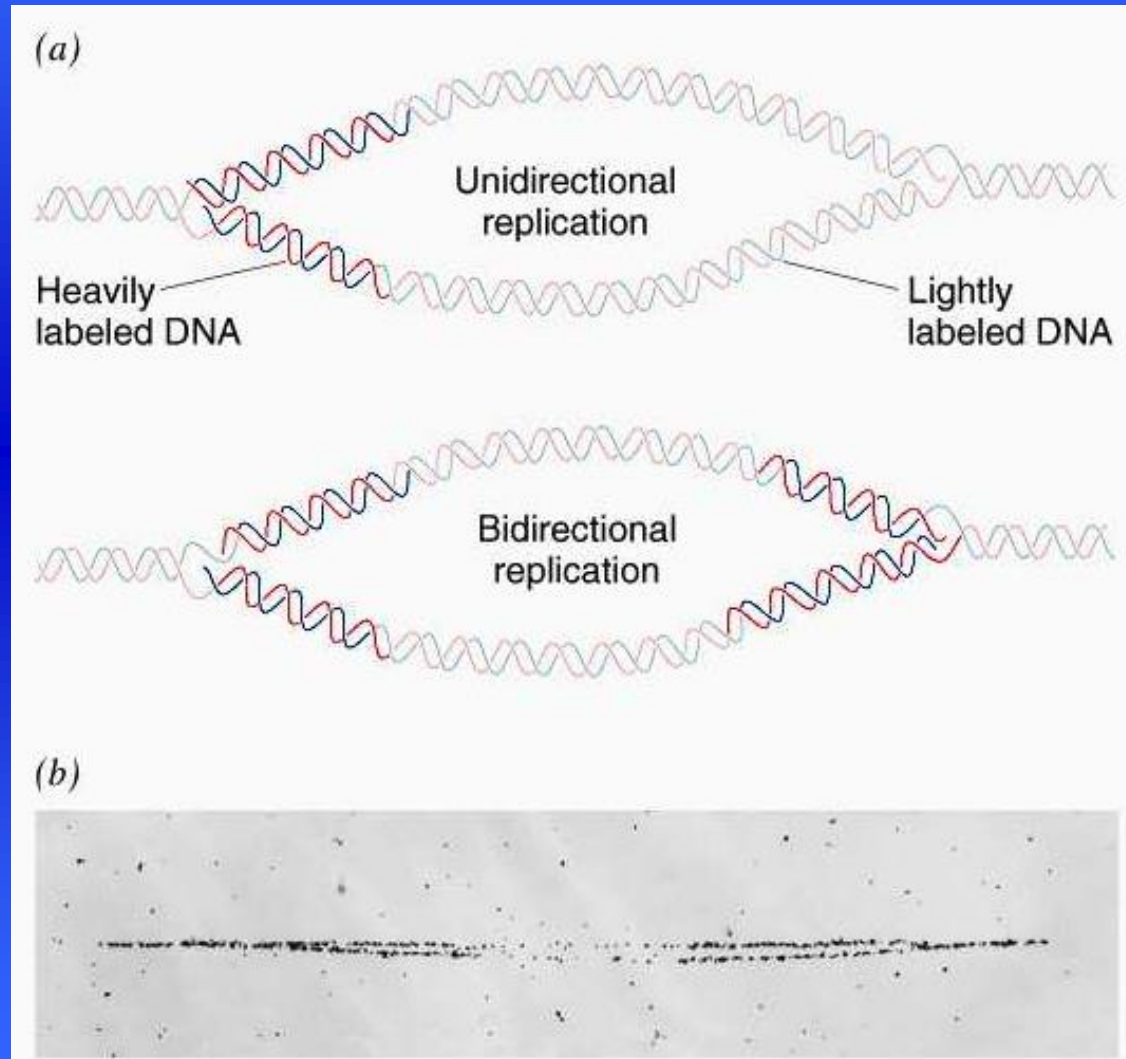
# Watson & Crick: nasce l'idea



# Visualizzazione della forza replicativa

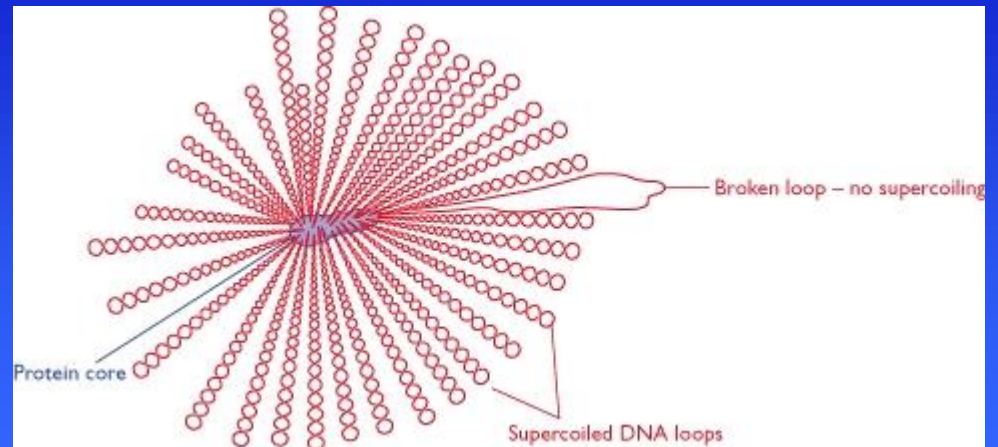
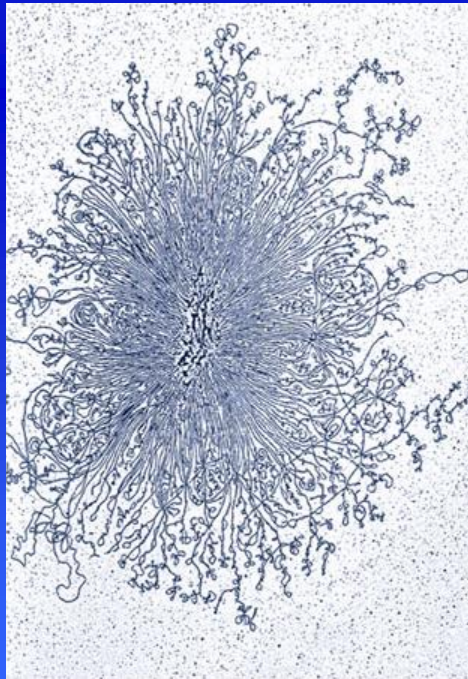
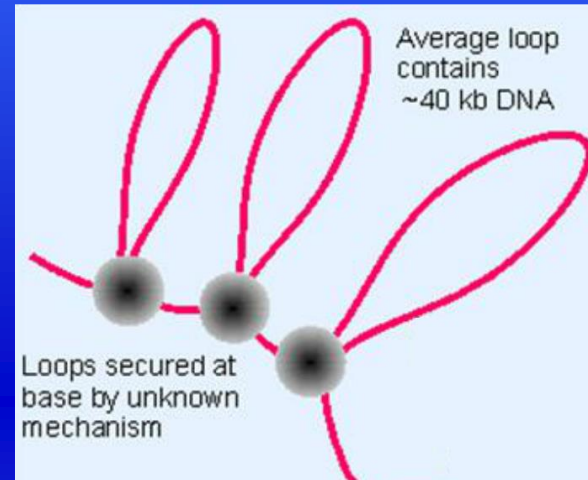


# Dimostrazione della bidirezionalità





# Il nucleotide batterico e la sua struttura



# IDENTIFICAZIONE DEI FATTORI COINVOLTI NELLA REPLICAZIONE DEL DNA

## APPROCCIO GENETICO

Selezione di mutanti condizionali letali per i geni coinvolti nella replicazione del DNA:

- Screening di collezione di mutanti incapaci di incorporare  $H^3$  a temperature non permissive
- Selezione di cloni insensibili all'infezione di alcuni fagi a temperature non permissive
- Selezione di cloni resistenti a mutageni a dosi letali a temperature non permissive

TABLE 1. Essential replication proteins of *E. coli*

| Protein                         | Primary function                               | Polypeptide mass (kilodaltons) | No. of subunits in native protein | Molecules per cell | Gene                           | Map position (min) | Phenotype of mutant          |
|---------------------------------|--|--------------------------------|-----------------------------------|--------------------|--------------------------------|--------------------|------------------------------|
| DnaA                            | Origin recognition                             | 52.5                           | 1                                 | 200                | <i>dnaA</i>                    | 83                 | Slow stop                    |
| DnaB                            | DNA helicase; priming                          | 52.3                           | 6                                 | 20                 | <i>dnaB</i>                    | 92                 | Quick stop                   |
| DnaC                            | Delivery of <i>dnaB</i> protein to <i>oriC</i> | 29                             | 1                                 | 100                | <i>dnaC</i>                    | 99                 | Slow or quick stop           |
| SSB                             | Binding to ssDNA                               | 18.8                           | 4                                 | 500                | <i>ssb</i>                     | 92                 | Quick stop                   |
| primase                         | RNA primer synthesis                           | 65.6                           | 1                                 | 75                 | <i>dnaG</i>                    | 67                 | Quick stop                   |
| DNA polymerase III (holoenzyme) | Replicative DNA polymerase                     | (740)                          |                                   | 20                 |                                |                    |                              |
| α                               | DNA polymerase                                 | 130                            | (2)                               |                    | <i>polC</i><br>( <i>dnaE</i> ) | 4                  | Quick stop                   |
| ε                               | 3' → 5' proofreading exonuclease               | 27.5                           | (2)                               |                    | <i>dnaQ</i><br>( <i>mutD</i> ) | 5                  | Hypermuation                 |
| θ                               | Unknown  | 10                             | 1                                 |                    | Unknown                        |                    |                              |
| β                               | DNA polymerase accessory protein               | 40.6                           | (2)                               |                    | <i>dnaV</i>                    | 83                 | Quick stop                   |
| τ                               | DNA polymerase accessory protein               | 71.1                           | (2)                               |                    | <i>dnaZχ</i>                   | 11                 | Quick stop                   |
| γ                               | DNA polymerase accessory protein               | 52                             |                                   |                    | <i>dnaZχ</i>                   | 11                 | Quick stop                   |
| δ                               | DNA polymerase accessory protein               | 32                             |                                   |                    | <i>dnaZχ</i> (?)               |                    | Quick stop                   |
| DNA gyrase                      | DNA supercoiling; decatenation                 | 374                            | 4                                 |                    |                                |                    |                              |
| α                               | Nicking-closing                                | 97                             | 2                                 | 250                | <i>gyrA</i>                    | 48                 | Slow stop                    |
| β                               | ATPase   | 89.8                           | 2                                 | 150                | <i>gyrB</i>                    | 83                 | Slow stop                    |
| DNA polymerase I                | Primer removal; gap filling                    | 102                            | 1                                 | 300                | <i>polA</i>                    | 87                 | DNA repair defective         |
| DNA ligase                      | Sealing of DNA nicks                           | 74                             | 1                                 | 300                | <i>lig</i>                     | 52                 | Accumulate nascent fragments |
| DnaT                            | Termination of DNA replication                 | 19.3                           | 3                                 | 75                 | <i>dnaT</i>                    | 99                 | Slow stop                    |
| RNA polymerase                  | Transcriptional activation of <i>oriC</i>      | 460                            | 5                                 | 3,000              | <i>rpoA, B, C, D</i>           | 73, 90, 90, 67     | Slow stop                    |

# IDENTIFICAZIONE DEI FATTORI COINVOLTI NELLA REPLICAZIONE DEL DNA

## APPROCCIO BIOCHIMICO-FISIOLOGICO

Selezione di frazioni proteiche e proteine in grado di complementare , in vitro, la mancanza di fattori essenziali alla replicazione del DNA:

- Disco di Cellophane di Bonhoeffer
- Sistema in vitro di Kornberg

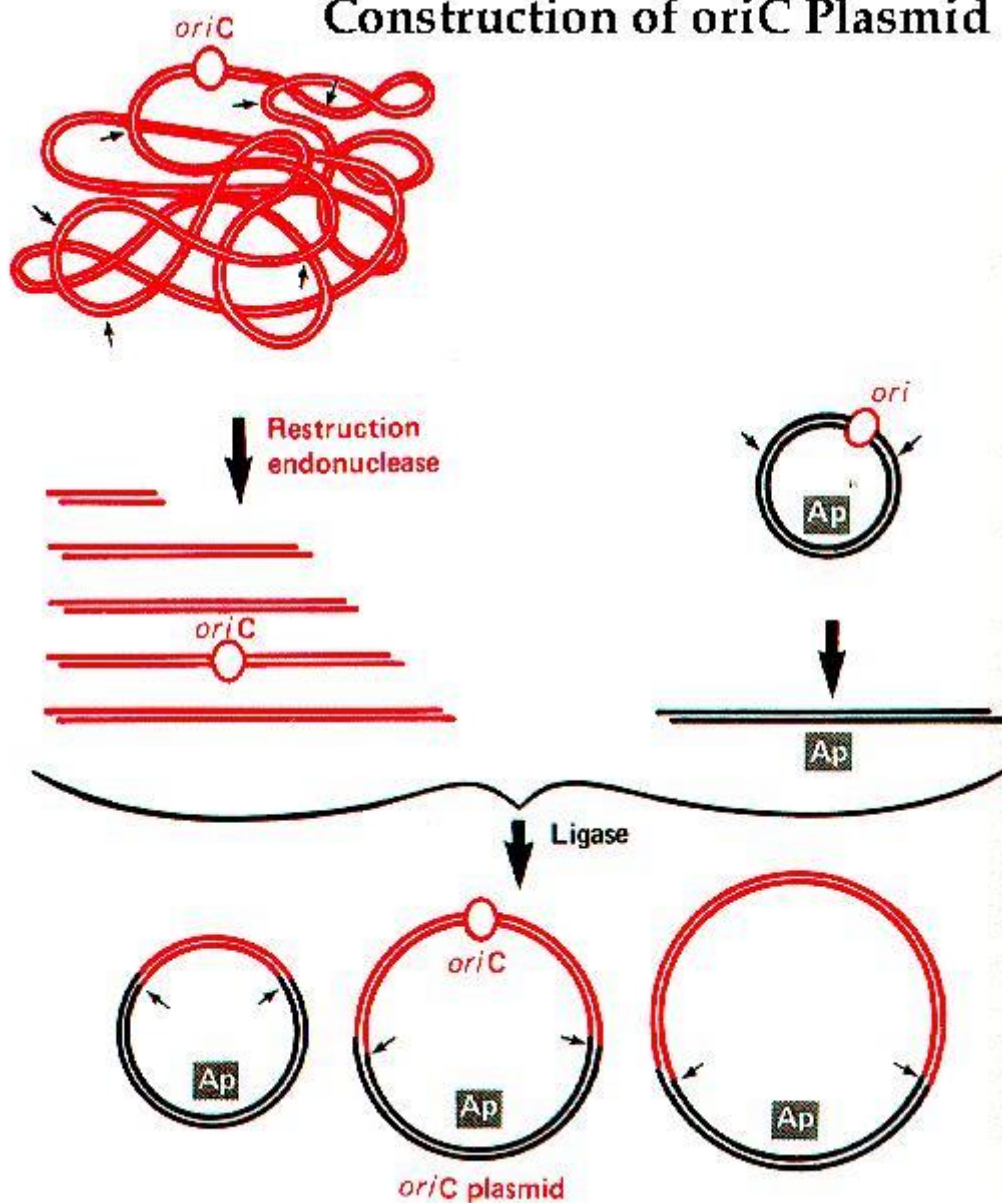


# INDIVIDUAZIONE DELL'ORIGINE DI REPLICAZIONE

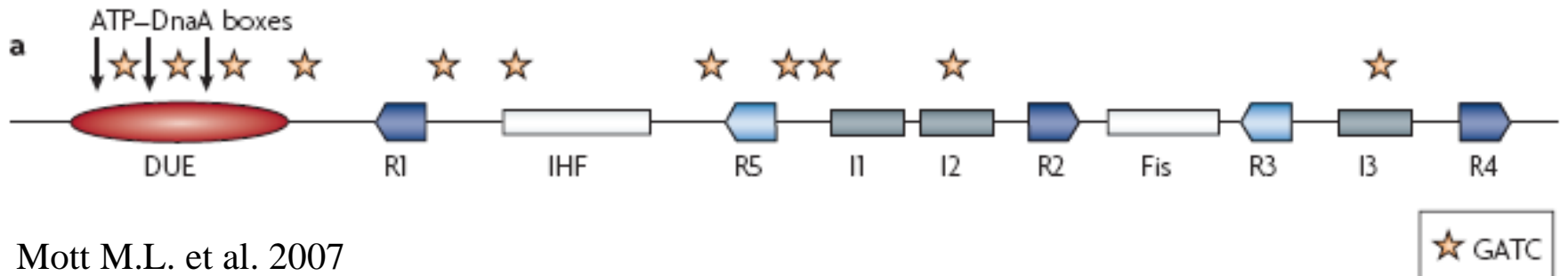
L'ORIGINE DI REPLICAZIONE *oriC* (nel caso di *E.coli*) è stata ottenuta mediante:

- Analisi di delezione (la regione responsabile della replicazione non può essere deleta)
- Analisi dei geni localizzati nei pressi dell'ipotetica origine di replicazione (sono maggiormente espressi perché presenti in numero di copie maggiore)
- Clonaggio della regione di inizio della replicazione in un plasmide privo di proprio replicone (solo in questo modo sarà stabilmente mantenuto in una cellula batterica)

# Construction of oriC Plasmid



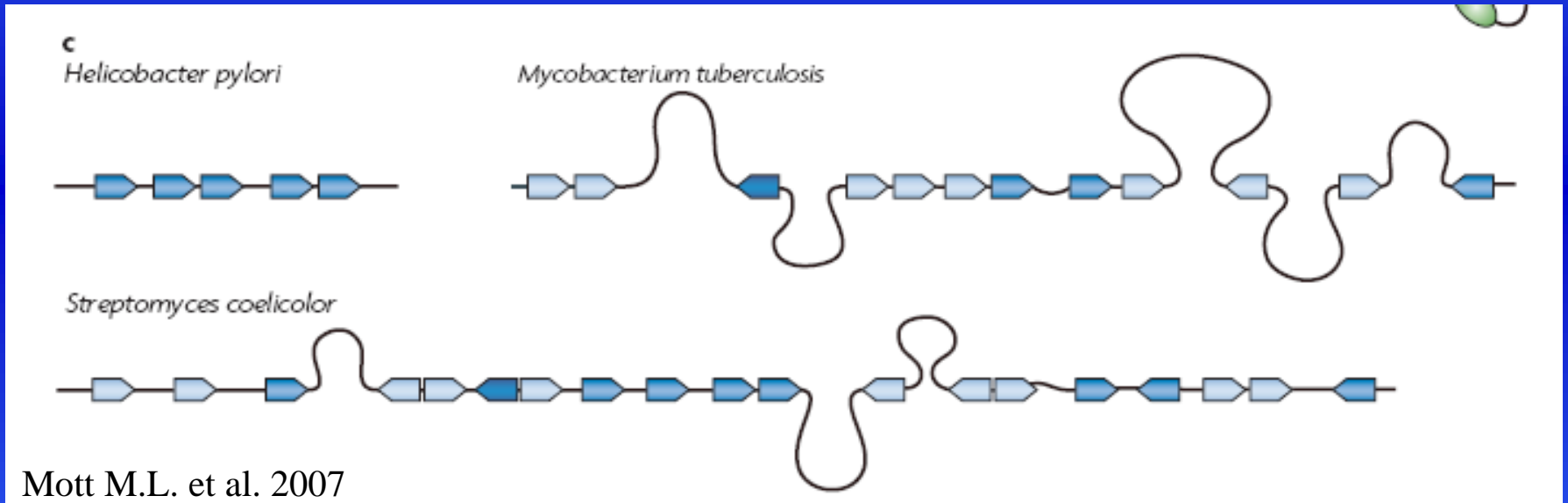
# ORGANIZZAZIONE DEL *locus oriC*



Mott M.L. et al. 2007

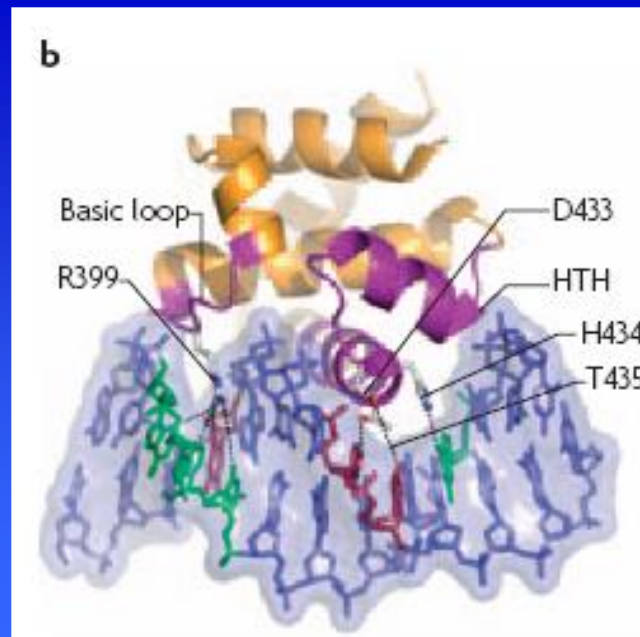
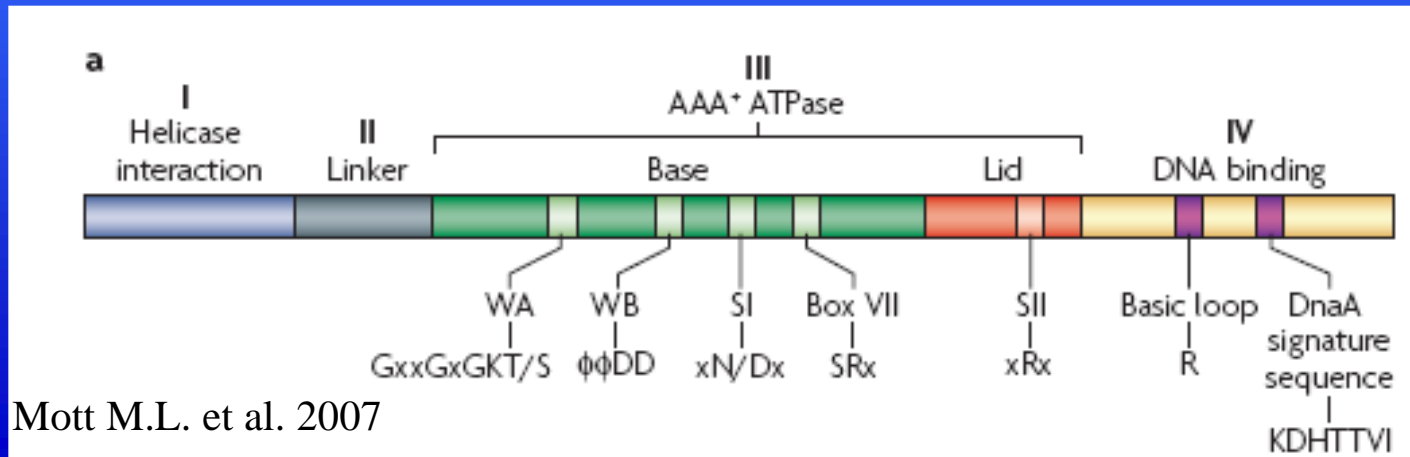
La regione *oriC* è ristretta a 245 bp. Essa contiene una regione ricca in AT (DUE-DNA unwinding element), 8 regioni di legame per la DnaA di cui 3 ad alta affinità (R1,2,4), 2 a minore affinità (R3,5) e 3 ad affinità specifica per il complesso ATP-DnaA (I1,2,3), un sito di legame per IHF e uno per FIS. Sono presenti anche molte sequenze GATC (★) sensibili alla metilasi *dam*

# ESEMPI DI ORGANIZZAZIONE DI ORIGINI DI REPLICAZIONE

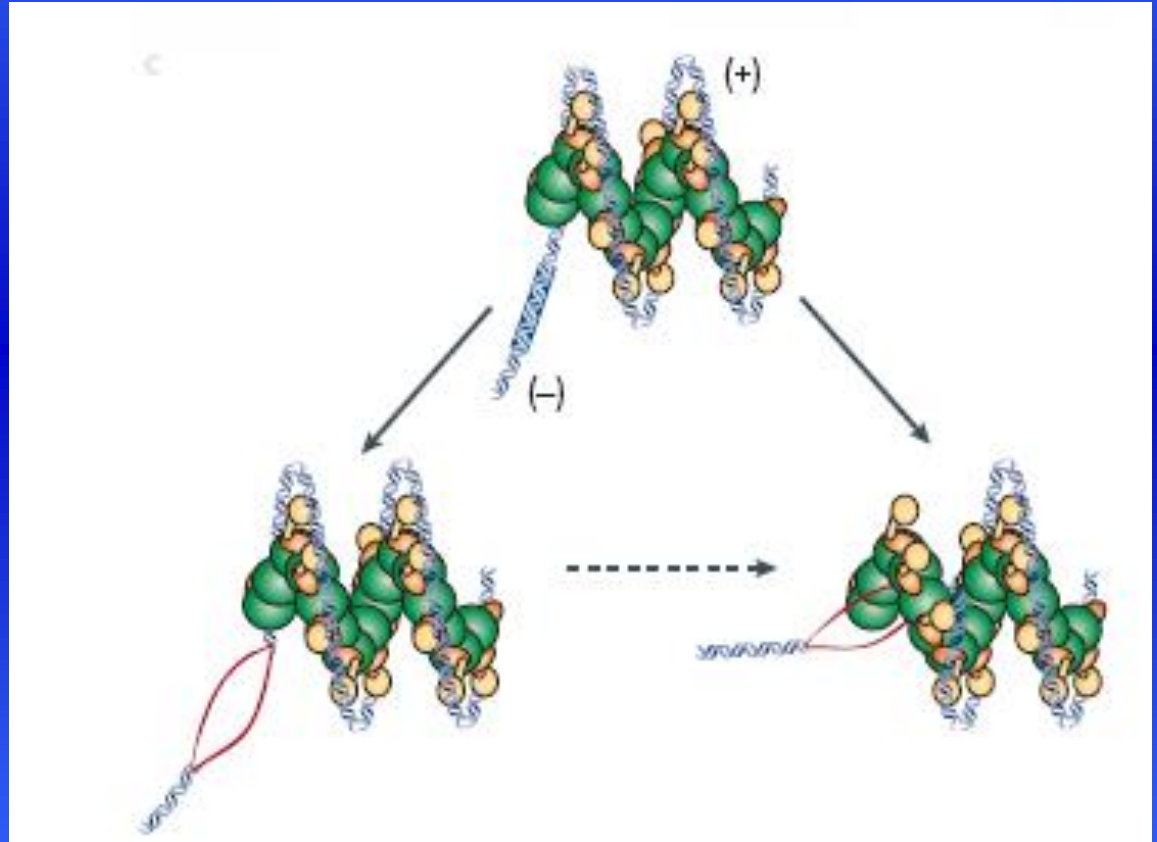
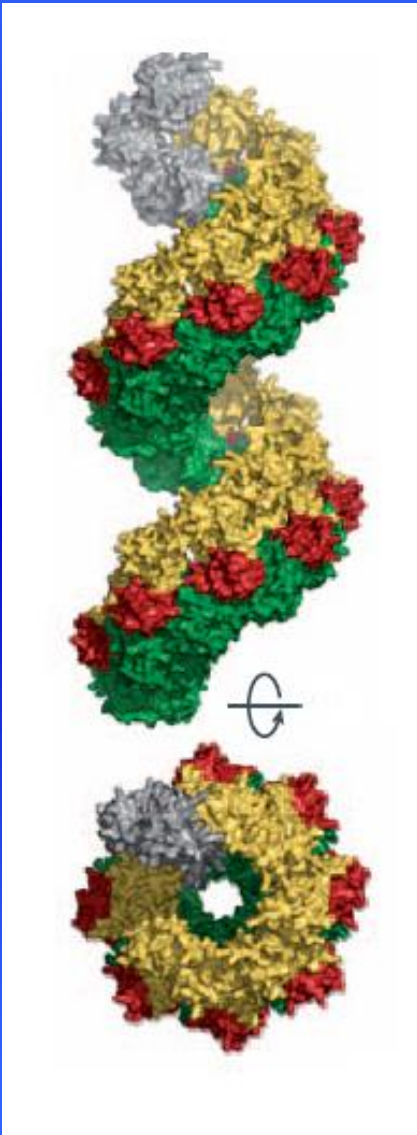




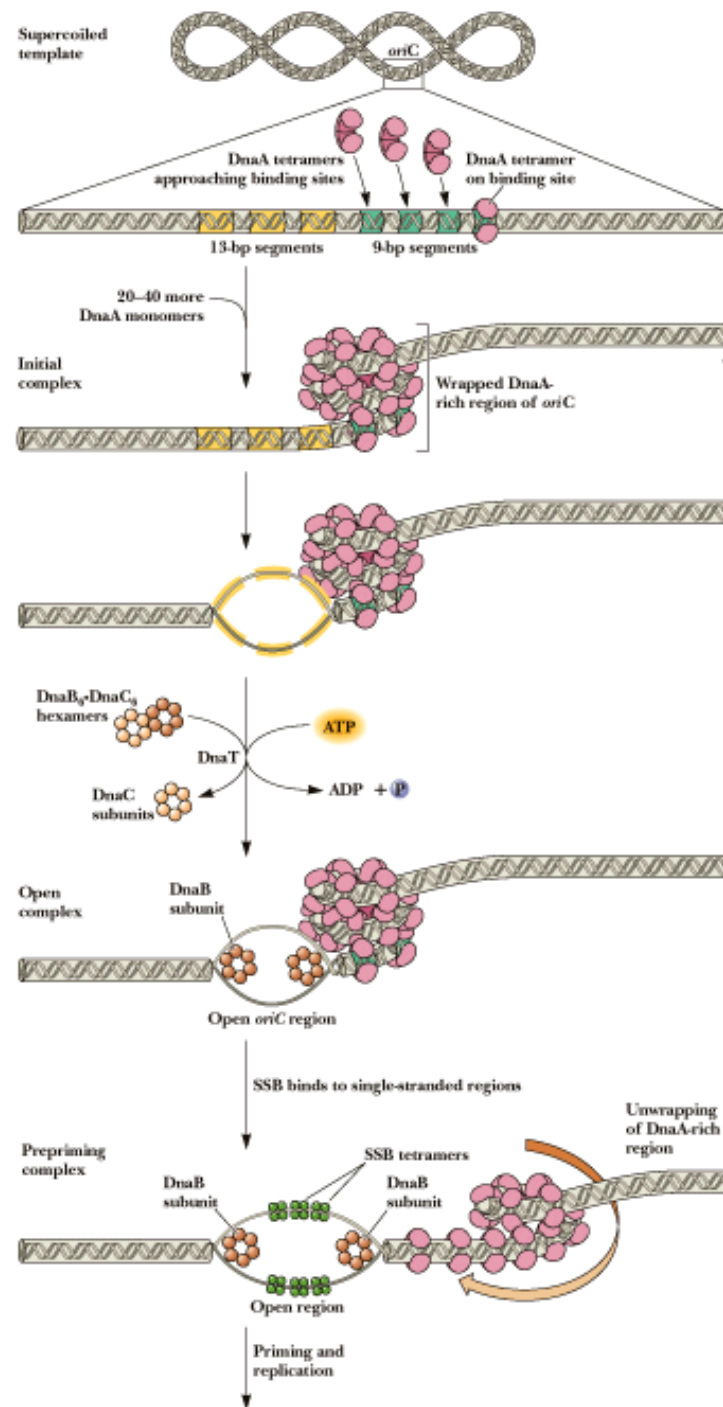
# La proteina DnaA ...



# La proteina DnaA ...



Mott M.L. et al. 2007



# LA DNA POLIMERASI III È UN OLOENZIMA COSTITUITO DA ALMENO 10 SUBUNITÁ DIFFERENTI

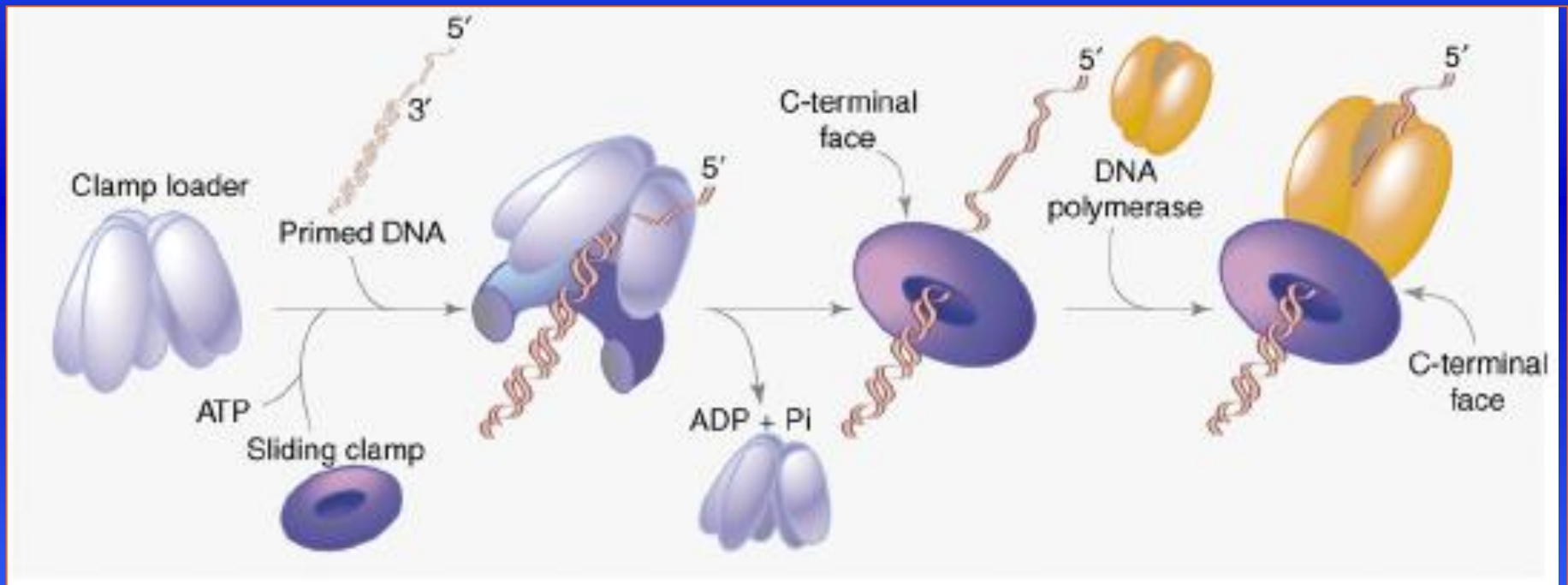
**Table 5-2**  
**Major subunits and subassemblies of pol III holoenzyme**

| Subunit    | Mass (kDa)        | Gene               | Subassembly        |            |                         |
|------------|-------------------|--------------------|--------------------|------------|-------------------------|
| $\alpha$   | 130 <sup>a</sup>  | <i>dnaE</i>        | } pol III (core)   | } pol III' | } pol III* } holoenzyme |
| $\epsilon$ | 27.5 <sup>a</sup> | <i>dnaQ (mutD)</i> |                    |            |                         |
| $\theta$   | 10                |                    |                    |            |                         |
| $\tau$     | 71 <sup>a</sup>   | <i>dnaX</i>        | } $\gamma$ complex |            |                         |
| $\gamma$   | 47.5 <sup>a</sup> | <i>dnaX</i>        |                    |            |                         |
| $\delta$   | 35                |                    |                    |            |                         |
| $\delta'$  | 33                |                    |                    |            |                         |
| $\chi$     | 15                |                    |                    |            |                         |
| $\psi$     | 12                |                    |                    |            |                         |
| $\beta$    | 40.6 <sup>a</sup> | <i>dnaN</i>        |                    |            |                         |

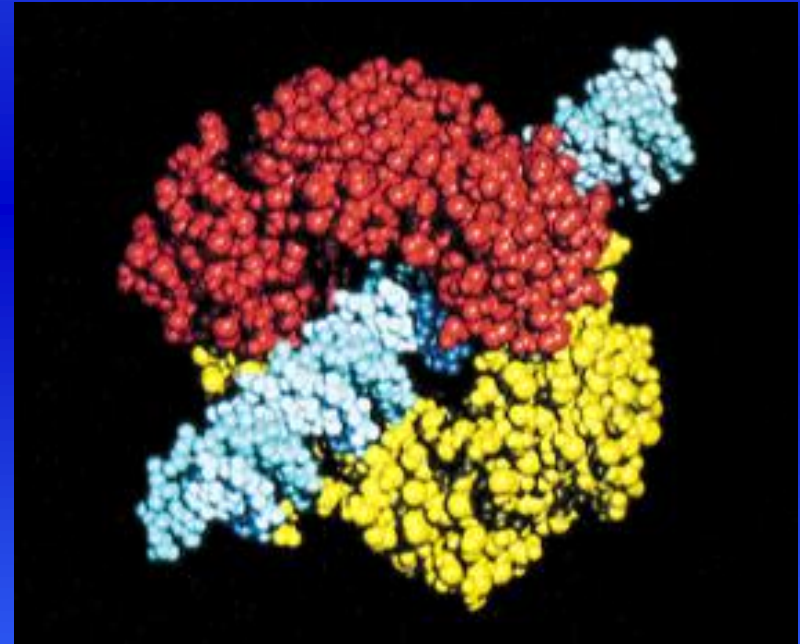
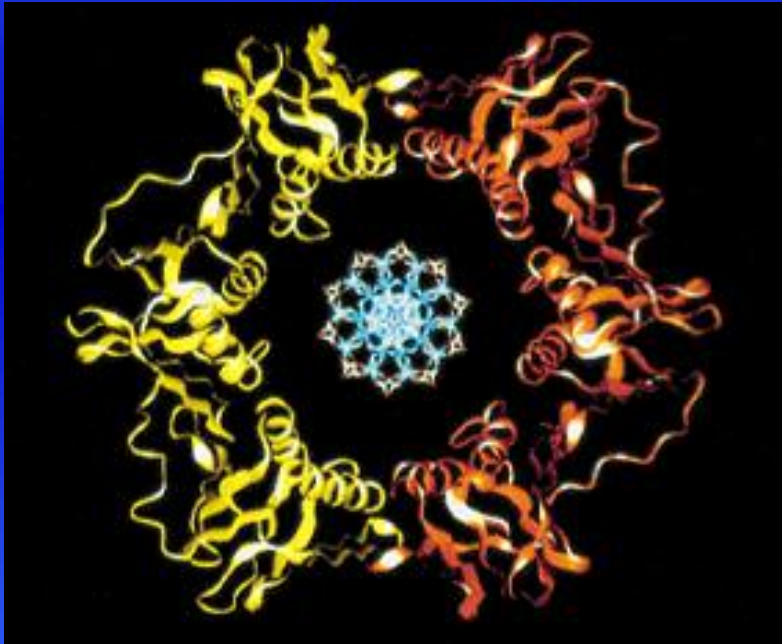
<sup>a</sup> Based on DNA sequence; others are based on electrophoresis.

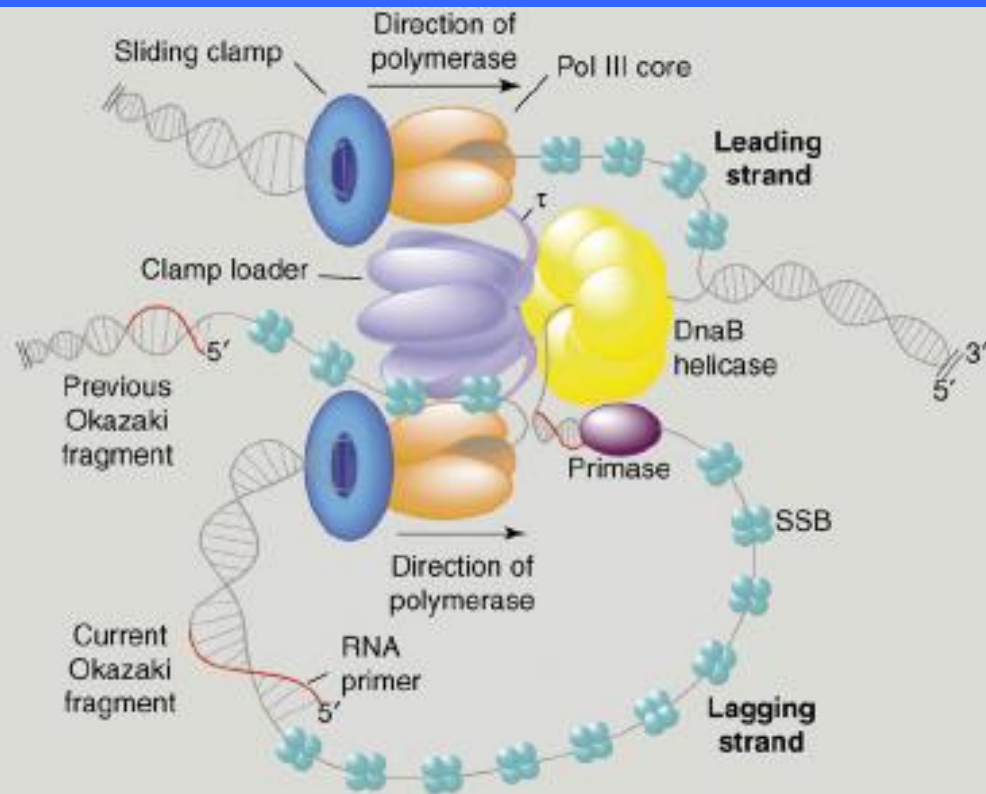


# IL COMPLESSO $\gamma$ AGISCE APPLICANDO LE SUBUNITÁ $\beta$ SUL DNA DA REPLICARE

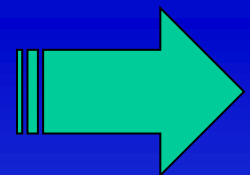
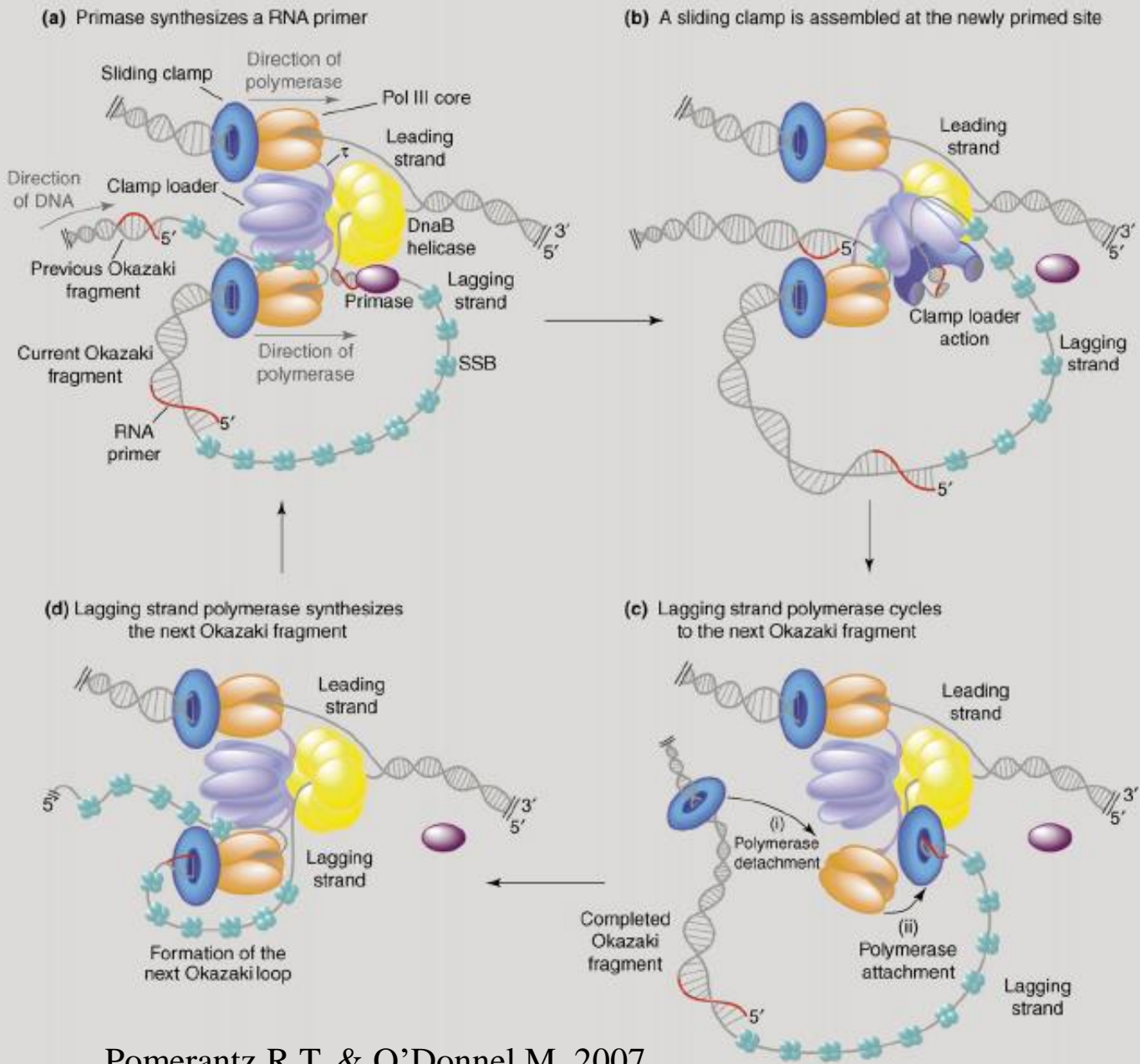


**2 SUBUNITÁ  $\beta$  FORMANO UN ANELLO (clamp)  
INTORNO AL DNA DA REPLICARE**



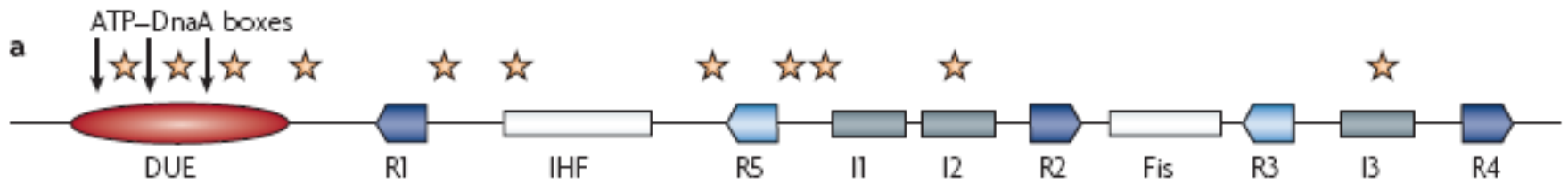


| Replisome component           | Molecular weight (kDa) | Function   |
|-------------------------------|------------------------|--|
| Pol III core (heterotrimer)   | 166                    | DNA polymerase, 3' to 5' exonuclease                       |
| Sliding clamp (homodimer)     | 40.6 X 2               | Processivity factor  |
| Clamp loader (heteropentamer) | 297.1                  | Assembles sliding clamps, protein trafficking              |
| DnaB helicase (homo-hexamers) | 52.4 X 6               | 5' to 3' DNA unwinding                                     |
| Primase (monomer)             | 65.6                   | Synthesizes RNA primers                                    |
| SSB (homotetramer)            | 18.8 X 4               | Binds to single-stranded DNA, prevents secondary structure |





# *oriC*



Mott M.L. et al. 2007

# REGOLAZIONE DELL'INIZIO DELLA REPLICAZIONE (firing)

- Titolazione della forma libera della proteina DnaA da parte del sito *datA*
- Regolazione trascrizionale di DnaA
- Sequestro dell'origine di replicazione da parte della membrana di SeqA
- *Rejuvenation* di DNA-ATP membrana mediato
- Inattivazione regolativa di DnaA (RIDA)

# **REGOLAZIONE DELL'INIZIO DELLA REPLICAZIONE: modello del sequestro dell'origine**

**La regione *oriC* è ricca di sequenze GATC che possono essere metilate dalla *dam* metilasi sull'A**

**La natura della replicazione di tipo semiconservativa determina un DNA neosintetizzato di tipo emimetilato. Il DNA genomico viene rimetilato in 3'. Quello della regione *oriC* impiega 12'-13'**

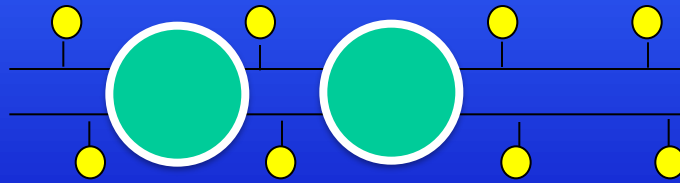
**Questo ritardo è dovuto al legame di questa regione della proteina SeqA che si lega saldamente al DNA emimetilato**

**La proteina DnaA si lega al DNA della regione *oriC* quando questo è completamente metilato**

**Sulla base di queste osservazioni è stata elaborata l'ipotesi della regolazione determinata dal sequestro da parte della membrana dell'origine di replicazione.**

metile  
GATC

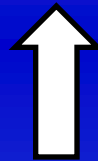
*oriC*



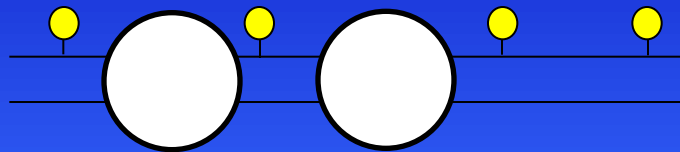
Replicazione

DnaA 

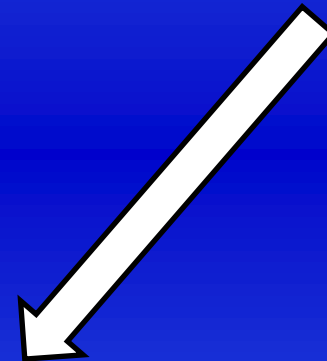
SeqA 



Dam

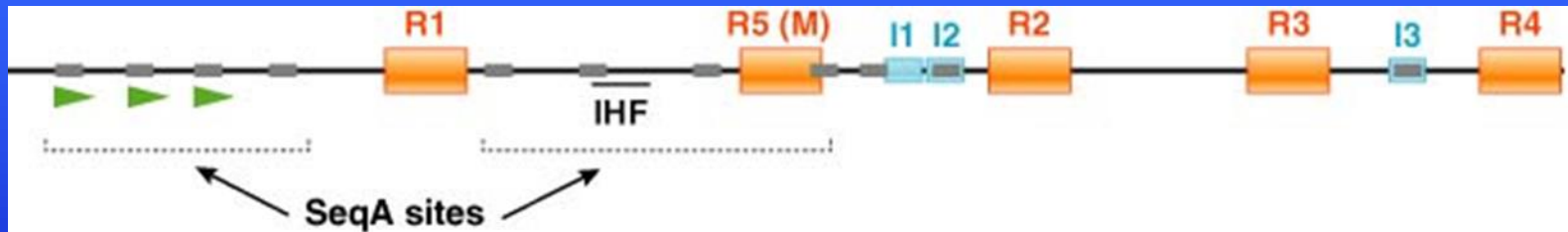


Sequestro

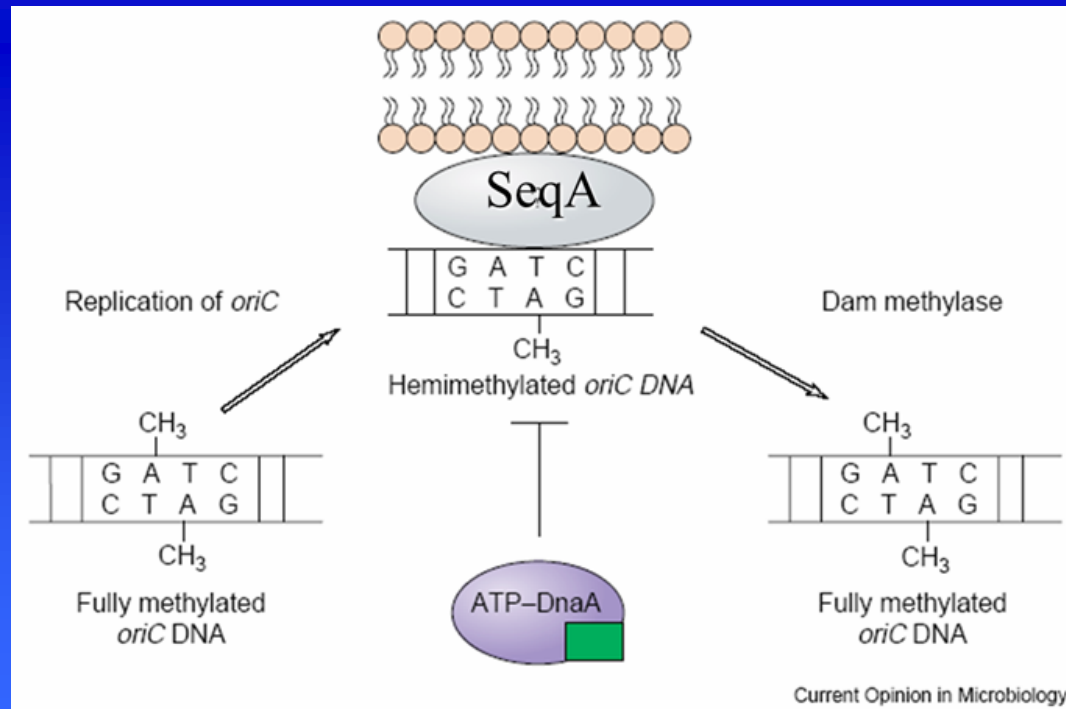




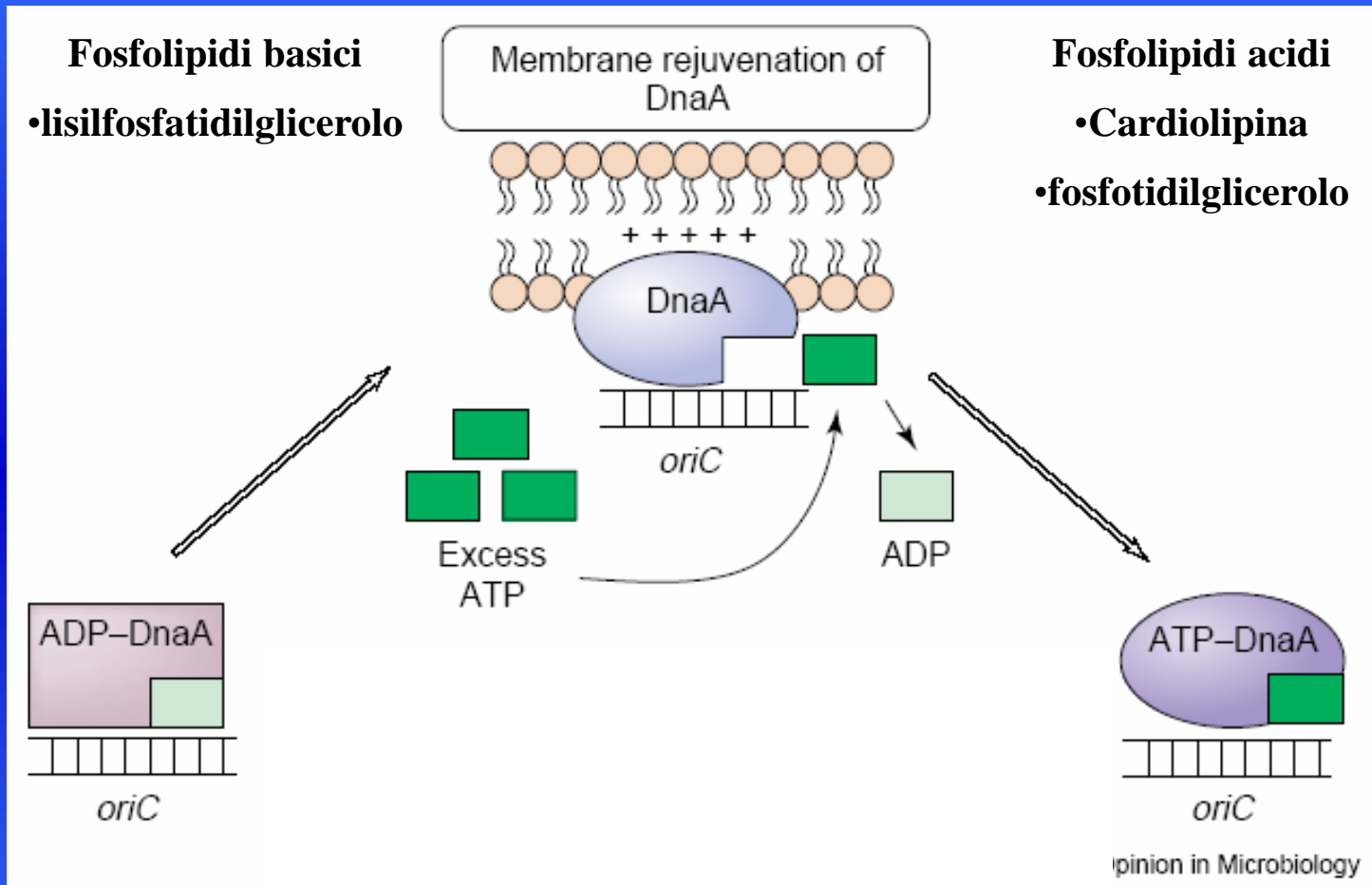
# IPOTESI DEL SEQUESTRO



**AR** Kaguni JM. 2006.  
Annu. Rev. Microbiol. 60:351-71



# IPOTESI DEL CONTROLLO MEMBRANA MEDIATO



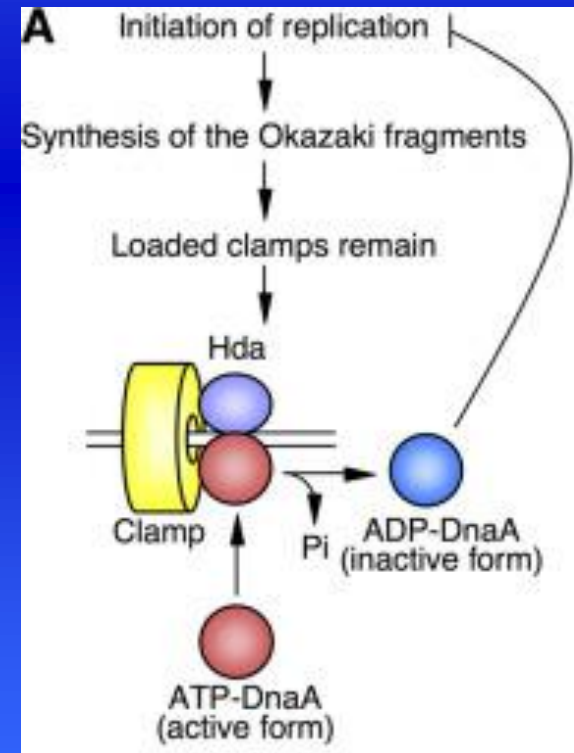
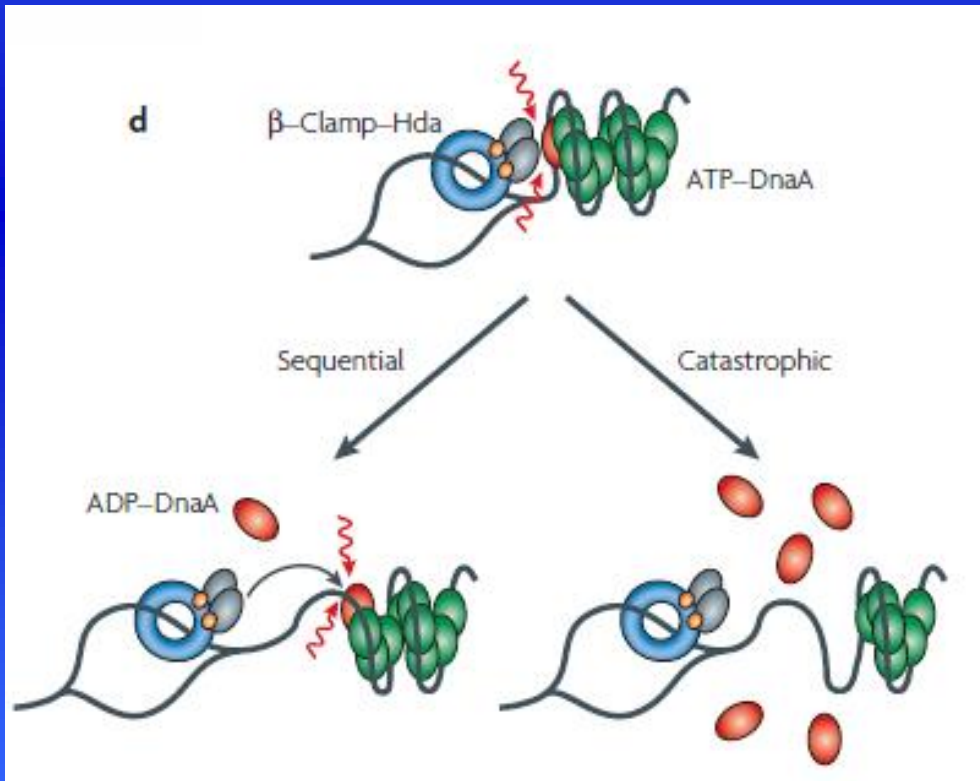
RIDA: Regulatory Inactivation of DnaA

Hda: Homologous to DnaA

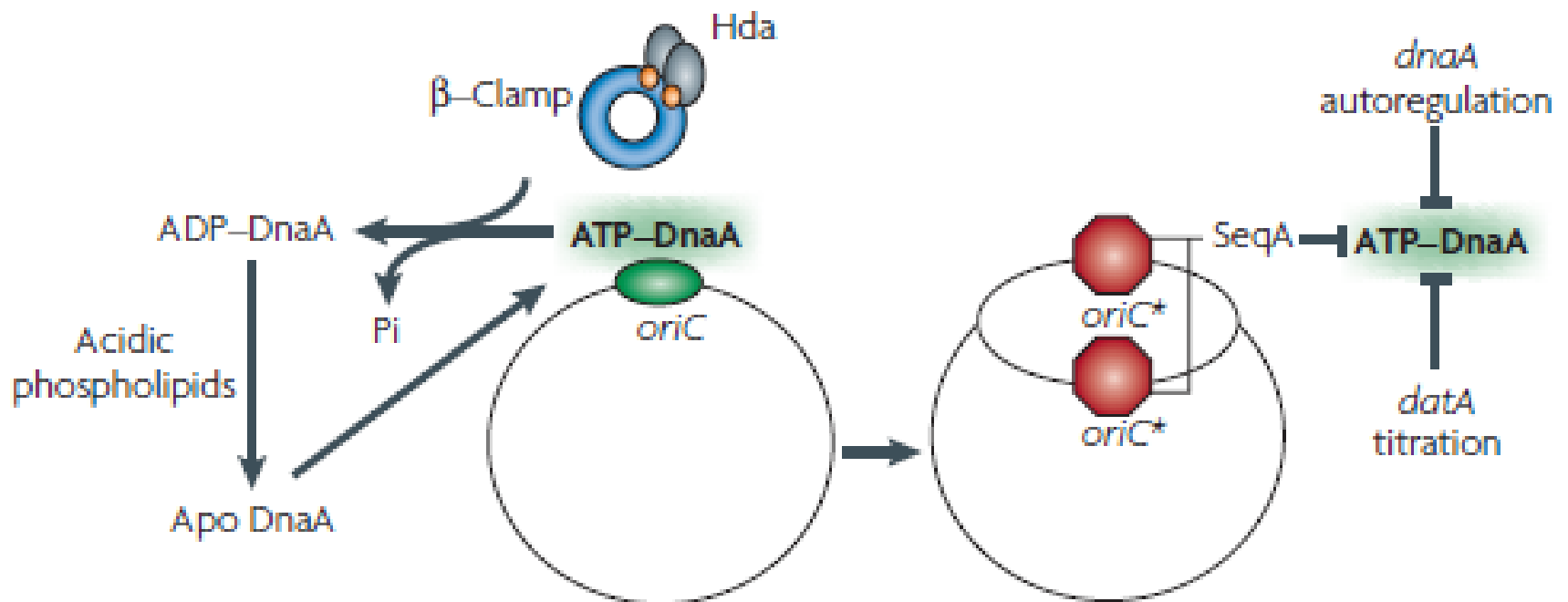
# CONTROLLO R.I.D.A. (Regulatory Inactivation of DnaA )

Si tratta di un sistema che inattiva l'innesco della replicazione dopo che questa è iniziata.

E' coinvolta la proteina Hda



# RIASSUMENDO.....



# TERMINAZIONE DELLA REPLICAZIONE

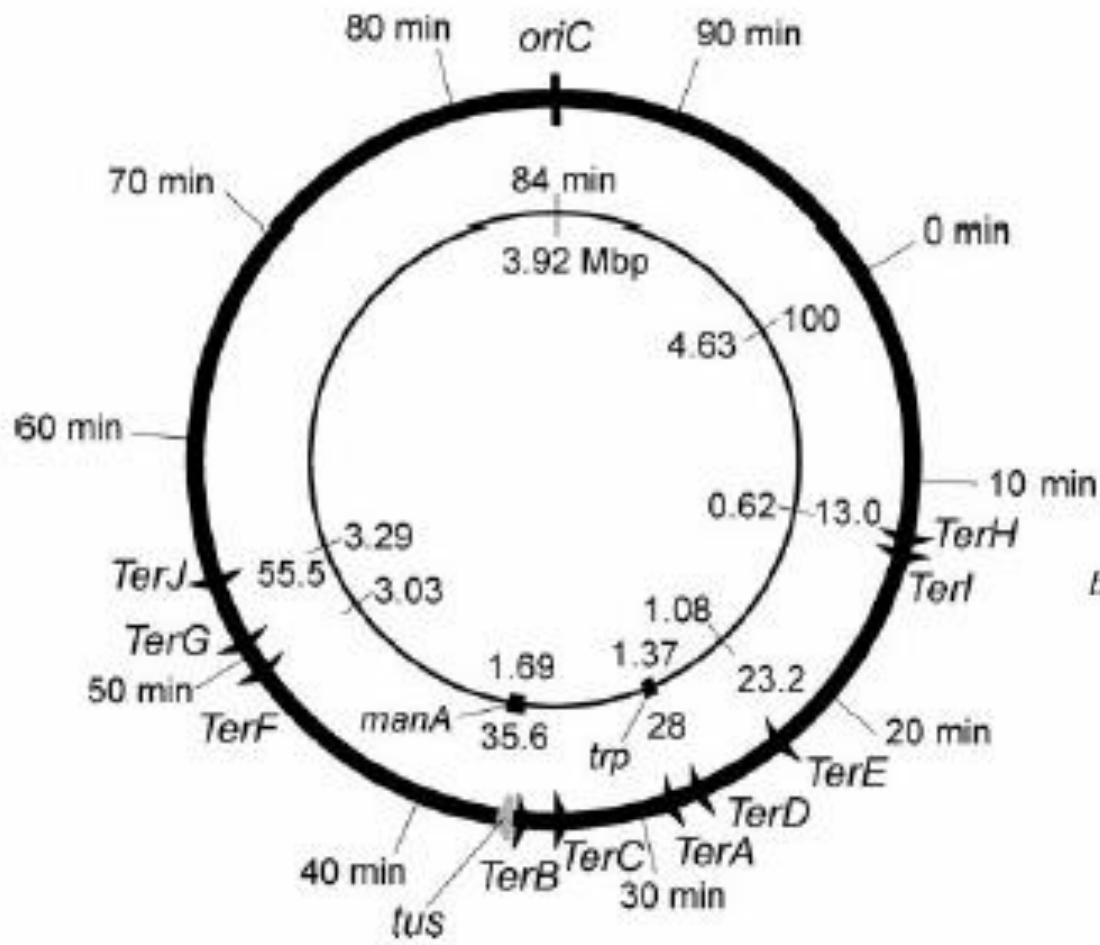
La terminazione della replicazione avviene per collisione delle forche replicative.

Il processo è regolato a livello spaziale. Sono stato individuati, infatti, sul cromosoma di *E.coli* e *B.subtilis* i siti di terminazione denominati *ter*. Essi legano due proteine terminatrici denominate rispettivamente Tus e RPT. Queste proteine interrompono il procedere della forza replicativa interagendo probabilmente con la elicasi.

I siti *ter* hanno due caratteristiche importanti:

- o Sono più di uno (almeno 6 in *E.coli*)
- o Funzionano in modo unidirezionale





Neylon et al. 2005

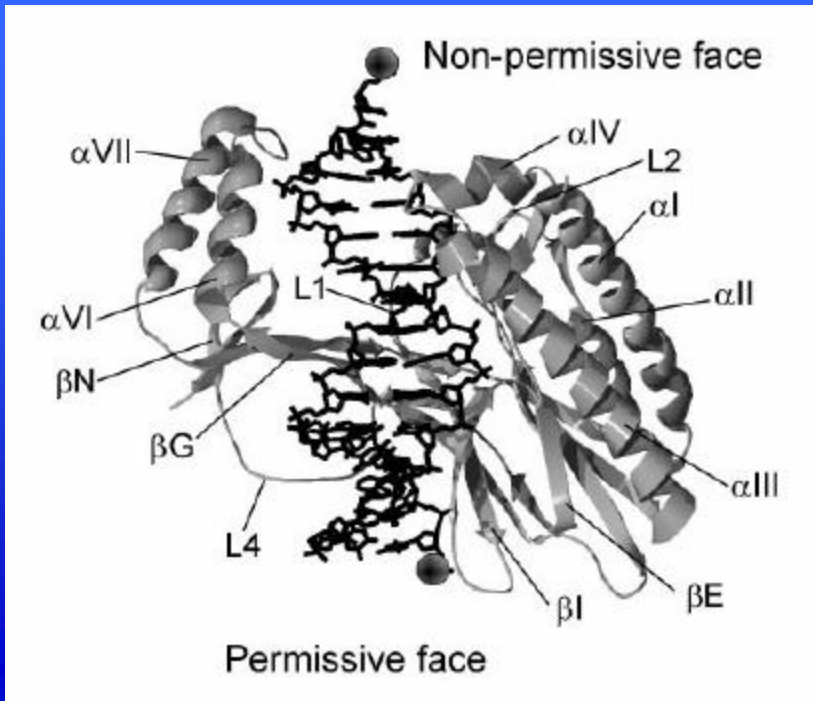
*E. coli* Chromosome

|             |                   |             |
|-------------|-------------------|-------------|
| <i>TerA</i> | AATTAGTATGTTGTAAC | TAAAGT      |
| <i>TerB</i> | AATAA-T           | -----AGT    |
| <i>TerC</i> | ATATA-G           | -----TAT    |
| <i>TerD</i> | CATTA-T           | -----ATG    |
| <i>TerE</i> | TTAAA-T           | -----GCA    |
| <i>TerF</i> | CCTTC-T           | -----G-CGAT |
| <i>TerG</i> | GTCAA-G           | -----CCA    |
| <i>TerH</i> | CGATC-T           | -----TCTC   |
| <i>TerI</i> | AACAT-G           | -----CCG    |
| <i>TerJ</i> | ACGCA-T           | -----TGC    |

R6K Plasmid

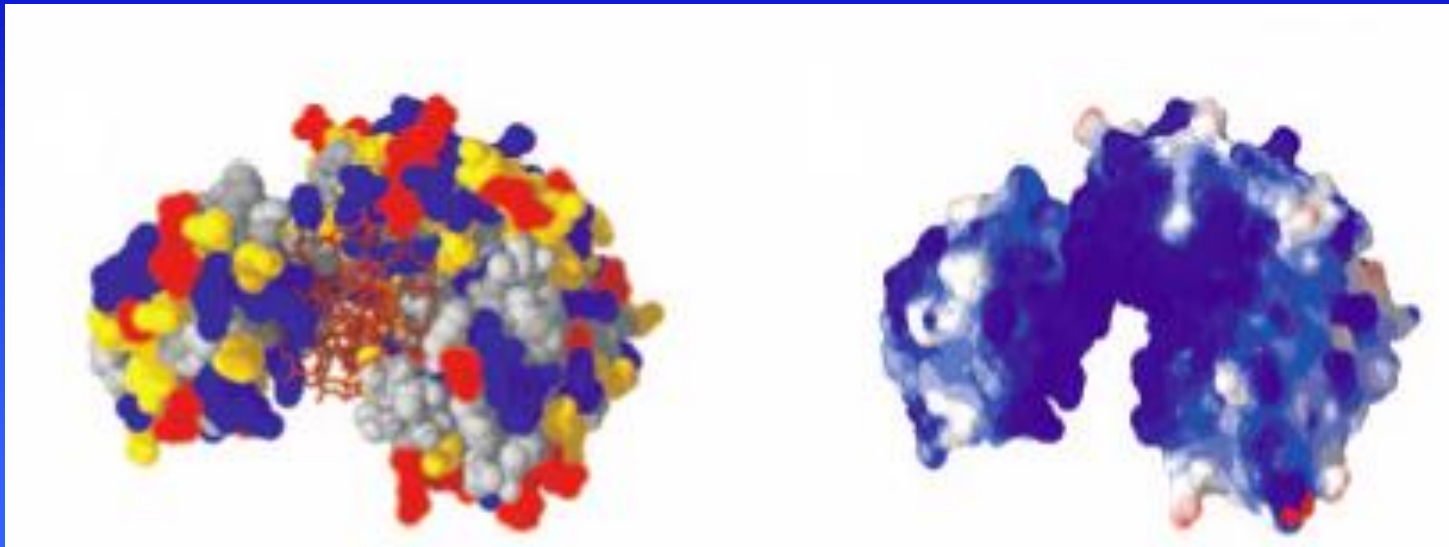
|              |          |           |
|--------------|----------|-----------|
| <i>TerR1</i> | CTCTT-TG | -----ATC  |
| <i>TerR2</i> | CTATT-AG | -----CTAG |

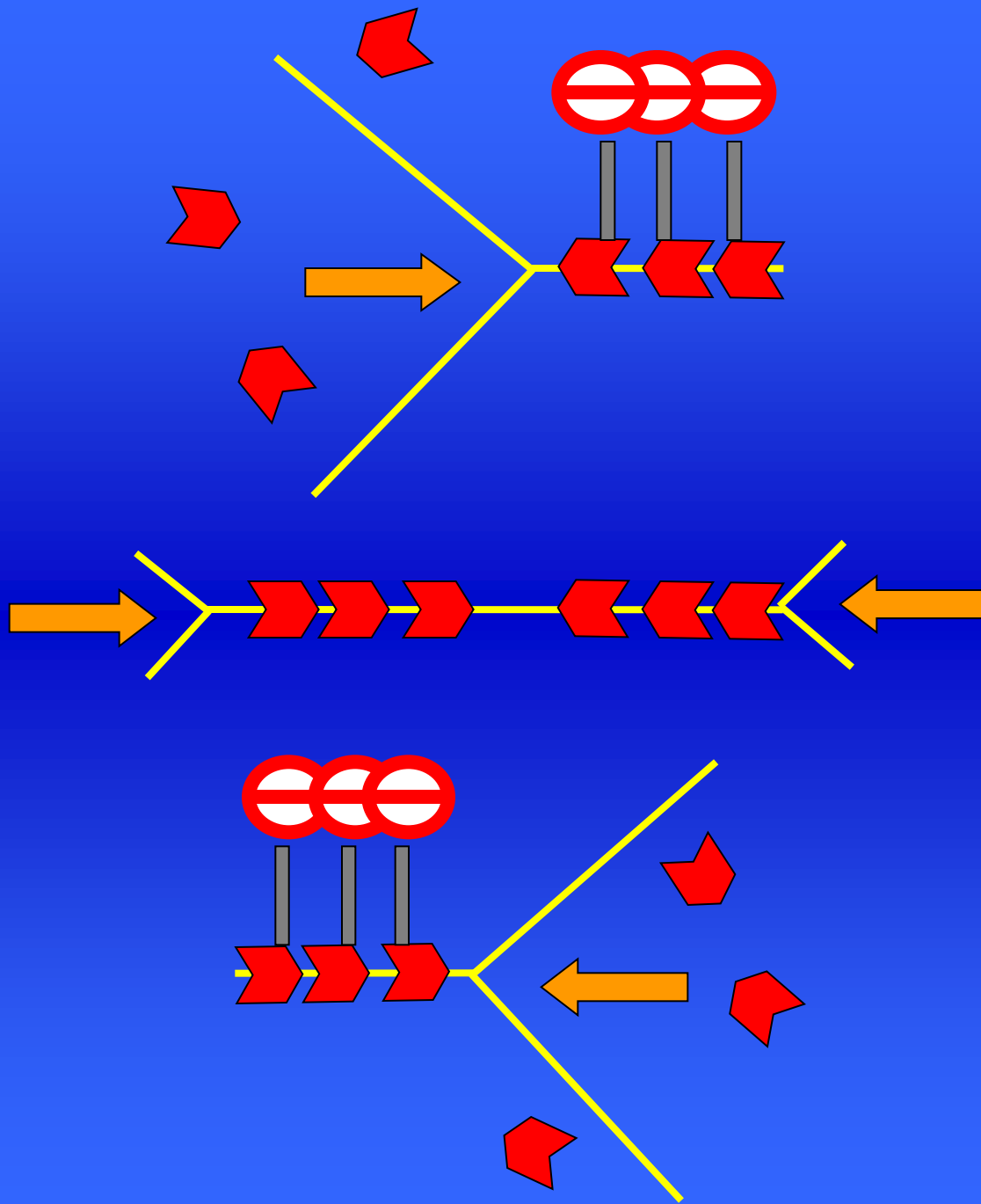
|              |                               |          |
|--------------|-------------------------------|----------|
| Consensus    | AGNATGTTGTAAC                 | TAA      |
| Allowed subs | N-GN-----TG-N                 |          |
| Position     | ..... ..... ..... ..... ..... |          |
|              | 5                             | 10 15 20 |



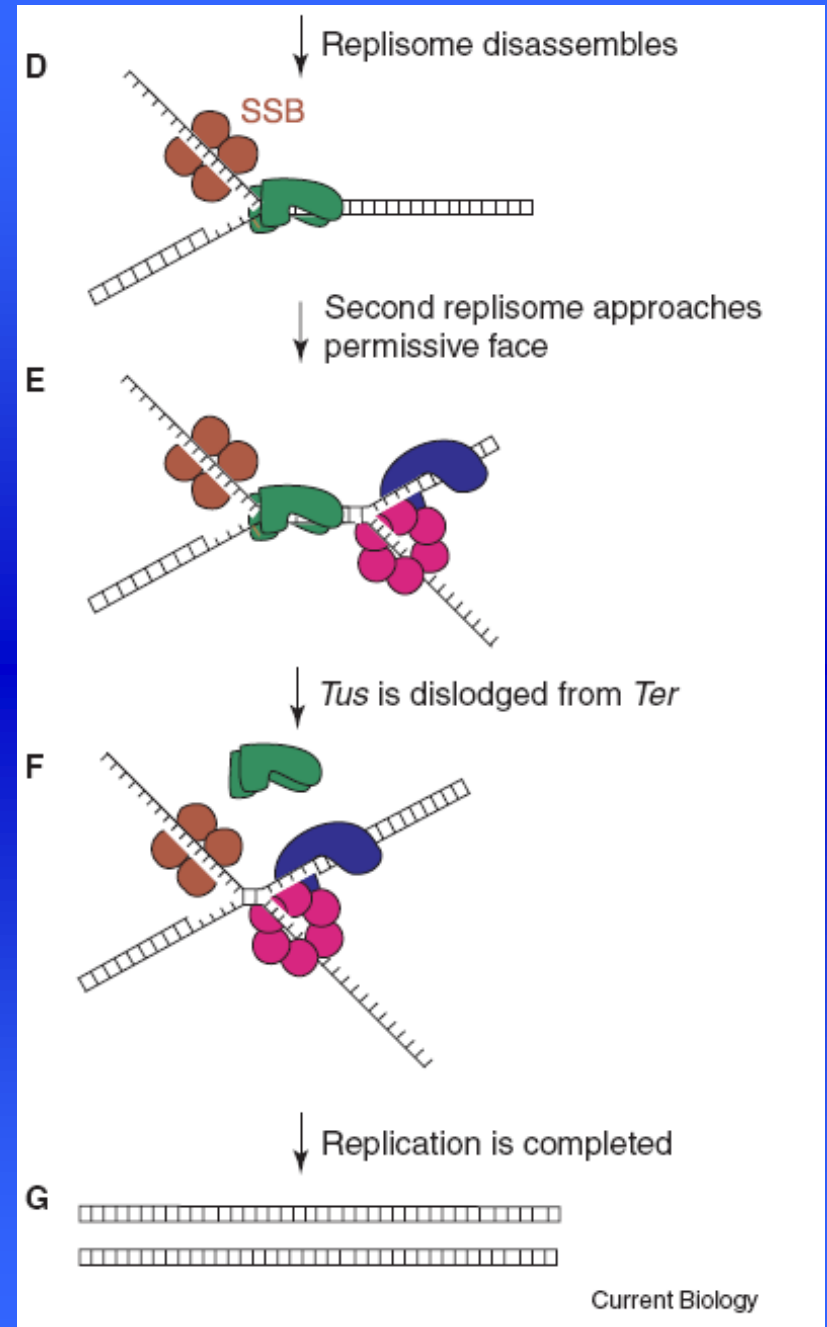
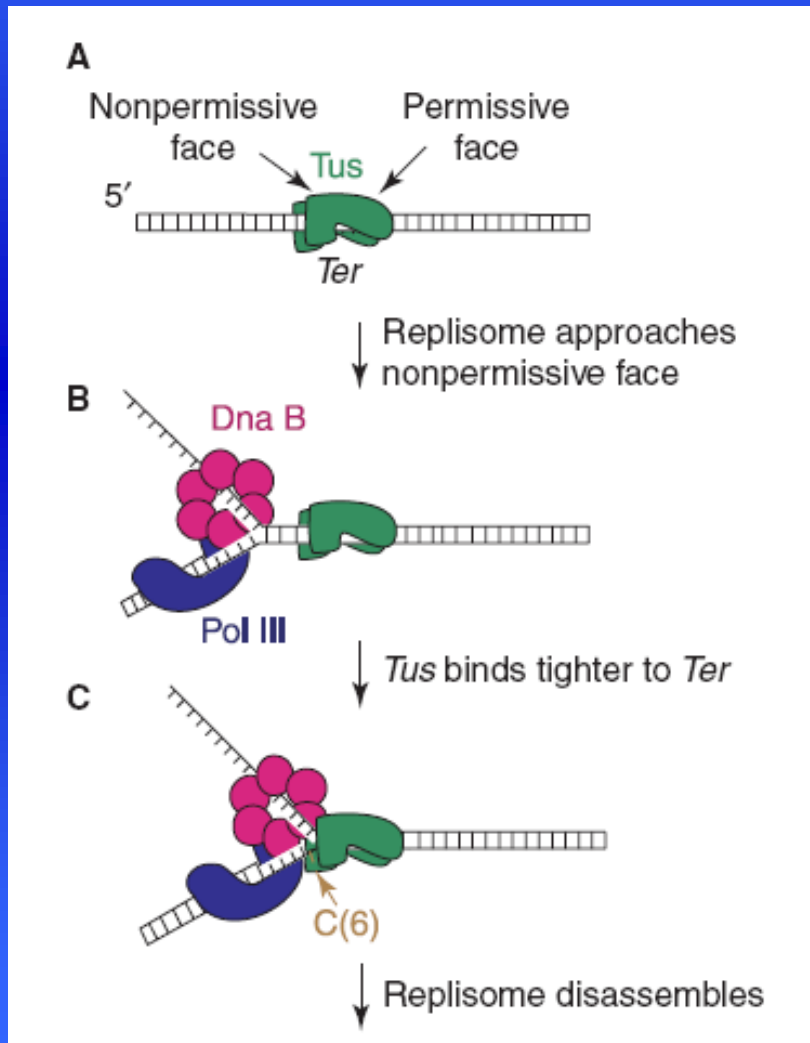
# La proteina Tus

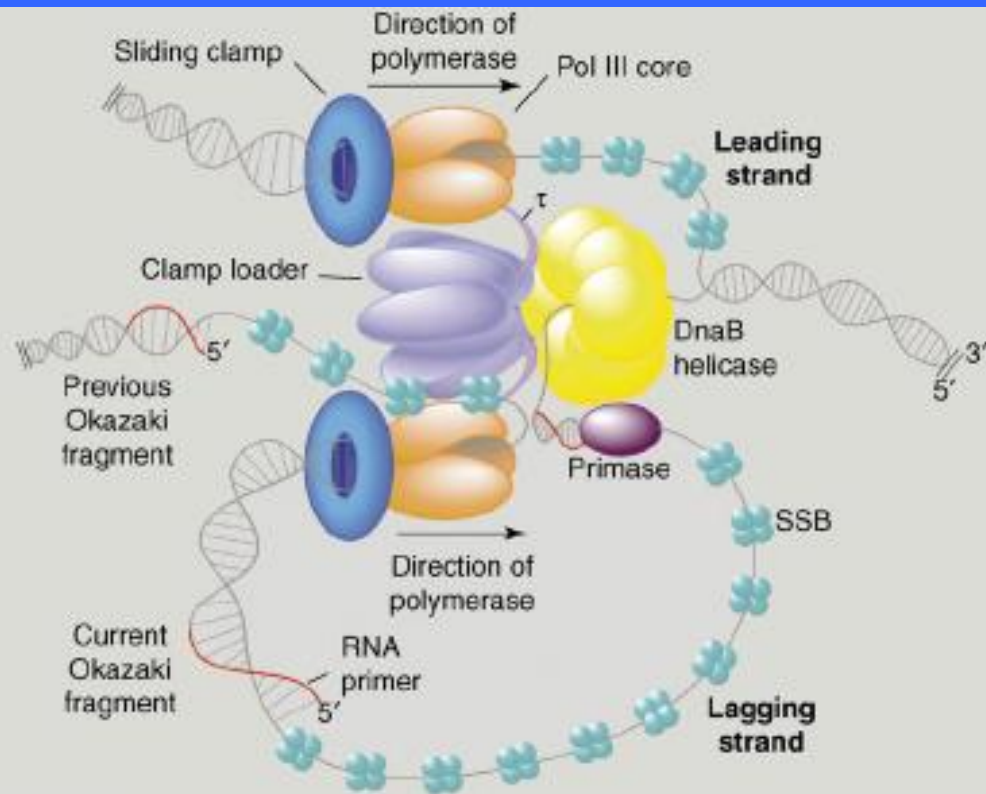
Neylon et al. 2005





# MECCANISMO D'AZIONE DI Tus

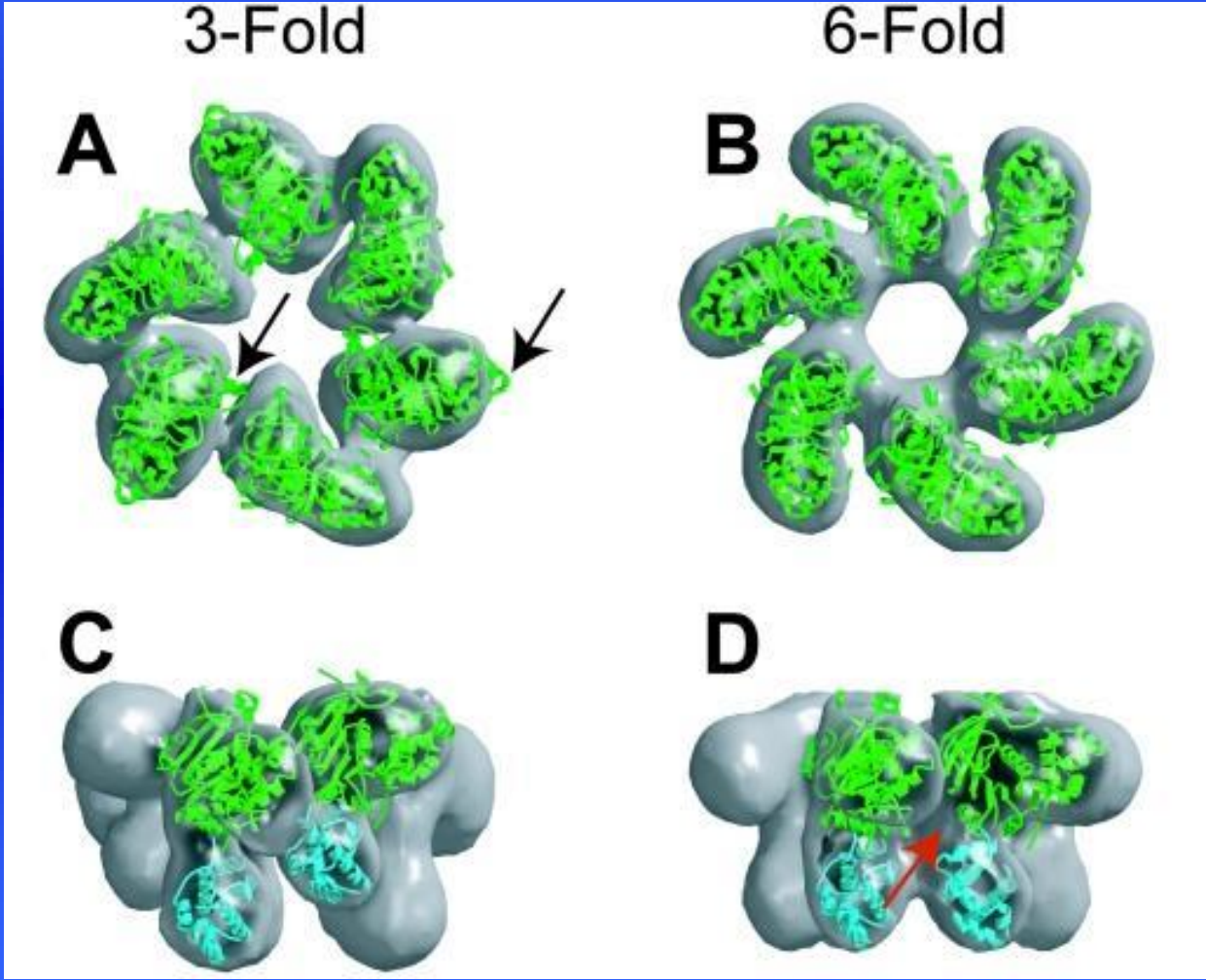




| Replisome component           | Molecular weight (kDa) | Function   |
|-------------------------------|------------------------|--|
| Pol III core (heterotrimer)   | 166                    | DNA polymerase, 3' to 5' exonuclease                       |
| Sliding clamp (homodimer)     | 40.6 X 2               | Processivity factor  |
| Clamp loader (heteropentamer) | 297.1                  | Assembles sliding clamps, protein trafficking              |
| DnaB helicase (homo-hexamers) | 52.4 X 6               | 5' to 3' DNA unwinding                                     |
| Primase (monomer)             | 65.6                   | Synthesizes RNA primers                                    |
| SSB (homotetramer)            | 18.8 X 4               | Binds to single-stranded DNA, prevents secondary structure |



# Struttura dell'elicasi

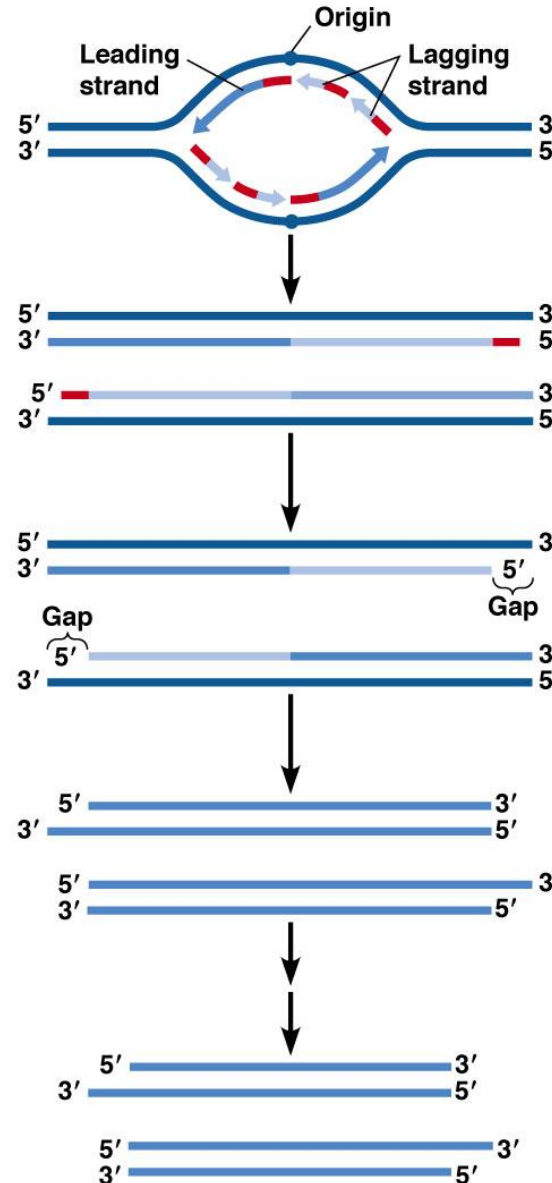


NusA on Helicase

T7 Helicase

# REPLICAZIONE DEI CROMOSOMI LINEARI

- 1** DNA replication is initiated at the origin; the replication bubble grows as the two replication forks move in opposite directions.
- 2** Finally only one primer (red) remains on each daughter DNA molecule.
- 3** The last primers are removed by a 5' → 3' exonuclease, but no DNA polymerase can fill the resulting gaps because there is no 3' OH available to which a nucleotide can be added.
- 4** Each round of replication generates shorter and shorter DNA molecules.



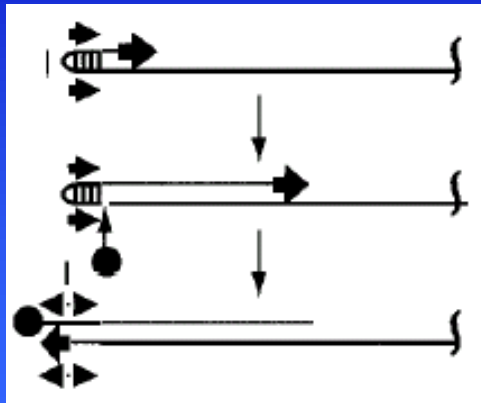
# REPLICAZIONE DEI CROMOSOMI LINEARI

I cromosomi lineari sono caratteristici del genere *Borrelia* (spirochete), *Streptomyces* (gram<sup>+</sup>), l'actinomicete *Rhodococcus fascians* e, infine, uno dei due cromosomi di *Agrobacterium tumefaciens* è lineare

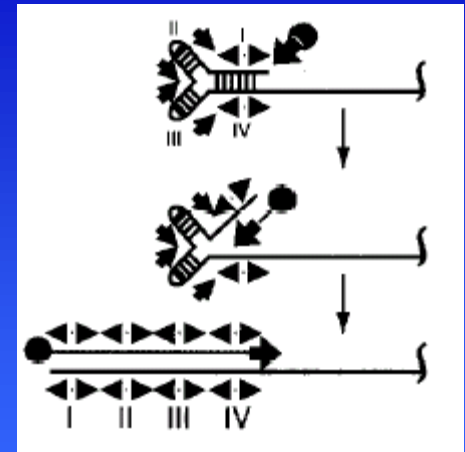
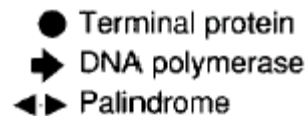
1



2

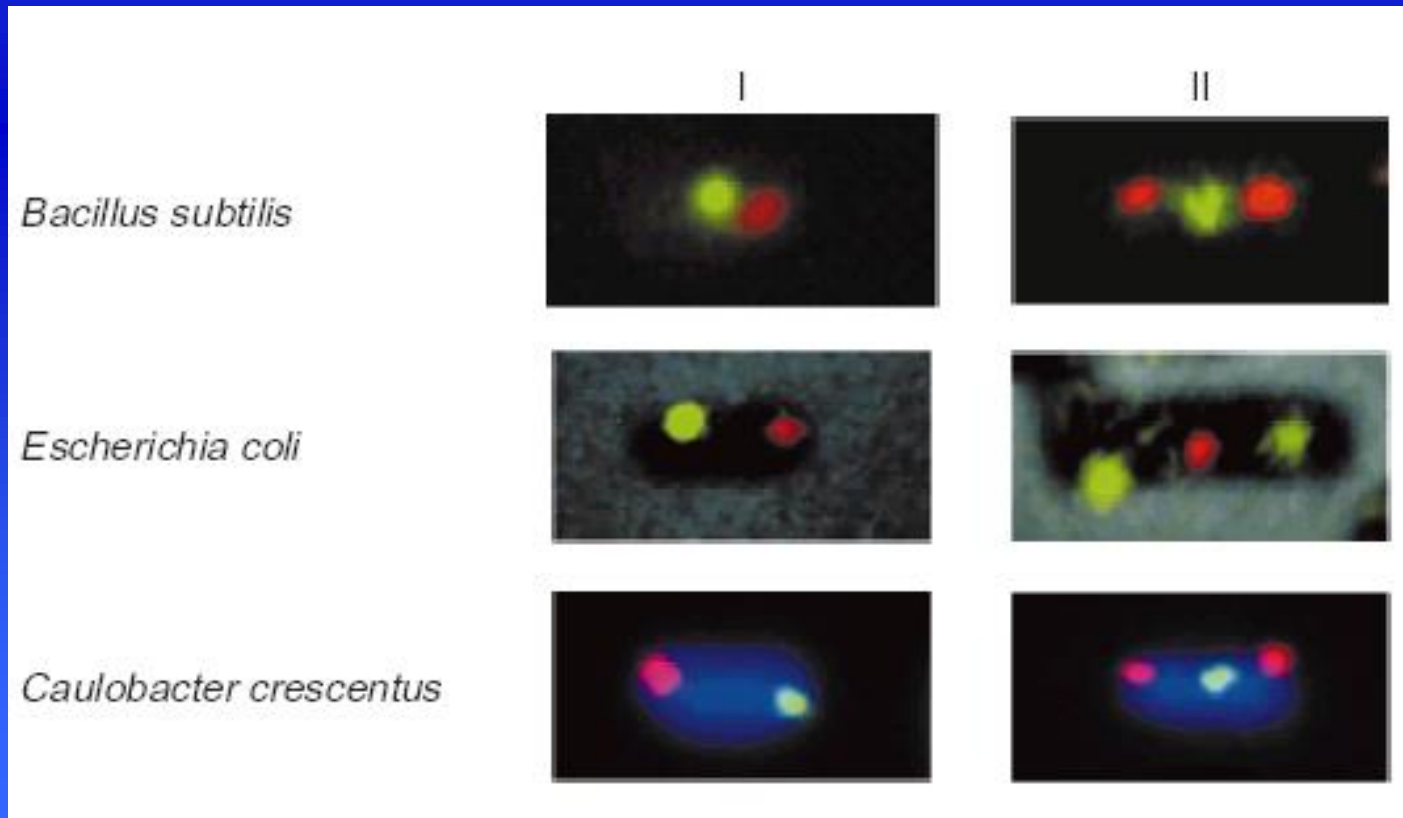


3

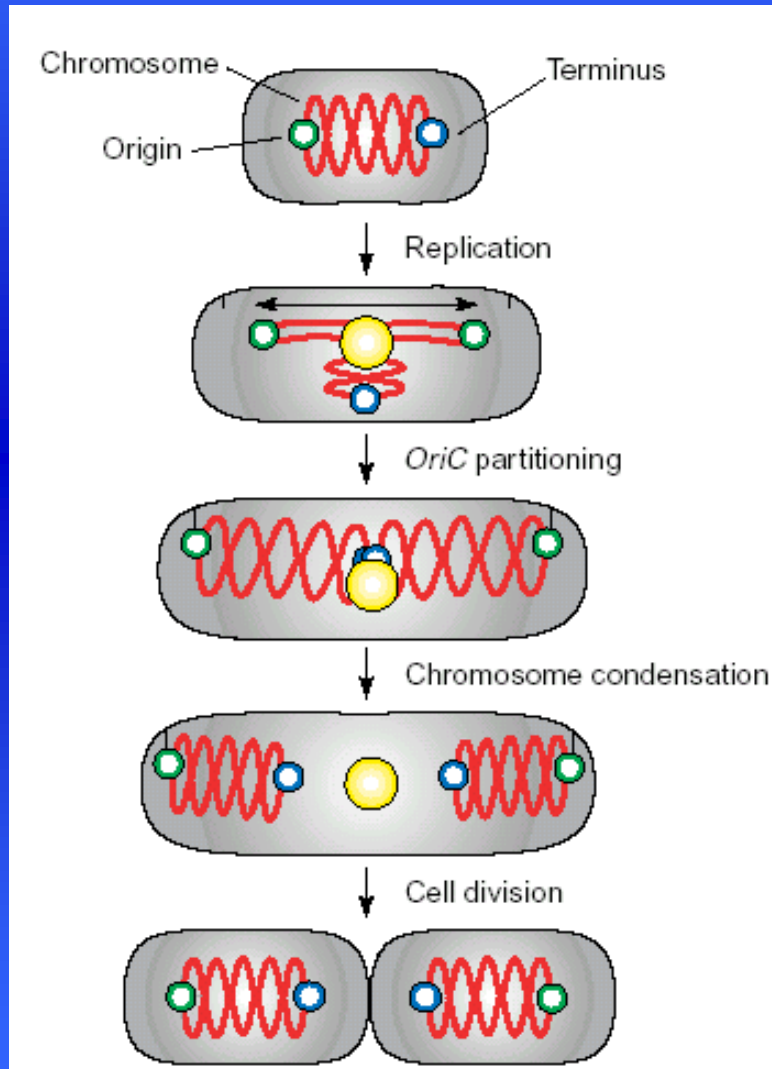


# DINAMICA DEI NUCLEOIDI DURANTE LA DIVISIONE CELLULARE

L'analisi delle micrografie in fluorescenza ottenute marcando il DNA nei pressi dell'origine di replicazione in quelli del sito *ter* hanno evidenziato la cinetica della replicazione e la sua organizzazione spaziale:



# Modello finale proposto



Il replisoma è ancorato nella regione centrale della cellula ...

I cromosomi neosintetizzati migrano alle estremità polari con l'origine di replicazione



**Una volta replicato i due cromosomi devono essere separati e sequestrati nelle due cellule figlie**

**Questo processo può essere suddiviso in due fasi distinte:  
il **cleaning** ed il **partitioning****

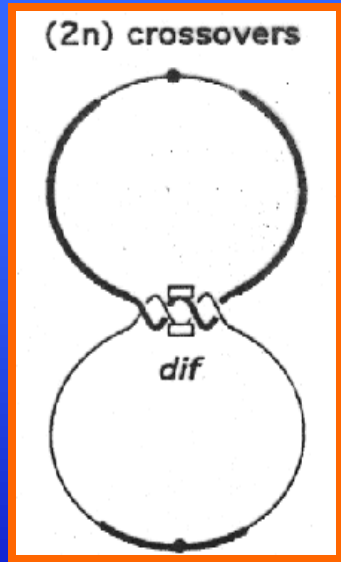
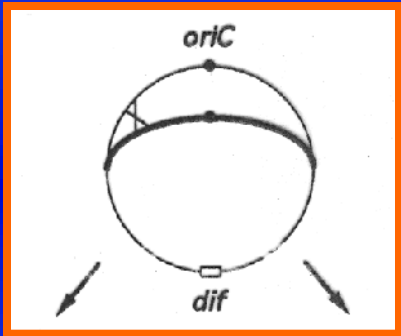
**Il **cleaning** prevede la risoluzione dei grovigli e delle eventuali ricombinazioni avvenute tra le sequenze omologhe dei due cromosomi neosintetizzati**

**Il **partitioning** è invece il processo responsabile della migrazione dei due cromosomi neosintetizzati nelle due cellule figlie**

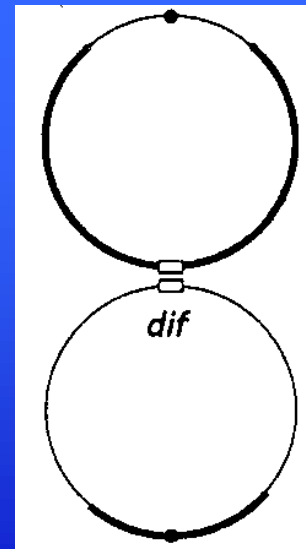
# CLEANING

Nel processo di cleaning intervengono

- la proteina RecA con il sistema di ricombinazione omologa
- La topoisomerasi IV (*parC* e *parE*)
- La resolvasi del sistema XerCD

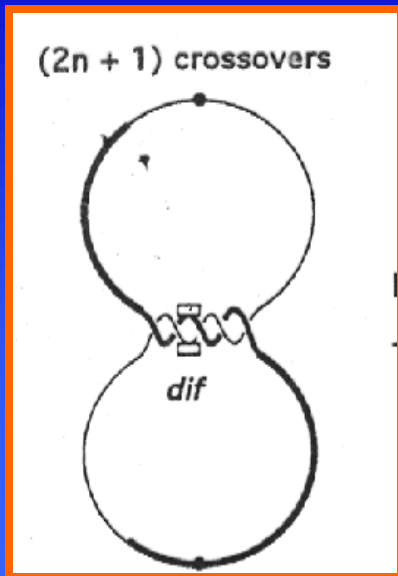
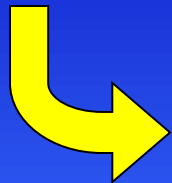


Topo IV

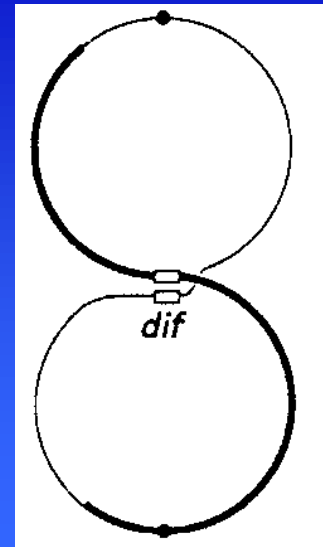


RecA

XerCD



Topo IV



# PARTITIONING

Inizialmente la teoria per la quale l'origine di replicazione viene sequestrata dal rivestimento cellulare aveva portato all'ipotesi che questi punti di ancoraggio servissero alla cellula anche per trainare i due cromosomi figli all'estremità della cellula. In questo caso la forza trainante era data dal processo di allungamento del rivestimento cellulare.

Questa teoria entrò in crisi quando si osservò che la velocità di spostamento dei cromosomi neosintetizzati era superiore a quella dell'allungamento della cellula.

**Studio genetico del partitioning di grandi plasmidi come il plasmide coniugativo F, il plasmide P1 e R1.**

**È stato scoperto un locus genico responsabile di questo fenomeno:**

***parAB con parS per F***

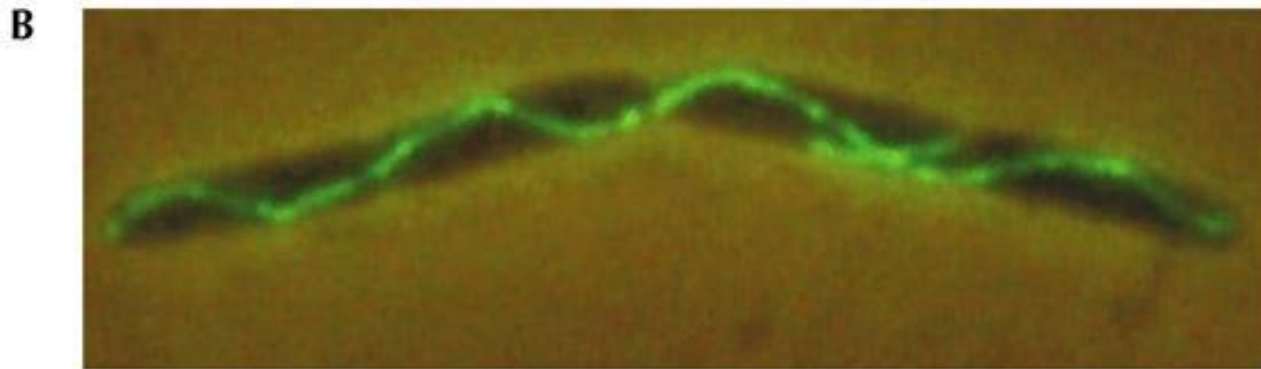
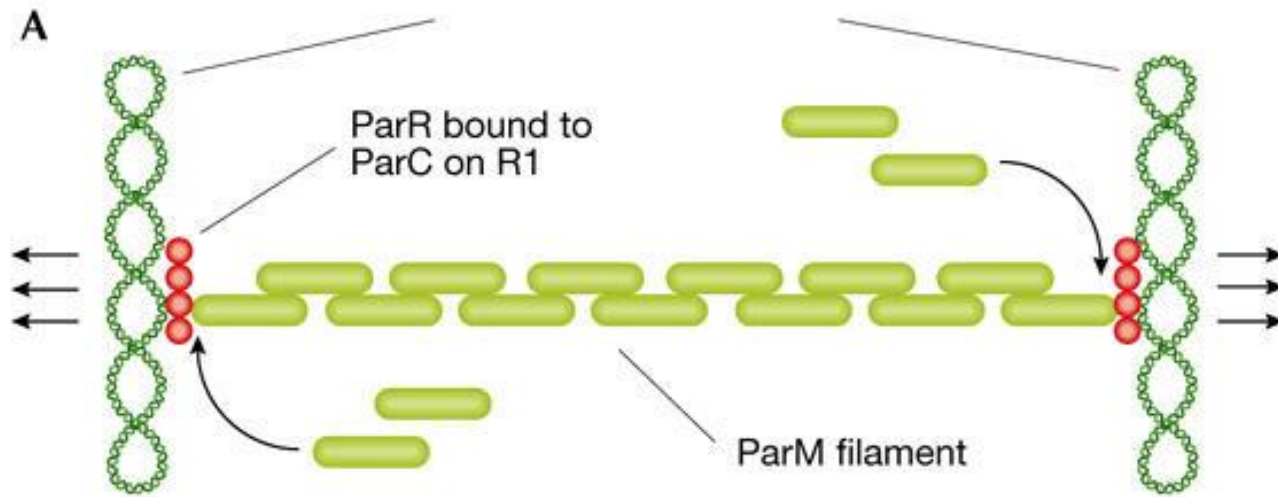
***sopAB con sopC per P1***

***parMR con parC per R1***

**Ciascuno di questi loci sono costituiti da due geni (*parA/sopA/parM* e *parB/sopB/parR*) e un sito di legame per la seconda proteina del sistema (*parS/sopC/parC*)**

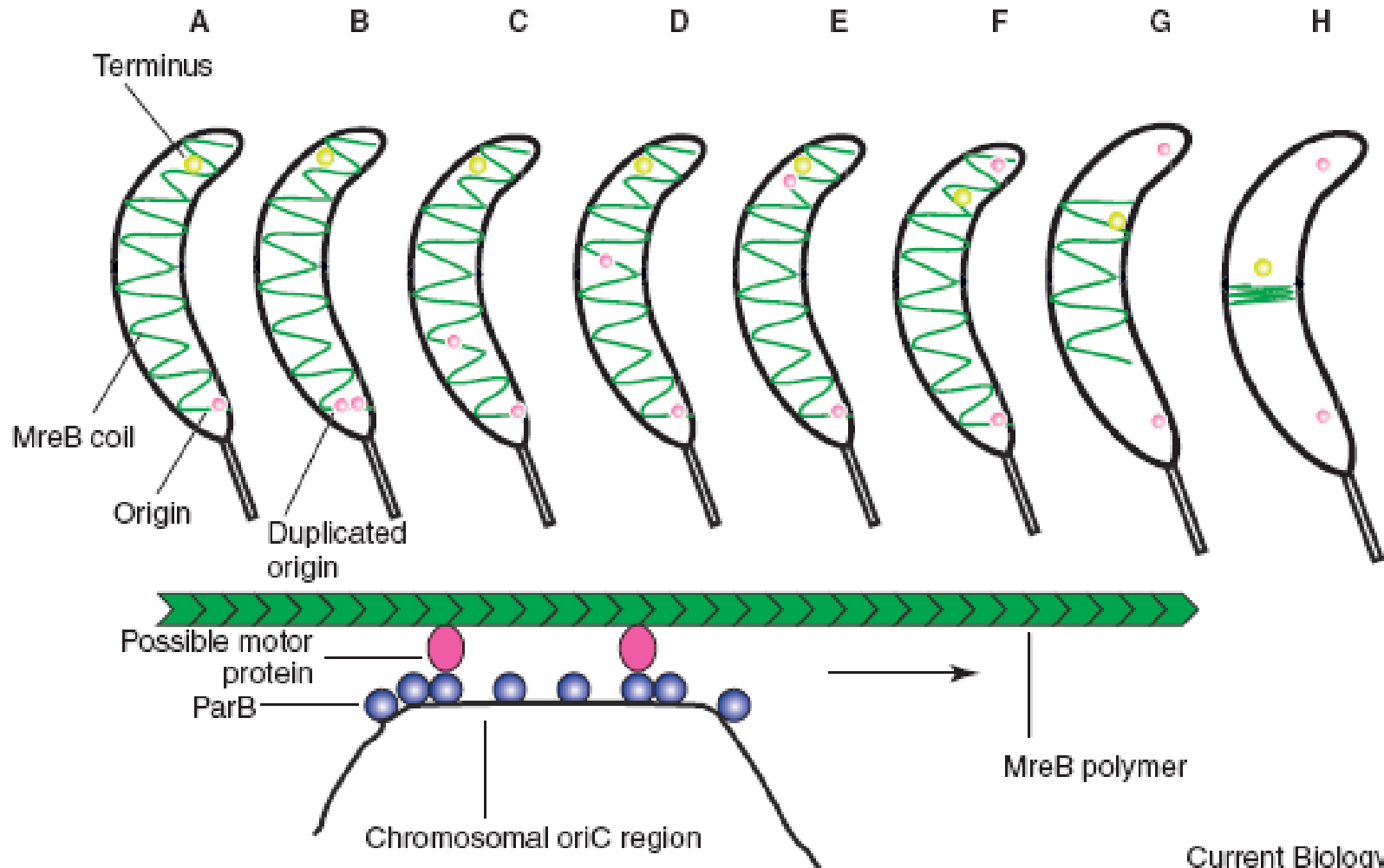


# ParM, ParR e *parC*



**Sono stati trovati omologhi cromosomali dei sistemi *par* e di quello *sop* in molti microrganismi, tra questi i più importanti sono *B.subtilis* (*soj-spo0J*) e *Caulobacter crescentus* (*parA-parB*).**

# Coinvolgimento di MreB



# Referenze

- **Pomertantz et al. Replisome mechanics: insights into a twin DNA polymerase machine. (2007) TRENDS in microbiol 15 (4): 156-164**
- **Mott & Berger. DNA replication initiation: mechanisms and regulation in bacteria. (2007) Nat. rev. Microbiol. 5: 343-354**
- **Margolin W. Bacterial Mitosis: Actin in a New Role at the origin. (2005). Curr. Biol. 15(7): R259.R261**

## Links

- <http://www.wehi.edu.au/education/wehi-tv/dna/replication.html>
- <http://www.scianafilms.com/html/animation/features/t7/index.htm>