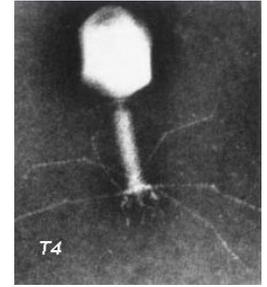
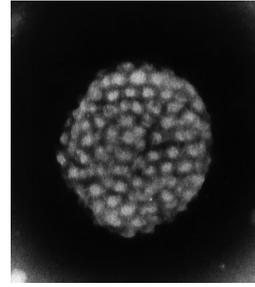
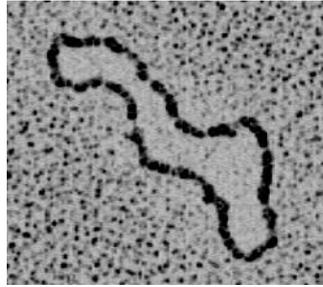
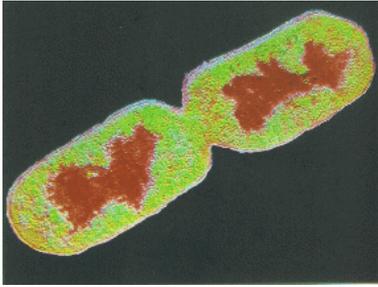


CROMOSOMAS DE VIRUS Y BACTERIAS



- [El material genético organizado son los cromosomas.](#)
- [Los cromosomas de virus: Clasificación.](#)
- [Virus cuyo material hereditario es ADN.](#)
- [Virus cuyo material hereditario es ARN.](#)
- [Virus cuyo material hereditario es ARN-ADN.](#)
- [Virus cuyo material hereditario es ADN-ARN.](#)
- [El cromosoma de las bacterias: organización en dominios.](#)
- [Proteínas bacterianas semejantes a las histonas.](#)
- [Los plasmidios.](#)

EL MATERIAL GENÉTICO ORGANIZADO SON LOS CROMOSOMAS

Ahora que ya conocemos la composición química, la estructura y algunas de las propiedades físico-químicas de los ácidos nucleicos, podemos iniciar el estudio de los cromosomas. Pero, antes es necesario definir ¿qué es un cromosoma?. El **Cromosoma** es el material genético organizado que varía en la escala evolutiva, pasando de moléculas de ácido nucleico lineal o circular encerradas en cápsides de virus, a largas moléculas de ADN doble hélice circular prácticamente desnudas y organizadas en dominios como en las bacterias, y a enormes moléculas de ADN que interactúan con proteínas histónicas y no histónicas como en los eucariontes. Esta definición, incluye también los cromosomas de orgánulos citoplásmicos, como los presentes en mitocondrias y cloroplastos, y los pequeños cromosomas extra (ADN circular doble hélice) o plasmidios que se encuentran en bacterias.



LOS CROMOSOMAS DE VIRUS: CLASIFICACIÓN

Los virus pueden clasificarse atendiendo al tipo de organismo que parasitan en:

- Bacteriofagos o fagos: virus que parasitan a bacterias.
- Virus Animales.
- Virus vegetales.

El material hereditario de los virus está organizado en cromosomas de diferente tipo. Desde el punto

de vista genético, los virus pueden clasificarse en virus ADN o ARN, doble hélice o hélice sencilla, y en circular o lineal.

- Virus cuyo material hereditario es ADN.
- Virus cuyo material hereditario es ARN.
- Virus cuyo material hereditario es ARN-ADN.
- Virus cuyo material hereditario es ADN-ARN.

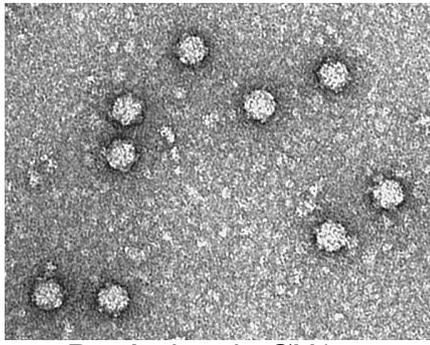


VIRUS CUYO MATERIAL HEREDITARIO ES ADN

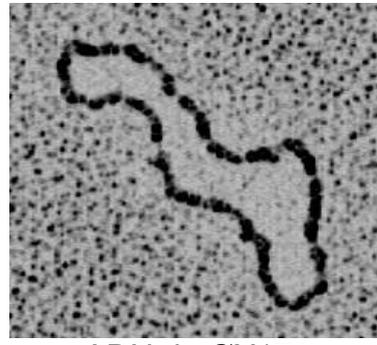
VIRUS ADN			
Tipo de Molécula	Tipo de Hélice	Tipo de virus según huésped.	Familia de virus
Circular	Sencilla	Fago	<i>ØX174</i> <i>M13</i>
		Animal	<i>Parvovirus</i>
Circular	Doble	Animal	<i>Papovavirus (SV40, polioma)</i> <i>Adenovirus</i> <i>Herpetovirus (Herpes)</i> <i>Poxvirus (viruela)</i> <i>Iridovirus (peste porcina)</i>
		Fago	Extremos cohesivos: Fago I (<i>Ø80, 434, P2, 186</i>) Redundancia terminal: serie <i>T-par, T3 y T7</i>
Lineal	Doble	Fago	Extremos cohesivos: Fago I (<i>Ø80, 434, P2, 186</i>) Redundancia terminal: serie <i>T-par, T3 y T7</i>

De los virus anteriormente indicados, algunos han sido ampliamente estudiados genéticamente por distintos motivos. Por tanto, no está demás añadir algunos detalles sobre varios de estos virus.

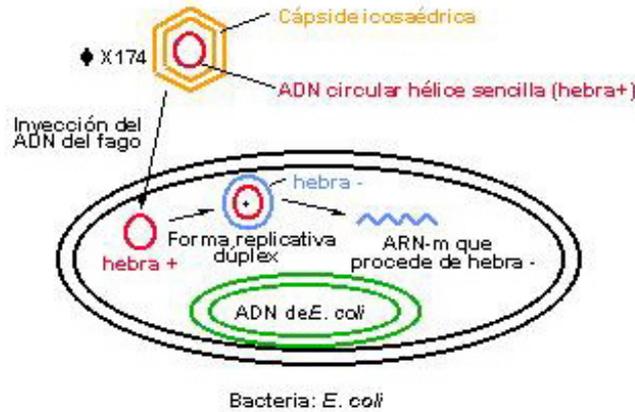
- El virus *ØX174* ha sido empleado ampliamente en estudios sobre la replicación del ADN. Este virus ADN tienen una cápside poliédrica que contiene en su interior una molécula de ADN circular de hélice sencilla (hebra +) con 5.400 nucleótidos. Cuando el virus infecta a *E. coli* pasa por una forma replicativa duplex, formándose una molécula circular doble hélice (una hebra+ y una hebra -). A partir de la hebra - de esta doble hélice se sintetiza el ARN mensajero del virus que se traducirá para producir las proteínas de la cápside. También a partir de la hebra - se sintetizan nuevas hélices de tipo + que se encapsularán dentro de las cápsides para originar nuevas partículas virales.



Partículas de ØX174



ADN de ØX174

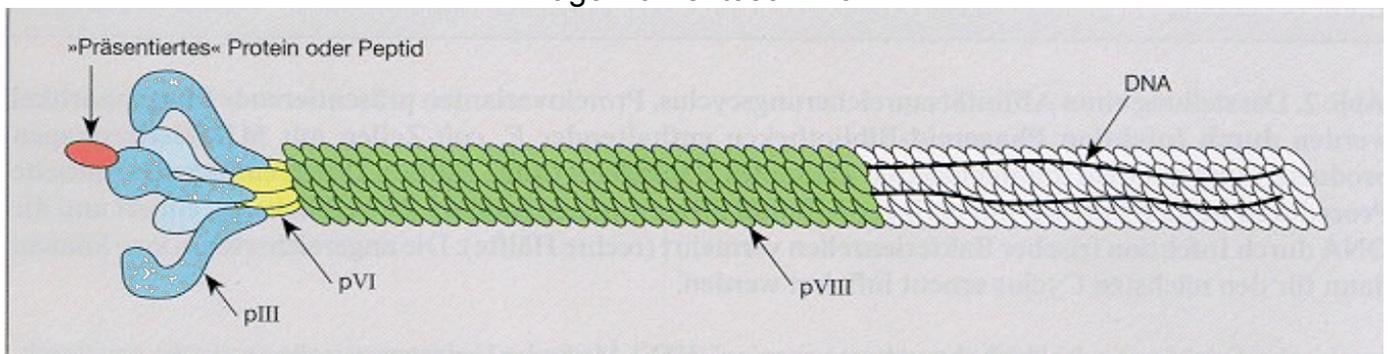


Forma Replicativa de ØX174

- El bacteriofago M13 tiene una cápside de tipo filamentososo dentro de la cual se encuentra una molécula circular de ADN de hélice sencilla de 6.400 nucleótidos. Al igual que ØX174, también pasa por una forma replicativa dúplex.

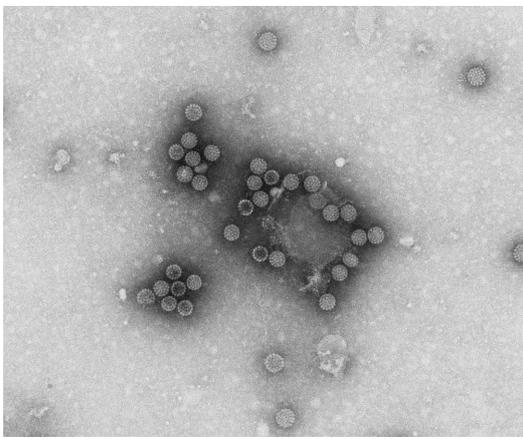


Fago filamentososo M13

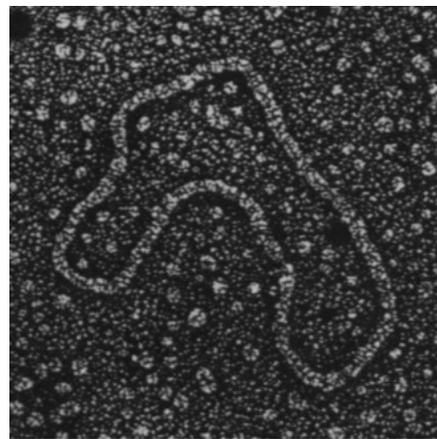


Esquema del bacteriofago M13

- El virus SV40 (*Papovavirus*) tiene una cápside icosaédrica que encierra en su interior un ADN circular doble hélice de 5.243 pares de nucleótidos. El ADN de SV40 se asocia con las proteínas histónicas de las células animales que infecta formando de 20 a 24 nucleosomas. El ADN del virus del polio (Papovavirus) y ADN de los *Adenovirus* que también es circular de doble hélice, se asocia con las proteínas virales V y VII para formar una estructura similar a la de la cromatina de los organismos eucariontes. Los *Adenovirus* están siendo utilizados en experimentos de terapia génica.

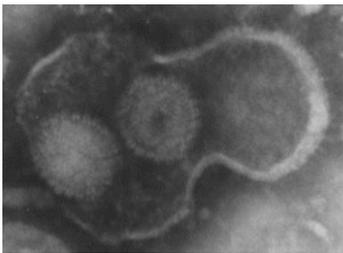


Partículas del virus SV40

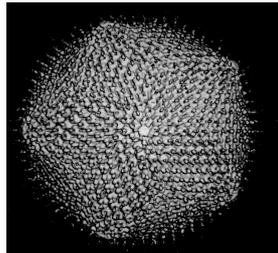


ADN de SV40

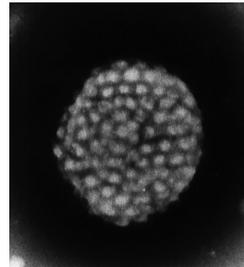
Otros virus conocidos, cuyo material hereditario es ADN doble hélice circular y que también infectan especies animales son los siguientes:



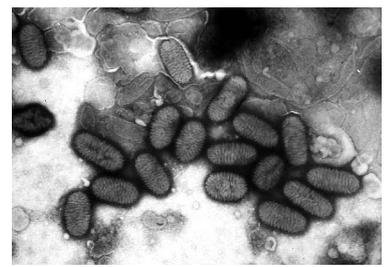
Herpetovirus (Herpes)



Iridovirus (peste porcina)

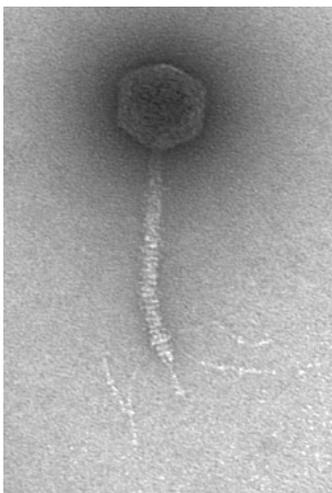


Poxvirus (viruela)

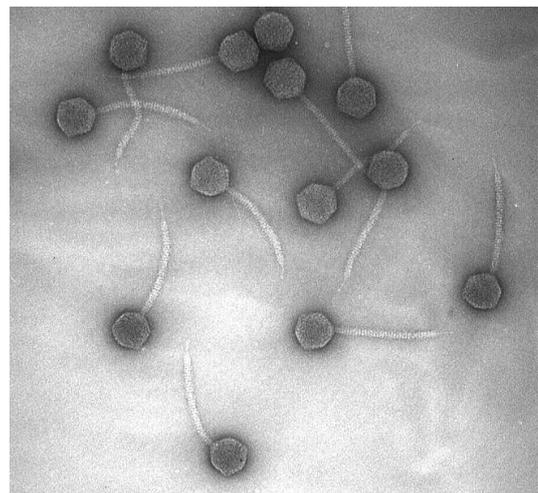


Poxvirus

- El fago I posee una cápside icosaédrica con una cola. Dentro de la cápside existe una molécula de ADN doble hélice lineal con 48.000 pares de bases aproximadamente. Una característica importante de este virus es que presenta extremos cohesivos, es decir, tiene dos extremos 5' monocatenarios, formados cada uno por 12 nucleótidos que tienen una secuencia complementaria. Cuando infecta a *E. coli* lo primero que hace el fago I es circularizarse gracias a sus extremos cohesivos. Después de circularizarse puede seguir un ciclo lítico y lisar a *E. coli* o puede suceder que su ADN se integre en el ADN del cromosoma principal bacteriano. Cuando se replica el ADN del virus se forman concatémeros y una endonucleasa de restricción denominada *ter* reconoce una secuencia palindrómica y produce un corte a distinto nivel (asimétrico) en cada hélice que genera los extremos 5' monocatenarios de 12 bases. El fago I ha sido muy utilizado en estudios de regulación génica, en concreto en el establecimiento del modelo del operón.

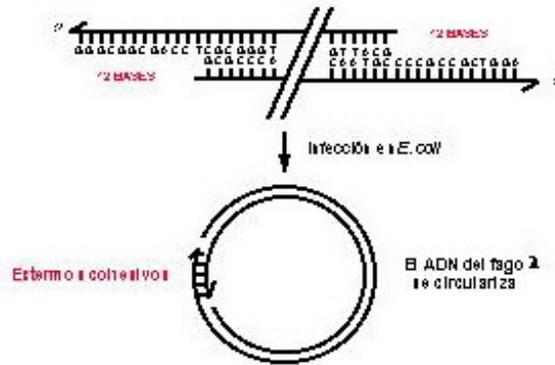


Fago I



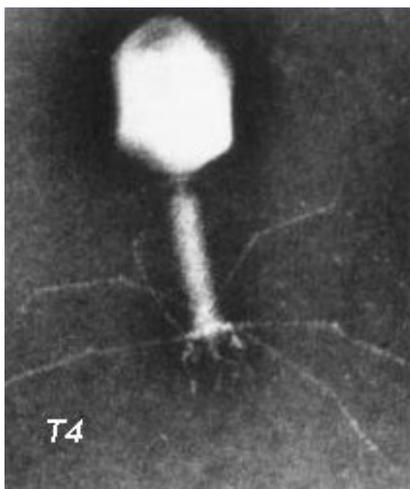
Fagos I

EXTREMOS COHESIVOS DEL FAGO λ

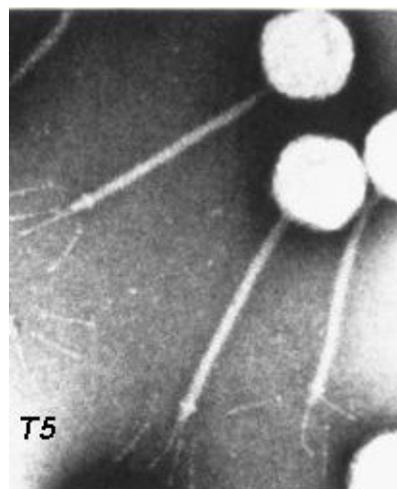


Extremos cohesivos del Fago λ

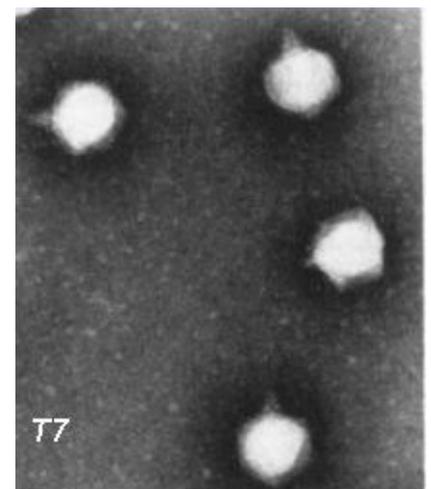
- Los fagos de la serie *T* presentan una cápside icosaédrica con cola que encierra en su interior ADN doble hélice lineal (aproximadamente 166.000 pb). Los virus *T* pares (*T2*, *T4* y *T6*) presentan permutaciones circulares y redundancia terminal. La redundancia terminal consiste en la repetición de una secuencia de 2.000 a 6.000 pares de nucleotidos en los dos extremos del virus. Por ejemplo, las secuencias AB se repiten en los extremos del virus: ABCDEFGHAB. Además, diferentes virus *T4* muestran diferentes ordenaciones de sus genes (diferentes permutaciones circulares), un virus tiene la secuencia ABCDEFGHAB y otro tiene la secuencia CDEFGHABCD, pudiéndose encontrar otro que tenga la secuencia EFGHABCDEF. Cada cromosoma de un fago *T4* es una permutación circular distinta de una secuencia común de nucleotidos (secuencia ABCDEFGH) y además terminalmente repetitivo con respecto a una región determinada. Por esta causa, los mapas genéticos en *T4* resultan ser circulares, a pesar de tener como material hereditario ADN doble hélice lineal. Los virus *T3* y *T7* no presentan permutaciones circulares.



Fago T4



Fago T5



Fago T7



VIRUS CUYO MATERIAL HEREDITARIO ES ARN

VIRUS ARN			
Tipo de Molécula	Tipo de Hélice	Tipo de virus según huésped.	Familia de virus
		Fago	MS2, f2, Qb

Lineal	Sencilla	Animal	<i>Picornavirus</i> (polio) <i>Togavirus</i> <i>Rhabdovirus</i> (estomatitis, rabia) <i>Myxovirus</i> (gripe) <i>Paramyxovirus</i> (Sendai, paperas)
		Vegetal	Virus mosaico tabaco (TMV)
	Doble	Fago	Ø6
		Animal	<i>Reovirus</i>
		Vegetal	Tumor de las heridas
	Circular	Sencilla	Vegetal

- El bacteriofago *MS2* tienen como material hereditario ARN lineal de una sola hélice. *MS2* es uno de los fagos más pequeños ya que posee sólo 3569 ribonucleotidos . Su ARN lleva información para tres proteínas: la replicasa, la proteína A y la proteína de la cubierta. Los ribonucleotidos que llevan la información para la proteína de la cubierta presentan secuencias de tipo palindrómico que permiten la aparición de horquillas o regiones de ARN doble hélice (autoapareamiento).

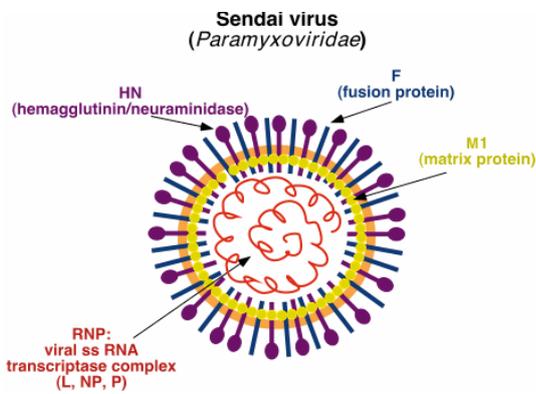


Partículas del virus MS2

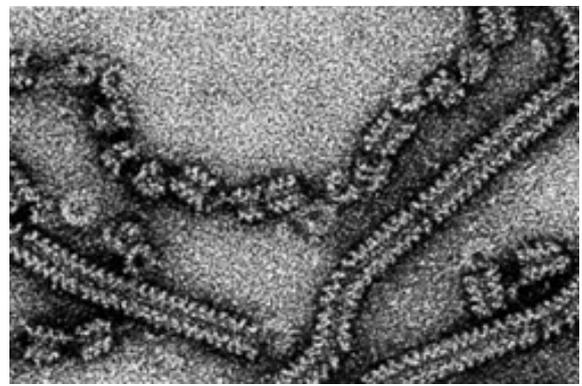


Autoapareamiento gen proteína cápside MS2

- El virus Sendai (*Paramyxovirus*) tiene la propiedad de que puede fusionar células animales de distinto origen empleándose en la obtención de células híbridas somáticas ratón-humanas. Dichas células híbridas eliminan cromosomas humanos al azar y es posible establecer a partir de ellas líneas celulares que contienen todos los cromosomas de ratón y algunos cromosomas humanos. Estas líneas celulares híbridas ratón-humanas se utilizan para averiguar en qué cromosoma humano se localiza un determinado gen, o en qué cromosoma se localiza un determinado fragmento de ADN humano.

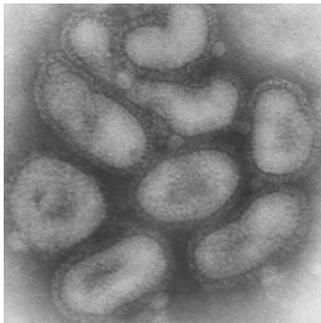


Esquema virus Sendai (paramyxovirus)

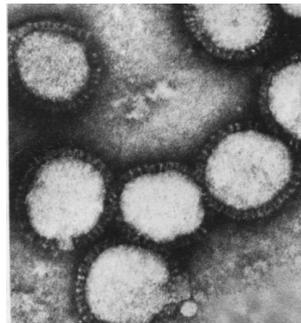


Partículas del virus Sendai

Otro virus conocidos que infectan especies animales y cuyo material hereditario es ARN lineal de una hélice son los siguientes:



Myxovirus (Gripe)



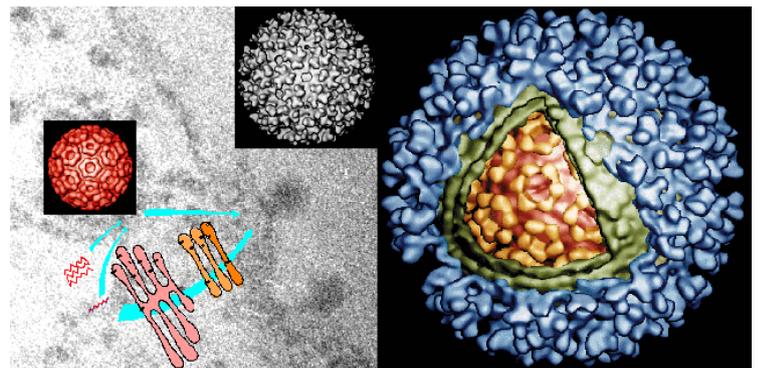
Myxovirus (Gripe)



Picornavirus (Polio)

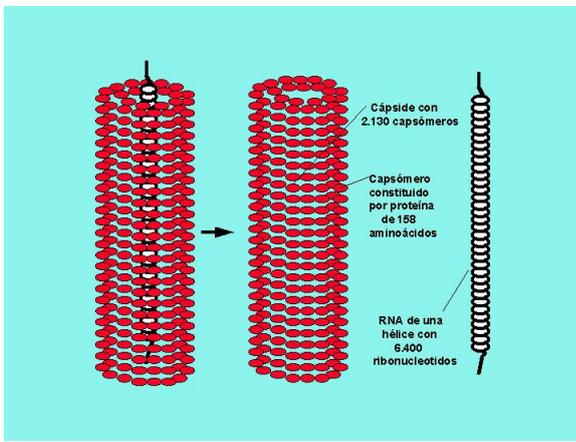


Picornavirus (Polio)

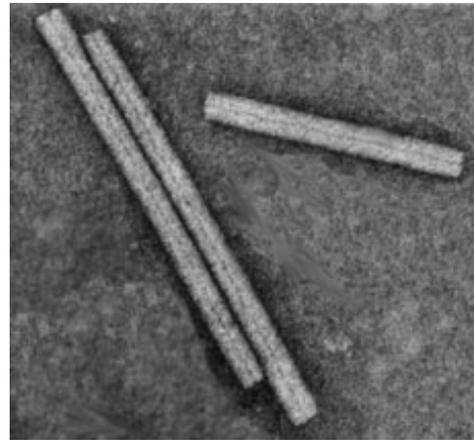


Partícula viral y esquema de Togavirus

- El virus del mosaico del tabaco (TMV) infecta a las plantas del Tabaco produciendo manchas necróticas en las hojas y pérdidas muy importantes en las cosechas. El TMV tiene una cápside cilíndrica formada por 2.130 capsómeros, siendo todos los capsómeros idénticos y estando constituidos por un polipéptido de 158 aminoácidos de longitud. Dichos capsómeros están dispuestos helicoidalmente dejando en el centro de la cápside un hueco donde se aloja el ARN de 6.400 ribonucleótidos de longitud y de una sola hélice de este virus.

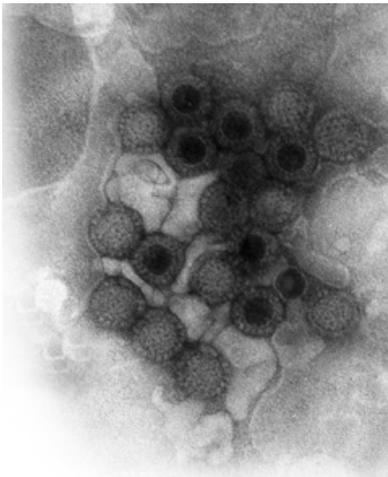


Esquema Virus TMV



Partículas del virus TMV

- Reovirus : su genoma está formado por 10 segmentos de ARN de doble hélice. Tienen una cápside icosaédrica poco usual que está formada por dos laminas. Su ARN no sirve como ARN-mensajero ni tampoco sirve de molde para producir ARN-mensajero, en el interior de la cápside existe una transcriptasa codificada por el genoma del virus. Cada uno de los segmentos de ARN del virus codifica para una proteína viral, al igual que sucede en el virus de la gripe.

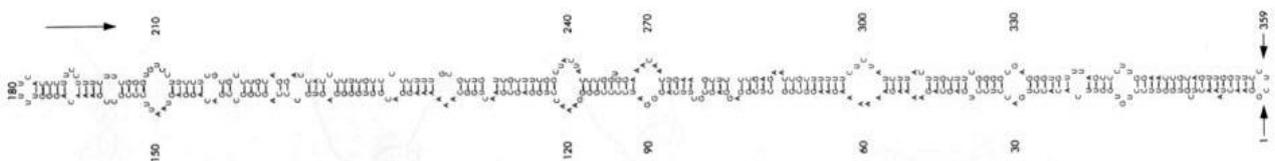


Reovirus (cápside de dos laminas)



Partículas del virus Ø6

- Viroide PSTV (viroide del huso del tubérculo de la patata): son virus muy pequeños con genomas inusuales que carecen de cápside proteica. Se han descrito en plantas y violan muchos de los principios establecidos para los virus animales. El genoma es ARN circular de hélice sencilla con una longitud que oscila entre 240 y 350 ribonucleótidos. Su pequeño cromosoma forma grandes regiones de doble hélice (autoapareamiento) que le protegen de la digestión con ribonucleasa (enzima que ataca a los ribonucleótidos sin aparear), además debido a su pequeño tamaño son resistentes a la inactivación mediante luz ultravioleta. Su secuencia carece de codones de iniciación (AUG) y los marcos de lectura abiertos poseen frecuentemente codones de terminación, de forma que no codifican para ninguna proteína. Por consiguiente, la replicación de su ARN depende de las enzimas presentes en las células vegetales a las que infecta.

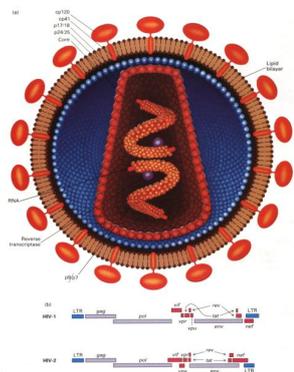


Esquema del ARN hélice sencilla circular del viroide PSTV

VIRUS CUYO MATERIAL HEREDITARIO ES ARN-ADN

VIRUS ARN-ADN			
Tipo de Molécula	Tipo de Hélice	Tipo de virus según huésped.	Familia de virus
Lineal	Sencilla	Animal	<p><i>Retrovirus (Ribodesoxivirus)</i></p> <p>- Sarcoma de Rous (Pollo)</p> <p>- Leucemia de Rauscher (ratón)</p> <p>- HIV (virus de inmunodeficiencia humana causante del SIDA)</p>

- Los *Retrovirus (Ribodesoxivirus)*, productores de algunos tipos de cáncer, como el Sarcoma de Rous en los pollos o la Leucemia de Rauscher en los ratones, tienen como material hereditario dos segmentos de ARN con un coeficiente de sedimentación 35S y en el interior de su cápside esférica se encuentra además una proteína llamada **transcriptasa inversa**. Los *Retrovirus* gracias a la **transcriptasa inversa** sintetizan ADN de doble hélice tomando como molde su ARN (transcripción inversa) durante el proceso de infección de las células animales. Posteriormente este ADN doble hélice producido por el virus se integra en el ADN de las células huésped. Los virus de inmunodeficiencia humana (HIV) que causan el SIDA pertenecen a esta misma familia o categoría. Su material hereditario es ARN, también llevan transcriptasa inversa en el interior de la cápside y dos moléculas de ARN. Poseen un genoma más complejo con al menos 7 genes. Al igual que en el caso anterior tiene lugar la transcripción inversa, la síntesis de ADN doble hélice a partir del ARN del virus y la integración del ADN sintetizado por el virus en el ADN de la célula humana infectada. Los virus de esta familia están siendo empleados en experimentos de terapia génica.



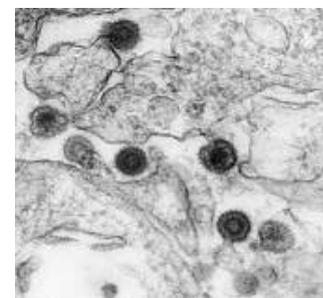
Esquema Retrovirus (SIDA)



Partícula virus SIDA



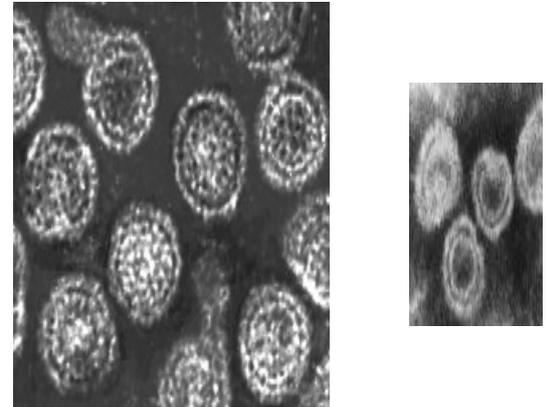
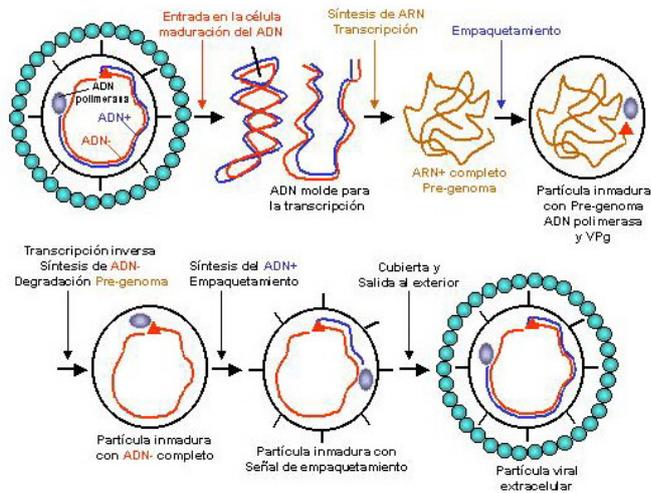
Retrovirus: Sarcoma de Rous (Pollo)



VIRUS CUYO MATERIAL HEREDITARIO ES ADN-ARN

VIRUS ARN-ADN			
Tipo de Molécula	Tipo de Hélice	Tipo de virus según huésped.	Familia de virus
Circular	Doble (gap)	Animal	Hepatitis B

- El virus de la Hepatitis B: Es un virus animal cuyo material hereditario es ADN circular de doble hélice, aunque realmente se trata de dos hélices sencillas lineales, la hélice de ADN+ (la más corta) y la hélice de ADN- (la más larga) que complementan formando una doble hélice circular dejando un hueco (gap) de hélice sencilla. Además dentro de la partícula viral existe una ADN polimerasa. Cuando infecta a las células animales su ADN se termina de convertir en doble hélice circular gracias a la ADN polimerasa y después se convierte en ADN doble hélice lineal que sirve de molde para producir una molécula de ARN- (pre-genoma del virus). La replicación del virus se realiza por transcripción inversa a partir del ARN- (pre-genoma). Por consiguiente, la replicación del virus necesita de la **transcriptasa inversa** que a partir del ARN- produce el ADN del virus. Por tanto, bajo este punto de vista el virus de la Hepatitis B es un Retrovirus.



Esquema de replicación del virus de la Hepatitis B

Partículas del Virus de la Hepatitis

En algunos virus se han detectado proteínas de bajo peso molecular asociadas al ADN o ARN del virus, dichas proteínas se denominan VPg. Las proteínas VPg se han encontrado en virus vegetales y animales con ARN de una sola hélice (poliovirus) y en virus ADN de doble hélice como el Ø29 que infecta a la bacteria *Bacillus subtilis*, en adenovirus y en el virus de la Hepatitis B. En todos los casos, las proteínas VPg están unidas al ADN o ARN mediante un enlace fosfodiéster con la base del extremo 5' P, y juegan un papel en la iniciación de la replicación del virus.



LOS CROMOSOMA DE LAS BACTERIAS: ORGANIZACIÓN EN DOMINIOS

La información hereditaria de las bacterias se encuentra fundamentalmente en un único cromosoma consistente en una molécula de ADN doble hélice circular. El tamaño de esta molécula varía según la especie bacteriana de $0,1 \times 10^9$ a 8×10^9 dalton. Una de las bacterias más estudiadas desde el punto de vista genético es *Escherichia coli* cuyo ADN mide 1.100 m de longitud y tiene 3.200.000 pares de nucleótidos.



E. coli dividiéndose (nucleoides en el centro)

La circularidad del cromosoma de *E. coli* se demostró mediante estudios genéticos de construcción de mapas de tiempo mediante la técnica de la conjugación interrumpida (Jacob y Wollman, 1958). Sin embargo, la primera evidencia citológica de la circularidad del cromosoma de *E. coli* se obtuvo más tarde (Cairns, 1963) marcando radiactivamente el ADN, realizando una autorradiografía y analizando los resultados al microscopio óptico.



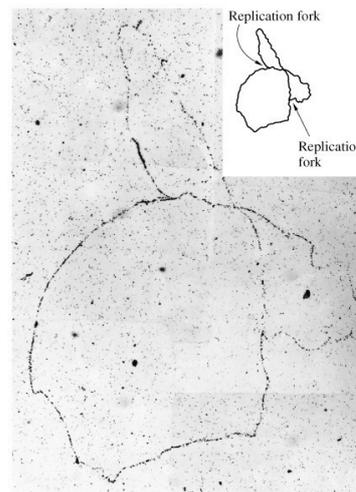
F. Jacob



E. L. Wollman



J. Cairns



ADN circular en *E. coli* (replicación)

La deshidratación requerida por las técnicas citológicas necesarias para la observación al microscopio electrónico de la organización cromosómica de las bacterias produce un desplegado o disgregación del nucleóide bacteriano que dificulta los análisis. Por esta causa, no ha sido posible determinar mediante microscopía electrónica la estructura del nucleóide bacteriano.

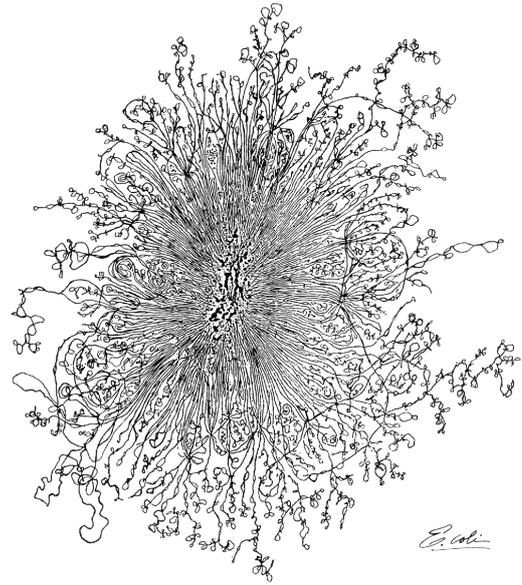
La extracción del nucleóide se realiza mediante un lisado de la pared celular con detergentes y lisozimas y posterior centrifugación en un gradiente de sucrosa. El 60 % del nucleóide es ADN, un 30 % es ARN (incluido el ARN producto de la transcripción), del 5 al 10 % es proteína (un 90% de la proteína corresponde a polipéptidos de la ARN polimerasa) y 1% son lípidos (probablemente contaminaciones de membrana).

El estado más o menos relajado, desplegado o disgregado del nucleóide bacteriano puede deducirse de su comportamiento después de ciertos tratamientos y posterior centrifugación en

gradiente de sucrosa. Cuanto más compactado está el nucleoide menos viscoso es, menos rozamiento ofrece cuando migra en el tubo de centrifuga a través de la solución saturada de sucrosa y, por tanto, presenta una mayor velocidad de sedimentación. Cuanto más relajado o disgregado está el nucleoide más viscoso es, ofrece un mayor rozamiento en su migración y disminuye su velocidad de sedimentación.



Bacteria lisada

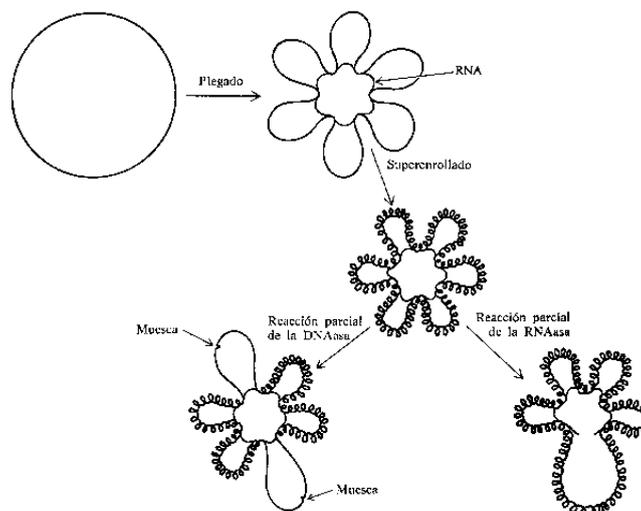


Nucleoide bacteriano (dominios)

Cuando el nucleoide se trata con RNasa, enzima que digiere específicamente ARN, la velocidad de sedimentación disminuye de 1.600 S a 160 S en una relación directa al tiempo de tratamiento con RNasa.

El tratamiento con reactivos que disocian o degradan proteínas también produce un desplegado o relajamiento del ADN del nucleoide que se traduce también en una disminución de la velocidad de sedimentación. Este dato indicaría que también las proteínas podrían jugar un papel en el enrollamiento o plegamiento del nucleoide.

El tratamiento del nucleoide con bromuro de etidio produce también una disminución de la velocidad de sedimentación. Este cambio en la velocidad de sedimentación es típico de ADN superenrollado.



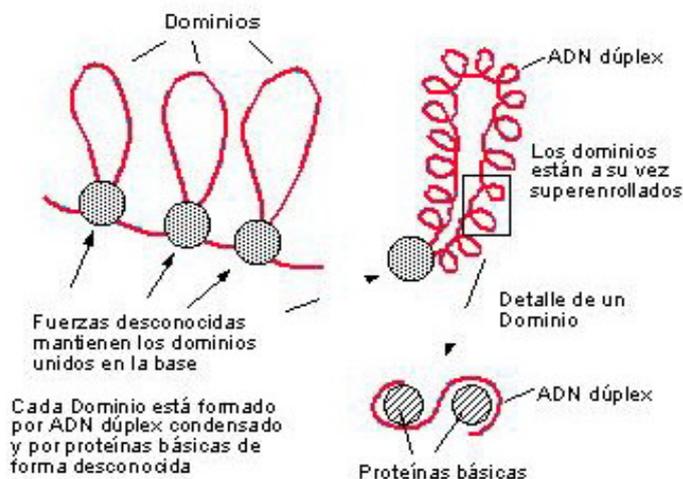
Organización en dominios del nucleoide bacteriano

Cuando se trata con ADNasa que produce roturas a nivel de una sola hélice, también se relaja la estructura y disminuye la velocidad de sedimentación, pero se necesitan muchas roturas para relajar todo el superenrollamiento del nucleoide. Este superenrollamiento del nucleoide se produce en parte por una cuestión de tipo mecánico. Si imaginamos dos cuerdas paralelas (cada una de las hebras

de la doble hélice de ADN) y las enrollamos girando los extremos en sentido contrario (como si quisiéramos hacer una trenza, modelo estructural de la doble hélice) y, por último, unimos los extremos para formar un círculo, observaremos que debido a la tensión producida se forman inmediatamente nuevos superenrollamientos. Este resultado parece sugerir que el cromosoma de *E. coli* está formado por distintos dominios que a su vez están superenrollados. La rotura en una sola hélice de un dominio relajaría el superenrollamiento de ese dominio y no de los otros.

El número de dominios que se estima que existen en el cromosoma de *E. coli* es variable (12 a 80) y depende de las condiciones experimentales de aislamiento y purificación.

El papel del ARN en la estructura del nucleoide no está claro, ya que se encuentra ARN mensajero (ARN-m), ARN transferente (ARN-t) y ARN ribosómico (ARN-r) unido al ADN mediante la ARN polimerasa. Se ha postulado que el ARN podría encontrarse en la base de los dominios estabilizándolos, sin embargo, algunos investigadores creen que la causa que mantiene estables los dominios no está identificada. De manera que los dominios se mantendrían unidos en su base a través de fuerzas desconocidas.



Dominios e interacción del ADN con proteínas básicas

Inicio

PROTEÍNAS BACTERIANAS SEMEJANTES A LAS HISTONAS

Por último, en bacterias se han encontrado proteínas con características muy semejantes a las histonas de los organismos eucariontes. Por esta causa se piensa que estas proteínas podrían unirse al ADN y formar una especie de cromatina primitiva. Estas proteínas son las siguientes: la HU que es un dímero de subunidades diferentes y semejante a la histona H2B, la proteína H dímero de subunidades idénticas y semejante a la histona H2A, la proteína P semejante a las protaminas, la subunidad H1, el dímero HLP1 y el monómero HLP1.

PROTEÍNAS BÁSICAS DETECTADAS EN BACTERIAS			
Proteína	Composición	Contenido por células	Semejanza con eucariontes
HU	Dímero subunidades a y b de 9.000 d.	40.000 dímeros	Histona H2A
H	Dímero subunidades idénticas de 28.000 d.	30.000 dímero	Histona H2B
IHF	Subunidad a de 10.500 d. Subunidad b de 9.500 d.	Desconocido	Desconocida

H1	Subunidad de 15.000 d.	10.000 copias	Desconocida
HLP1	Monómero de 15.000 d.	20.000 copias	Desconocida
P	Subunidad de 3.000 d.	Desconocido	Protaminas

↑ Inicio

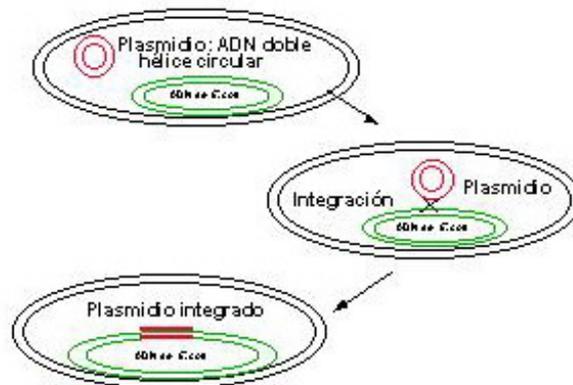
LOS PLASMIDIOS

Además del cromosoma bacteriano principal (nucleoide) se han encontrado otras moléculas más pequeñas de ADN doble hélice circular que se replican de forma autónoma e independiente a la del cromosoma principal y que pueden, en algunas situaciones, integrarse en el cromosoma principal bacteriano y a partir de ese momento replicarse al mismo tiempo. Este tipo de material hereditario ha recibido el nombre de elementos genéticos extracromosómicos, queriendo indicar que están además del cromosoma principal. El tamaño de los plasmidios es muy variable (2.000 a 100.000 pares de bases) y el número de plasmidios que se encuentra en el interior de una bacteria es también variable y depende del tamaño del plasmidio, si los plasmidios son grandes suele haber uno o dos copias por bacteria y si son pequeños pueden encontrarse hasta 20 copias por célula bacteriana.

Los plasmidios se pueden clasificar según las funciones o el tipo de información que llevan en:

- Factores de Fertilidad o factores F.
- Factores de resistencia de transferencia a drogas, factores RTF o factores R.
- Factores colicinógenos, factores Col o factores Cf. Las colicilinas son sustancias que matan a las bacterias. Naturalmente las bacterias productoras de colicilinas son inmunes a ellas.

La capacidad de replicación autónoma de los plasmidios los ha convertido en vehículos para clonar genes o piezas de ADN. De forma que gracias a ellos es posible conseguir una gran cantidad del ADN deseado en poco tiempo.



Esquema de integración de un plasmidio

Otra característica importante es que tienen la capacidad de integrarse en distintos puntos del cromosoma bacteriano principal o en otros plasmidios. Esta movilidad se debe a la existencia en su interior de secuencias de inserción y transposones que les permiten cambiar de posición ciertos segmentos de su ADN e integrarlos en otras moléculas de ADN constituyendo elementos genéticos móviles.

↑ Inicio

¿CÓMO SE ORGANIZA EL MATERIAL HEREDITARIO?

El material hereditario se organiza en forma de cromosomas, los cromosomas son largas moléculas de ácidos nucleicos que en el caso de los virus interaccionan con las proteínas de la cápside para conseguir su plegamiento y empaquetamiento y, en algunos virus, además interaccionan con proteínas de bajo peso molecular (VPg) relacionadas con la replicación. También existen virus cuyo ADN se asocia con las histonas del huésped para formar nucleosomas.

El cromosoma principal bacteriano (nucleoide) es ADN doble hélice circular superenrollado y organizado en dominios o lazos, existiendo posiblemente interacciones con proteínas básicas semejantes a las histonas (HU y H) que sugieren la formación de una cromatina rudimentaria que permitiría su plegamiento y empaquetamiento en el interior de la bacteria.

El **genoma** de una especie está constituido por el conjunto las diferentes moléculas de ácido nucleico que posee, por ejemplo, existen virus con una sola molécula de ARN o ADN, con un sólo cromosoma (TMV, Adenovirus, T4, etc.), y hay virus que contienen varias moléculas de ARN o ADN , varios cromosomas (virus de la gripe, Reovirus, Retrovirus). El genoma de las bacterias puede estar constituido por más de un cromosoma, ya que además del cromosoma principal (nucleoide), pueden contener en su interior una o varias copias de cromosomas pequeños de ADN doble hélice circular (plasmidios o plasmidos).

