

# Мини-обзор генома и протеома *Thermococcus peptonophilus*

И.Д.Федоров

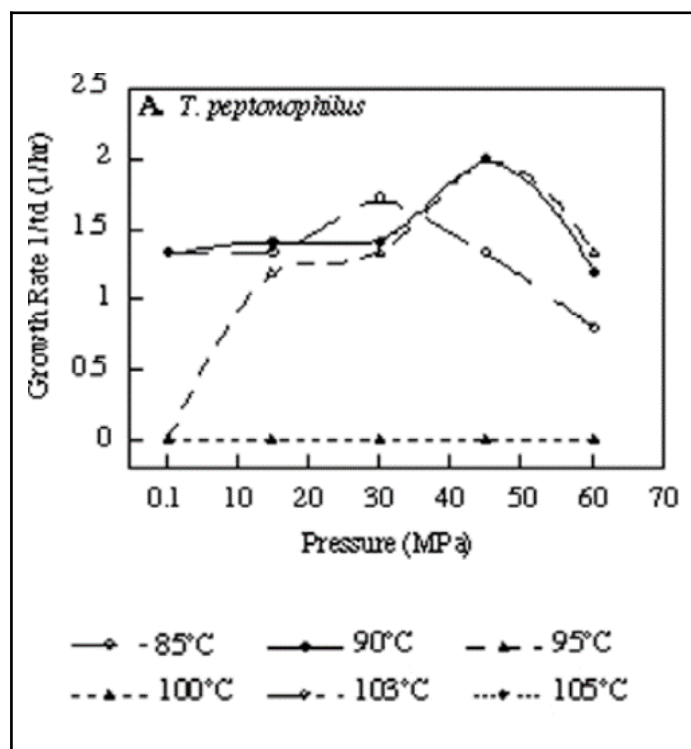


Рис. 1. Воздействие давление на рост популяции *Thermococcus peptonophilus* при разных температурах. Рост популяции выражен в 1/td, td – период удвоения популяции в часах. По: Kato, 2006.

## 1 Введение

*Thermococcus peptonophilus* – архея из семейства Thermococcaceae класса Thermococci филума Euryarchaeota. Этот вид был описан Х. Гонсалесом в 1995 году на основании образцов, полученных из гидротермальных источников в Идзу-Бонинском желобе в западной части Тихого океана (Gonzalez, 1995). Этот организм является одновременно пьезофилом и термофилом, т. е., он приспособлен к высокому давлению и высоким температурам (Canganella, 1997).

*T. peptonophilus* был исследован в ряде работ. В статье Ч. Като изучены оптимальные условия обитания этого вида; установлено, что рост популяции наиболее активен при давлении около 45 МПа и температуре около 85 градусов (Kato, 2006). При этом оптимальное давление зависит от температуры: при повышении температуры оптимальное давление также повышается (рис.1). Дж. Ли было проведено исследование ДНК-полимеразы *T. peptonophilus*, показавшее, что у этого вида

ДНК-полимераза обладает большей точностью, чем *Taq*-полимераза, широко применяемая для ПЦР (Lee, 2009). Исследование Х. Атоми показало, что скорость размножения *T. peptonophilus* достаточно высокая и достигает  $1,65\text{h}^{-1}$  (Atomi, 2004). В работе Ф. Канганеллы рассматривается влияние внешних условий на выживание этого вида и показывается, что высокое давление оказывает положительное воздействие на рост популяций *T. peptonophilus* (Canganella, 1997).

Целью этой работы было исследовать геном *T. peptonophilus* и проверить, есть ли закономерности в пересечении генов на +-цепи ДНК, а также провести статистическое исследование длин белков этого вида.

## 2 Методы

Для исследования был использован геном *T. peptonophilus*, взятый из библиотеки NCBI. Были построены гистограммы длин пересечений с шагом десять нуклеотидов и длин белков с шагом 100 аминокислот. Кроме того, была проанализирована частота, с которой гены пересекаются. Графики были построены с помощью Google-таблиц. Для проведения теста Шапиро-Уилка была использована среда R.

## 3 Результаты и обсуждение

### 3.1 Длина перекрытий

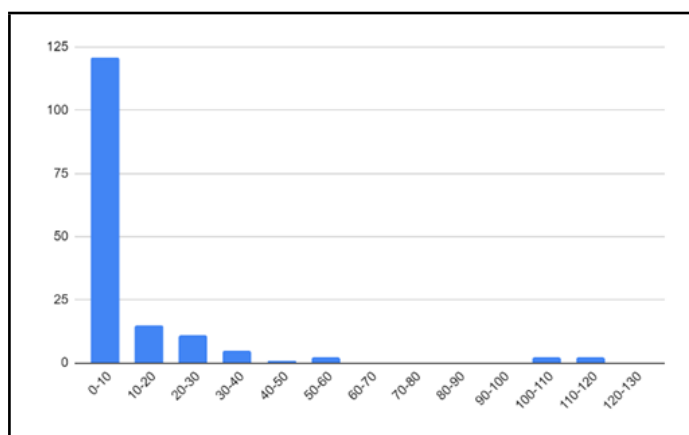
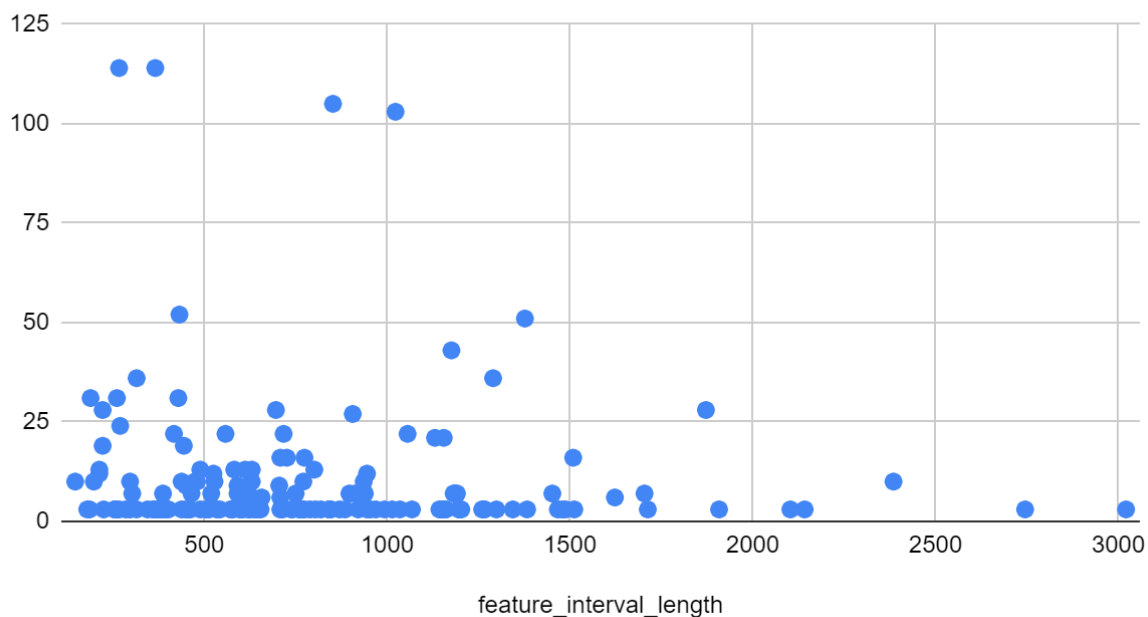


Рис. 2. Частота перекрытий разной длины. По оси X — длина перекрытия, по оси Y — частота.

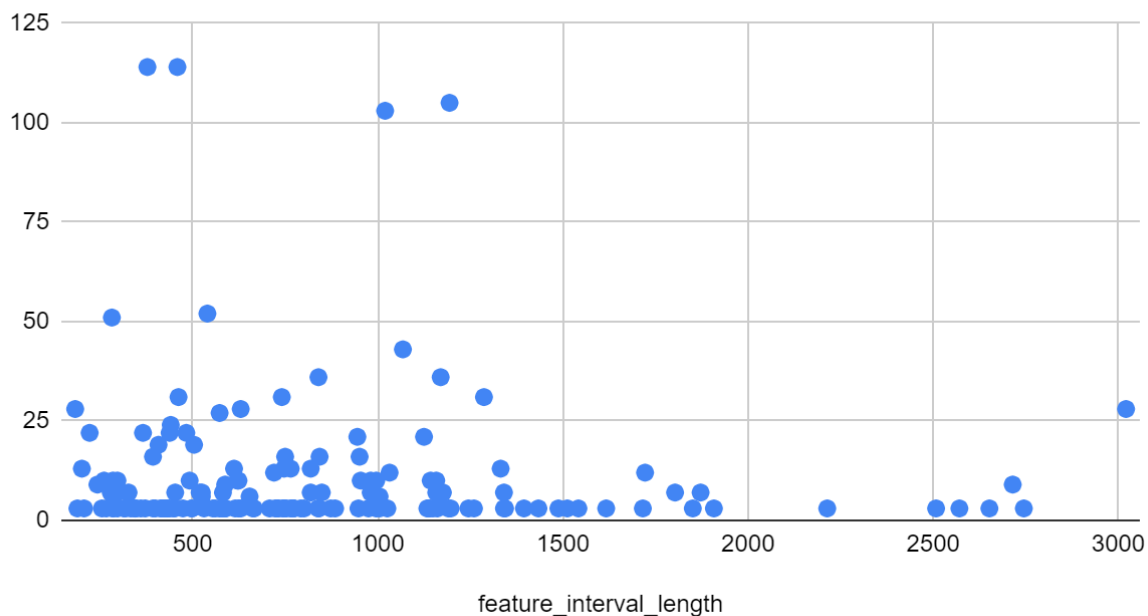
Из гистограммы видно, что длина пересечений между генами в большинстве случаев меньше десяти нуклеотидов (рис. 2). Только в четырех случаях она превышает 60, достигая более 100 нуклеотидов. Максимальное пересечение — длиной в 114 нуклеотидов — между геном одного из доменов нуклеотидилтрансферазы и геном неизученного белка, а также между генами ингибитора инициации трансляции и компонента рибонуклеазы Р. Средняя длина пересечения — 11 нуклеотидов; медианная — 3.

### feature\_interval\_length – перекрывание



**Рис. 3.** Отношение длины пересечения к длине пересекающихся генов. По оси X – длина гена, по оси Y – длина пересечений со следующим геном.

### feature\_interval\_length – перекрывание

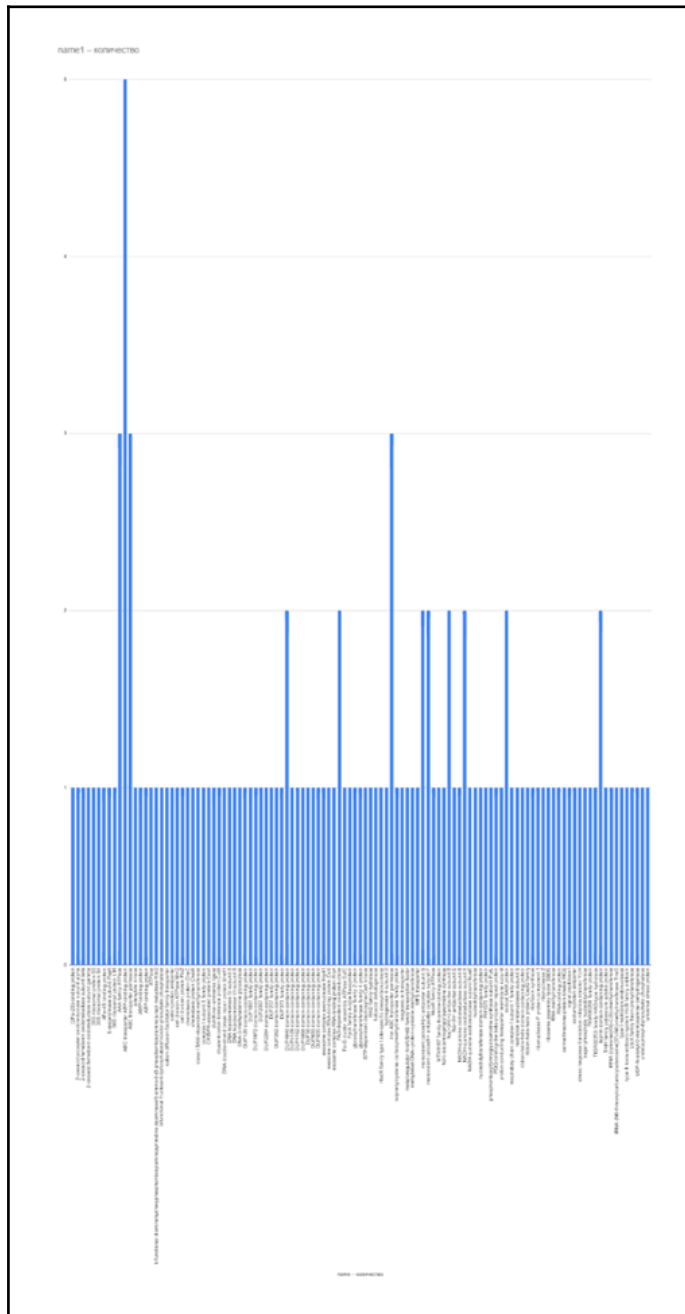


**Рис. 4.** Отношение длины пересечения к длине пересекающихся генов. По оси X – длина гена, по оси Y – длина пересечений с предыдущим геном.

Длина пересечения по всей видимости не зависит от длины пересекающихся генов (рис. 3, 4). Так, например, гены длиной 366 и 459 нуклеотидов перекрываются на 114, а гены длиной 1023 и 1020 – на 105.

Также можно предположить, что сильнее всего могут пересекаться гены со схожей функцией. Так, в одном из четырех случаев наиболее сильного пересечения между генами (длиной 105 нуклеотидов) в нем участвуют два схожих гена АМФ-связывающих белков. Пересечение между генами ингибитора инициации трансляции и компонента рибонуклеазы Р также можно отнести к этой категории. Однако для подтверждения этой гипотезы требуется больший объем данных.

### 3.2 Частота пересечений между генами



**Рис. 5. Частота пересечений генов со следующими.** По оси X – названия продуктов экспрессии генов, по оси Y – частота пересечений со следующим геном. Не учтены пересечения генов известных белков с генами неизвестных белков (30 раз).

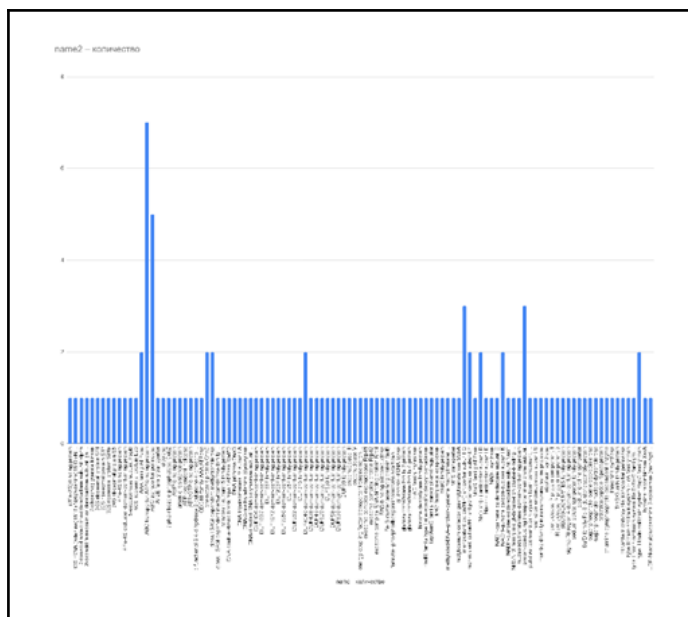


Рис. 6. Частота пересечений генов с предыдущими. По оси X – названия продуктов экспрессии генов, по оси Y – частота пересечений с предыдущим геном. Не учтены пересечения генов известных белков с генами неизвестных белков (30 раз).

Из гистограмм видно (рис. 5, 6), что большинство рассматриваемых генов пересекается с другими один-два раза; исключение составляют несколько генов, связанных с транспортными белками из семейства ABC. Ген АТФ-связывающего транспортного белка семейства ABC 12 раз участвует в пересечениях, из них семь раз – с генами ABC-пермеаз (в т. ч. пермеаз, переносящих железо). Гены ABC-пермеаз участвуют в 11 пересечениях, в т. ч. в одном случае друг с другом.

### 3.3 Длина белков



Рис. 7. Гистограмма длины белков. По оси X – длина, по оси Y – частота.

Из диаграммы (рис. 7) видно, что большинство белков *T. peptonophilus* имеют длину от 100 до 300 аминокислот; минимальная длина – 41, максимальная – 1746. Средняя длина – 281, медианная – 242 аминокислоты. Тест Шапиро-Уилка показал, что распределение длин белков нормальное ( $p\text{-value} < 2.2e-16$ ).

Из белков с установленными функциями наименьшая длина (47 аминокислот) у доменов цинковых пальцев из группы C2H2. Эти домены как правило принадлежат белкам-факторам транскрипции и имеют небольшие размеры (Bouhouche, 2000). Таким образом, результаты анализа в этом вопросе соответствуют данным для других видов. Наибольшая длина (1746 аминокислот) у B12-зависимой редуктазы рибонуклеотидов - белка, отвечающего за синтез дезоксирибонуклеотидов из рибонуклеотидов.

## Литература

Atomi, H., Fukui, T., Kanai, T., Morikawa, M., Imanaka, T. (2004). Description of *Thermococcus kodakaraensis* sp. nov., a well studied hyperthermophilic archaeon previously reported as *Pyrococcus* sp. KOD1. *Archaea*, **1**(4), 263-267.

Bouhouche, N., Syvanen, M., Kado, C.I. (2000). The origin of prokaryotic C2H2 zinc finger regulators. *Trends in microbiology*, **8**(2), 77-81.

Canganella, F., Gonzalez, J.M., Yanagibayashi, M., Kato, C., & Horikoshi, K. (1997). Pressure and temperature effects on growth and viability of the hyperthermophilic archaeon *Thermococcus peptonophilus*. *Archives of microbiology*, **168**, 1-7.

González, J., Kato, C. Horikoshi, K. (1995). *Thermococcus peptonophilus* sp. nov., a fast-growing, extremely thermophilic archaebacterium isolated from deep-sea hydrothermal vents. *Arch Microbiol*, **164**, 159–164.

Kato, C. (2006). 31 Handling of Piezophilic Microorganisms. In *Methods in microbiology* (Vol. 35, pp. 733-741). *Academic Press*.

Lee, J.I., Kim, Y.J., Bae, H., Cho, S.S., Lee, J.H., Kwon, S.T. (2010). Biochemical properties and PCR performance of a family B DNA polymerase from hyperthermophilic Euryarchaeon *Thermococcus peptonophilus*. *Applied biochemistry and biotechnology*, **160**, 1585-1599.