

# Краткий обзор генома бактерии *Neisseria meningitidis*

Автор: Машковская А.В.

Факультет Биоинженерии и Биоинформатики МГУ им. М.В.Ломоносова

## РЕЗЮМЕ

В данной работе представлен частичный анализ генома бактерии *Neisseria meningitidis* – разновидности грамотрицательных диплококков рода *Neisseria*. Был получен краткий обзор кодирующих и некодирующих последовательностей в цепи ДНК, описано распределение белков по прямой и комплементарной цепям ДНК, подсчитана вероятность случайного распределения кодирующих последовательностей.

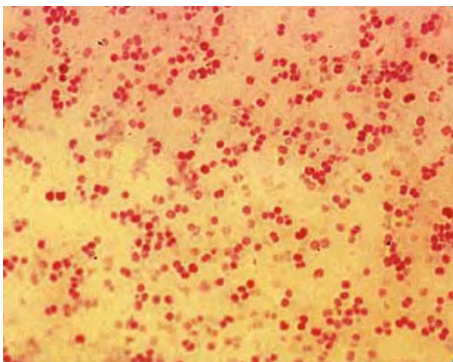
## КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА

*Neisseria meningitidis*, Менингококк, Менингит, Геном

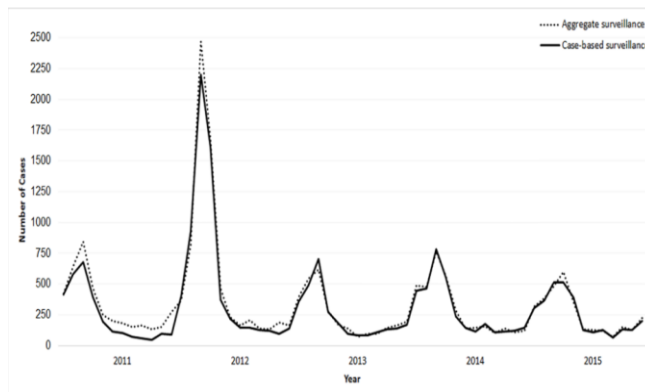
## 1 ВВЕДЕНИЕ

Менингококк – бактерия, вызывающая инфекцию, сопровождающуюся поражением слизистой оболочки носоглотки, оболочек головного мозга – менингит. Характеризуется наличием противофагоцитарной полисахаридной оболочки; токсична.

Человечество сталкивалось менингитом на протяжении многих веков, и до изобретения антибиотиков заражение этим заболеванием в большинстве случаев приводило к смерти. В настоящее время жизненный цикл менингококка известен и изучен, однако поражение этой бактерией до сих пор является основной причиной менингита в мировом масштабе. Показатели заболеваемости в России и других странах варьируются из года в год, но поскольку природным резервуаром менингококка является носоглотка человека, и описано бессимптомное носительство бактерии, то и дело вспыхивают целые эпидемии менингита.



**Рисунок 1.** Чистая культура *N. meningitidis*. Окраска по Граму. Атлас по медицинской микробиологии, вирусологии и иммунологии, А. А. Воробьев, А. С. Быков.



**Рисунок 2.** Epidemic curve of suspected meningitis cases reported weekly to aggregate and case-based meningitis surveillance systems, Burkina Faso, 2011–2015. (вспышки менингита) [1]

## 2 МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

При выполнении анализа использовались данные о геноме *Neisseria meningitidis*, представленные на сайте NCBI. Обработка данных и получение статистических результатов осуществлялась с помощью программного обеспечения Excel® 2013, для вычислений и расчетов использовались логические, математические, общие формулы (СЧЕТЕСЛИМН, МАКСА и др.). Кроме того, для проведения автоматического подсчета вероятности использовалась программа, написанная на языке программирования Python версии 2.7.14. Анализ полученных данных с помощью Excel® 2013.

## 3 РЕЗУЛЬТАТЫ

Было установлено, что в геноме *Neisseria meningitidis* закодировано 2047 белков. Распределение белков генома по категориям (гипотетические, рибосомальные, транспортные, другие) представлено в Таблице 1.

**Таблица 1.** Распределение белков по категориям

	hypothetical	ribosomal	transport	other
protein	597	57	87	1306

Длина генома составляет 2173191 п. н. На 1 млн п. н. приходится приблизительно 942 гена белков.

В геноме *Neisseria meningitidis* присутствуют 75 генов, кодирующих РНК. Кроме того, в геноме встречаются псевдогены (гены белков, претерпевшие мутации и вследствие этого потерявшие кодирующую способность).

Распределение генов, кодирующих белки, псевдогенов и генов, кодирующих РНК, по прямой и комплементарной цепям ДНК бактерии отражено в Таблице 2. (прямая цепь – «+strand»; обратная цепь – «-strand»). При проведении автоматического исследования выяснилось, что в 89,7% случаев отклонение распределения генов от среднего больше или равно отклонению, представленному в данных о геноме бактерии. Из этого можно сделать вывод, что распределение кодирующих последовательностей носит случайный характер.

**Таблица 2.** Распределение генов по прямой и комплементарной цепям ДНК

	protein _coding	pseudo gene	RNA
+ strand	1020	79	34
- strand	1027	44	39

**Таблица 3.** Распределение генов РНК по прямой и комплементарной цепям ДНК

	tRNA	rRNA	ncRNA	tmRNA
+strand	31	3	0	0
- strand	28	9	1	1

В геноме менингококка закодировано несколько разновидностей РНК: транспортная (tRNA), рибосомальная (rRNA), транспортно-матричная (tmRNA), а также некодирующие (ncRNA). Их распределение показано в Таблице 3.

Рассматривая длины белков, выяснилось, что большинство белков имеют длину от 100 до 220 аминокислот (см. Рис. 3). Также встречаются единичные белки длиной от 1000 и больше аминокислот. Наибольшую длину среди белков бактерии имеет белок -гемагглютинин (вызывает агглютинацию эритроцитов крови). Его длина составляет 2026 аминокислот.

## ОБСУЖДЕНИЕ

В геноме бактерии обнаружено достаточно большое количество псевдогенов и некодирующих генов РНК, что подтверждает показания о высокой адаптивной способности к меняющимся условиям среды, и, следовательно, высокому уровню выживаемости. Гены в последовательности ДНК распределены плотно, средняя длина белка составляет примерно 150-200 аминокислот. Такие разновидности белков, вероятно, необходимы для поддержания нормальной жизнедеятельности бактерии, в то время как более крупные белки (такие, как гемагглютинин) необходимы для более специфических целей (пример: вызывание агглютинации крови хозяина). Именно поэтому они имеют более сложный состав и структуру.

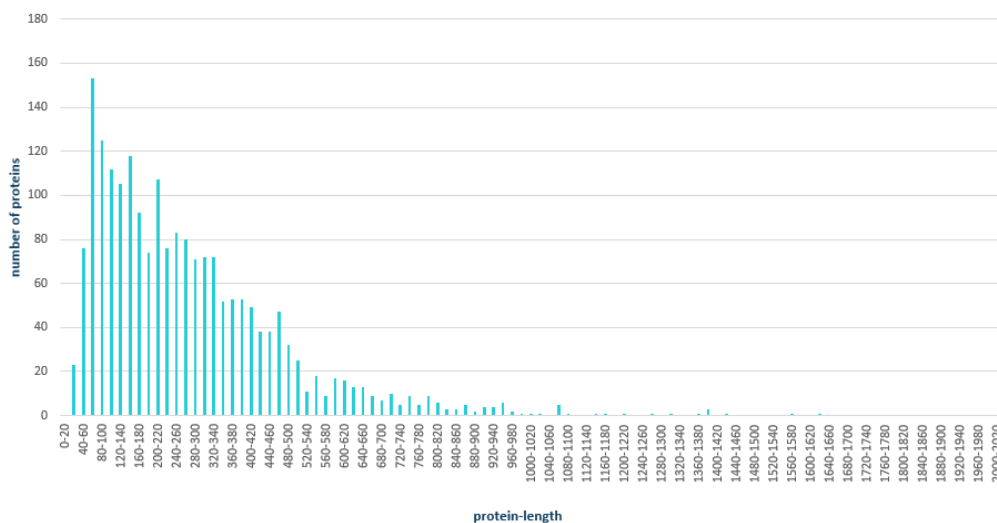
## БЛАГОДАРНОСТИ

Выражаю благодарность людям, без которых эта статья не состоялась бы.

Большое спасибо преподавателям биоинформатики факультета Биоинженерии и Биоинформатики за знания, которые они мне дали, помощь в работе, стремление заинтересовать молодое поколение в этой области науки.

Также хочу поблагодарить родителей за моральную поддержку.

## Protein Length Statistics



**Рисунок 3.** Распределение белков по длинам

---

## СОПРОВОДИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

1) ВСПОМОГАТЕЛЬНАЯ ПРОГРАММА PYTHON:

[HTTP://KODOMO.FBB.MSU.RU/~MASHKOVSKAYA/TERM1/RESEARCH.PY](http://KODOMO.FBB.MSU.RU/~MASHKOVSKAYA/TERM1/RESEARCH.PY)

2) ПЛОСКАЯ ТАБЛИЦА ДАННЫХ

[HTTP://KODOMO.FBB.MSU.RU/~MASHKOVSKAYA/TERM1/ПЛОСКАЯ%20ТАБЛИЦА.XLSX](http://KODOMO.FBB.MSU.RU/~MASHKOVSKAYA/TERM1/ПЛОСКАЯ%20ТАБЛИЦА.XLSX)

3) СОПРОВОДИТЕЛЬНАЯ ТАБЛИЦА РАСЧЕТОВ

[HTTP://KODOMO.FBB.MSU.RU/~MASHKOVSKAYA/TERM1/FEATURES,%20THE%20END.XLSX](http://KODOMO.FBB.MSU.RU/~MASHKOVSKAYA/TERM1/FEATURES,%20THE%20END.XLSX)

## СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

[1] [HTTP://JOURNALS.PLOS.ORG/PLOSONE/ARTICLE?ID=10.1371/JOURNAL.PONE.0187466](http://JOURNALS.PLOS.ORG/PLOSONE/ARTICLE?ID=10.1371/JOURNAL.PONE.0187466)

[2] [HTTPS://WWW.CMD-ONLINE.RU/UPLOAD/IBLOCK/50B/GENETICHESKAYA\\_XARAKTERISTIKA\\_MOSKOVSKIX\\_SHTAMMOV\\_NEISSERIA\\_MENINGITIDIS.PDF](https://WWW.CMD-ONLINE.RU/UPLOAD/IBLOCK/50B/GENETICHESKAYA_XARAKTERISTIKA_MOSKOVSKIX_SHTAMMOV_NEISSERIA_MENINGITIDIS.PDF)

[3] [HTTPS://RU.WIKIPEDIA.ORG/WIKI/МЕНИНГОКОКК](https://RU.WIKIPEDIA.ORG/WIKI/МЕНИНГОКОКК)

[4]

[FTP://FTP.NCBI.NLM.NIH.GOV/GENOMES/ALL/GCA/000/787/195/GCA\\_000787195.2\\_ASM78719V2](ftp://FTP.NCBI.NLM.NIH.GOV/GENOMES/ALL/GCA/000/787/195/GCA_000787195.2_ASM78719V2)