

Мини-обзор генома бактерии *Neisseria Meningitidis* L91543

Селифанова Мария¹

1 – МГУ им. М.В. Ломоносова, факультет Биоинженерии и биоинформатики

РЕЗЮМЕ

В данной работе был проведен краткий анализ генома бактерии *Neisseria Meningitidis* штамма L91543. С помощью программного обеспечения Microsoft Office были получены данные о числе и процентном соотношении генов, кодирующих РНК и белки, их расположение на комплиментарных цепях, вероятностное распределение генов по комплиментарным цепям, а также соотношение распространенности белков разной длины.

1. ВВЕДЕНИЕ

Neisseria meningitidis (менингококк) штамма L91543 относится к грамотрицательным неспорообразующим диплококкам класса (Beta-proteobacteria). [1] Менингококк является возбудителем назофарингита (поражения слизистой оболочки носоглотки) и менингита (воспаления оболочек головного мозга).



Рис.1 Менингококки в крови Рис.2 Внешний вид *Neisseria* в крови хозяина

Распространен практически повсеместно (клинически зарегистрирован в 150 странах мира), причем существует такое понятие, как «менингитный пояс» - гиперэндемическая зона заболеваемости менингококковой инфекцией, в которую входят районы Африки, расположенные между югом Сахары и экваториальным лесом, Красным морем и Атлантическим океаном. Менингококк - строгий аэроб, образует округлые блестящие колонии на кровяном агаре, не обладает высокой биохимической активностью. [1] Основным фактором патогенности менингококков является окружающая их полисахаридная капсула, которая содержит антигены. По тому какие антигены содержатся в капсуле, менингококки делят на несколько серогрупп (А, В, С и т.д.). Менингококк L91543 относится к серогруппе L. Недавние исследования показали, что капсула бактерий этой серогруппы состоит из повторяющихся тримеров полисахаридов, причем, для синтеза такой капсулы достаточно всего одного фермента (capsule polymerase

ClsB), обладающего сложным и редким механизмом регуляции. [2].

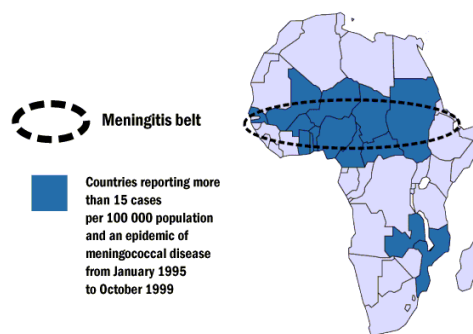


Рис.2 Менингитный пояс в Африке

Размер генома *Neisseria meningitidis* составляет 2173191 пар оснований. Полное секвенирование генома было сделано 29 июля 2016 года. [3]

2. МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

При выполнении работы использовались данные о геноме исследуемой бактерии с сайта NCBI [4]. Обработка полученных данных осуществлялась с помощью программного обеспечения Microsoft® Office Excel® 2016 с применением математических, логических и общих формул.

В качестве основной методики работы использовались инструкции к практикуму с сайта kodomofbb.msu.ru [5]

3. РЕЗУЛЬТАТЫ

В ходе проведенного анализа было установлено, что в геноме изучаемого прокариота закодировано 2170 белков, их распределение по комплиментарным цепям показано в таблице 1. Среди белков прокариота, немало таких, у которых стоит пометка “pseudo”, в столбце “attributes”. Это означает, что в гене, кодирующем белок произошла мутация, которая привела к эволюционной «гибели гена», то есть к потере своей функции. Подобные гены удаляются из генома в процессе эволюции.

Количество генов, кодирующих различные виды РНК в геноме значительно меньше (см. табл. 1). В сумме было найдено 75 генов, кодирующих РНК. Среди встреченных тРНК можно выделить несколько типов: rRNA (рибосомальная РНК), tRNA (транспортная РНК), tmRNA (транспортно-матричная РНК, принимающая участие в терминации трансляции по механизму транс-трансляции) [6], ncRNA (некодирующая РНК, которая до недавнего времени упоминалась в литературе как малая РНК) [7].

Табл.1 Распределение белков и РНК по комплиментарным цепям

Type/Number	sence	anti-sence
Proteins	1099	1071
ncRNA	0	3
rRNA	3	9
tmRNA	0	1
tRNA	31	28

Некодирующие РНК могут быть разных типов, с помощью фильтра Excel было установлено, что в данном случае они представлены: 6S РНК, рибонуклеазой Р, которая у бактерий называется белком С5 и отвечает в основном за усиление сродства субстрата к ферменту [8]. Следующий этап работы – выяснение количества белков разных длин. Для этого были построены гистограммы с разным шагом: в 200 аминокислот (табл. 2), характеризующая общее распределение длин, а также в 100 аминокислот (табл.3), более подробно характеризующая распределение в наиболее «густом» участке».

Табл.2 Распределение длин белков с шагом 200 а/к

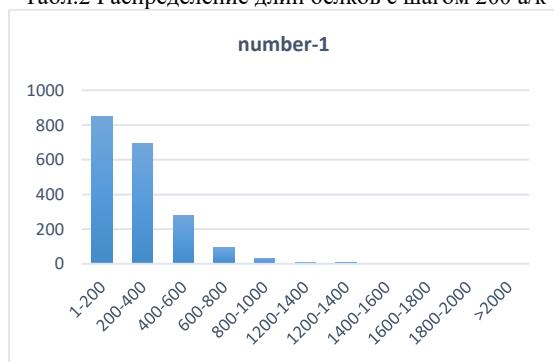
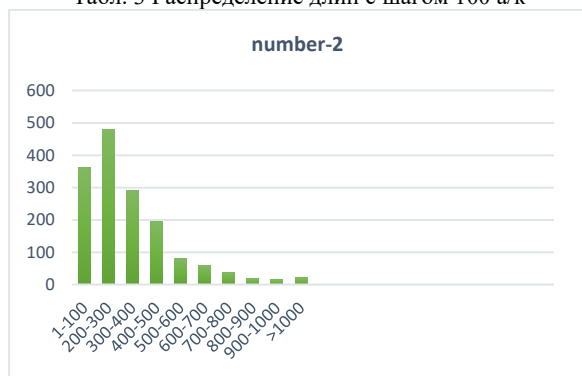


Табл. 3 Распределение длин с шагом 100 а/к



Так, из табл.2, выяснилось, что наибольшее число белков в геноме исследуемой бактерии имеют длину 1-200 аминокислот, за ним следует значение 200-400 аминокислот. При более детальном изучении (табл. 3), выяснилось, что самые распространенные аминокислоты имеют длину 200-300 нуклеотидов.

Третья часть анализа включала исследование случайности распределения генов по комплиментарным цепям. Следуя рекомендациям из источника [6], были выполнены

необходимые манипуляции в excel. Единственное отхождение от методики состояло в количестве проводимых испытаний (т.к. 100 было недостаточно для закрепления определенного значения после «подбрасывания монет», проводилось 500 испытаний). Таким образом, была получена вероятность примерно равная 30%. Если считать ее довольно большой, то можно утверждать, что гипотеза о независимом случайном распределении генов по комплиментарным цепям подтвердилась.

4. ОБСУЖДЕНИЕ

Довольно большое количество псевдогенов в геноме бактерии может говорить об «эволюционной новизне» исследуемого штамма, который, возможно, не так давно перешёл к новым условиям обитания и находится в стадии развития адаптаций к ним.

Наиболее распространены белки с длиной 200-300 аминокислот, что может быть связано с тем, что в сравнительно небольших по размеру клетках бактерий «удобнее» использовать более короткие белки, а также с тем, что такой длины белков достаточно для осуществления почти всех необходимых процессов жизнедеятельности, а значит нет необходимости использовать более энергетически-невыгодные длинные белки.

5. ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Таким образом, в ходе работы были установлены некоторые характеристики и закономерности в геноме бактерии *Neisseria Meningitidis*, что и являлось первоначальной целью работы.

6. СОПРОВОДИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

Документ excel, в котором производились все расчеты можно скачать по ссылке «Сопроводительная таблица для мини-обзора генома бактерии» на странице http://kodomo.fbb.msu.ru/~mary_s_98/terms/term1/Selifanov_a_pr12-14.html

7. БЛАГОДАРНОСТИ

Автор выражает благодарность Алексеевскому А.А. за дополнительные пояснения о значении и происхождении псевдо-генов.

8. СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- [1] https://en.wikipedia.org/wiki/Neisseria_meningitidis
- [2] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26286750>
- [3] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/1048072322>
- [4] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>
- [5] <http://kodomo.fbb.msu.ru/wiki/2016/1/pr13>
- [6] <https://ru.wikipedia.org/wiki/ТМРНК>
- [7] https://en.wikipedia.org/wiki/Non-coding_RNA
- [8] https://en.wikipedia.org/wiki/Ribonuclease_P