

# Leptospira tipperaryensis

Зюбина Елизавета

МГУ им. М.В.Ломоносова, Москва,  
Россия

Краткий обзор генома. *Leptospira tipperaryensis*. Данна краткая характеристика ДНК. Описана встречаемость нуклеотидов, GC-состав, протеом бактерии, имеющиеся РНК.

*Ключевые слова:* *Leptospira tipperaryensis*, геном

## 1. Введение

*Leptospira tipperaryensis* – патогенная бактерия рода *Leptospira*, вызывающее лептоспироз. Лептоспироз – опасное зоонозное заболевание, распространенное во всех частях мира [1].

Род *Leptospira* очень гетерогенен и генетически отличается от других бактерий. Представители этого рода имели форму спирали длиной от 9 до 14 мкм, диаметром ~ 0,2 мкм и длиной волны от 0,6 до 0,9 мкм [2]. Сейчас в нем выделяют 22 вида и более 300 сероваров. Для этого рода характерен открытый пангеном, а также высокая скорость горизонтального переноса генов [3]. Филогенетический анализ, основанный на 16s рРНК и полногеномных последовательностях, показал, что в роде можно выделить 3 монофилетические группы: «сапрофиты», «патогены» и «промежуточные продукты». «Сапрофиты» - виды не являющиеся патогенными для человека и животных, «Патогены» - опасные для жизни виды. «Промежуточные продукты» - виды, способные заражать людей и животных, но не приводящих к смерти [4]. Патогены имеют больший размер генома, по сравнению с 2 другими группами. Однако процентное содержание гуанина и цитозина меньше, нежели в группе «промежуточные звенья» и приблизительно равно содержанию группы «сапрофитов» [5].

*Leptospira tipperaryensis* относится к группе патогенных бактерий. Раннее этот штамм ошибочно относили к *L. Altonii* [6].

## 2. Материалы и методы

Для этого обзора использовалась таблица особенностей генома бактерии, а также геном бактерии [7]. Для их обработки были использованы Microsoft Excel 2010 [8] и Visual Studio Code. Для статистической обработки использовался тест хи-квадрат с доверительным уровнем - 0,05.

## 3. Результаты

### 3.1 Общие сведения

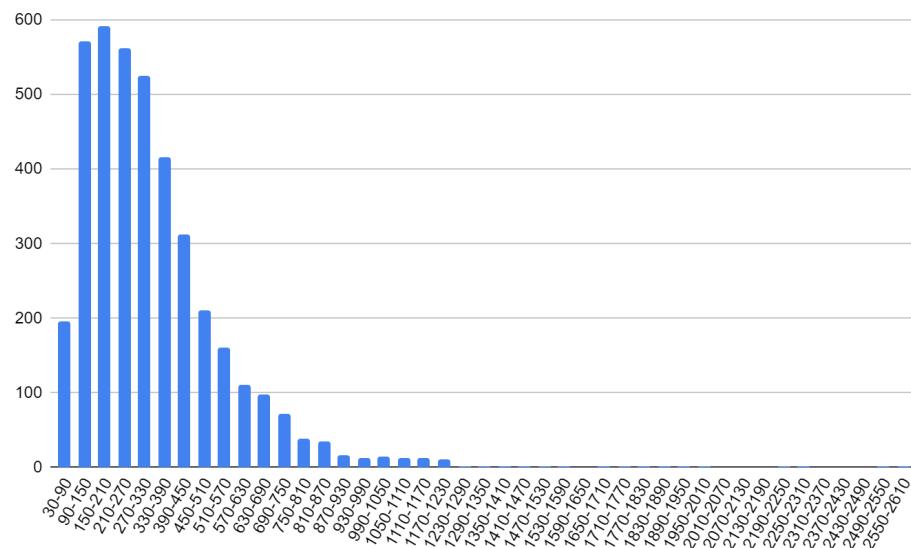
Генома бактерии *Leptospira tipperaryensis* представлен двумя хромосомами: первая состоит из 4105414 п.н, вторая - из 486474 п.н.

В геноме преобладает АТ - пары. Процентное содержание GC - пар в первой хромосоме - 43,42%, во второй - 42,37%, что свидетельствует о низкой устойчивости молекулы к денатурации.

### 3.2 Белки протеома

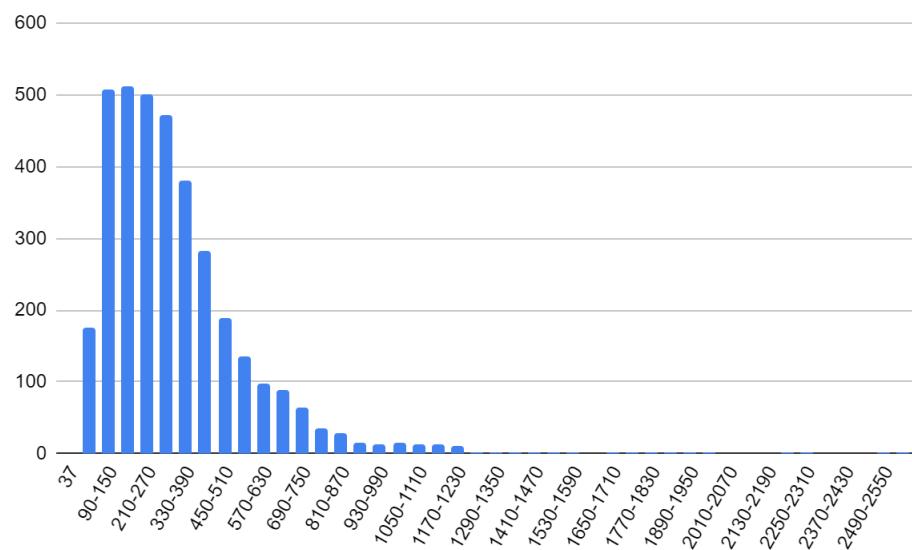
В геноме *Leptospira tipperaryensis* закодировано 4055 белков. Медиана длин белков равна 281. Максимальная длина белка - 2588 аминокислот, минимальная - 37. Распределение длин белков представлено на диаграмме (рис.1)

Рис.1 Диаграмма распределения длин белков.



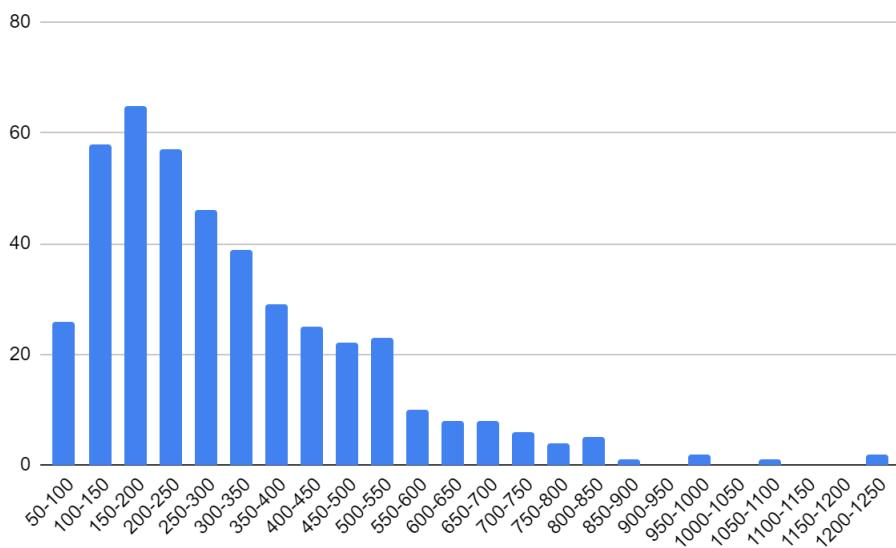
На первой хромосоме закодированы 3439 белков, максимальная длина которых - 2588 аминокислот, минимальная - 37. Распределение длин белков на первой хромосоме представлено на диаграмме (рис.2)

Рис 2 Диаграмма распределения длин белков 1 хромосомы.



На второй хромосоме закодировано 446 белков, максимальная длина которых - 1246 аминокислот, минимальная - 54. Распределение длин белков представлено на диаграмме (рис.3)

Рис 3 Диаграмма распределения длин белков 2 хромосомы.



На прямой цепи ДНК было закодировано 2109 белков, на обратной - 1839. Белки распределены по двум цепям не равновероятно (Предположим обратное, тогда доверительный уровень - 0,05, критическое значение - 3,8, значение хи-квадрата - 18,46. гипотеза отвергнута.). Распределение длин белков на прямой и обратной цепи показаны на диаграммах (Рис. 4,5).

Среди закодированных белков есть рибосомальные, транспортные и гипотетические. Их количество и доля представлены в таблице 1.

Рис 4 Диаграмма распределения длин белков на обратной цепи

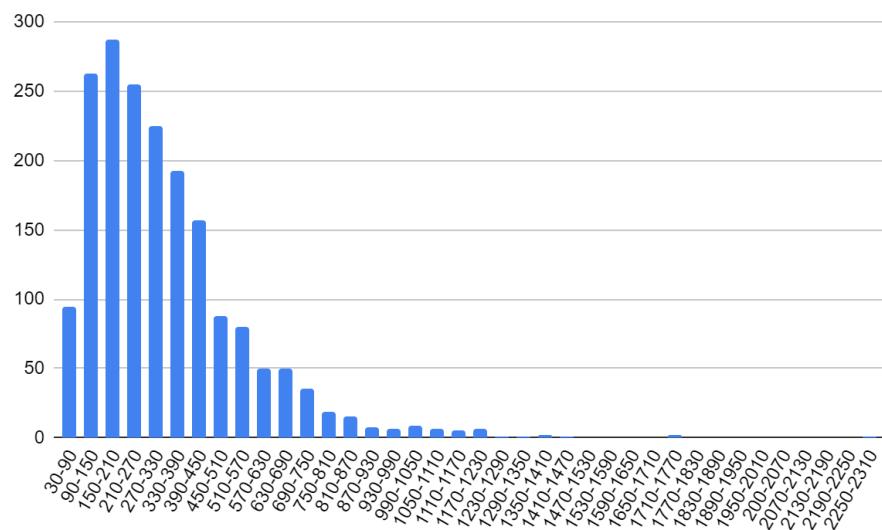


Рис 5 Диаграмма распределения длин белков на прямой цепи.

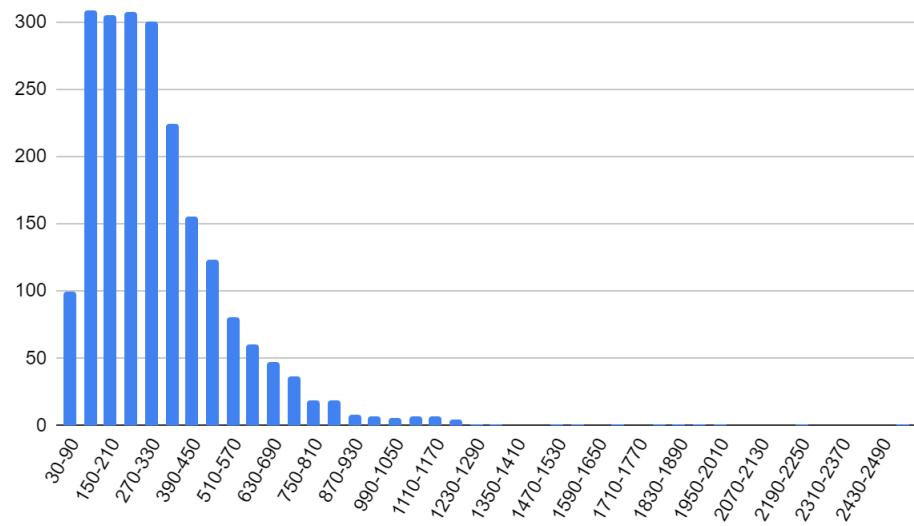


Таблица 1. Закодированные белки.

Белки	Рибосомальные	Транспортные	Гипотетические
Число	57	157	915
Процентное содержание	1,41%	3,87%	22,56%

### 3.3 РНК

Всего в геноме бактерии 46 генов кодирующих РНК. У *Leptospira tipperaryensis* 4 типа РНК: транспортная, рибосомальная, некодирующая и транспортно-матричная. Их количество представлено в таблице 2.

Таблица 2.РНК

РНК	Рибосомальная	Транспортная	Некодирующая	Транспортно-матричная
Число	6	38	1	1
Процентное содержание	13,04%	82,61%	2,17%	2,17%

### 3.4 Нуклеотидный состав хромосом

Нуклеотидный состав хромосом представлен в таблице 3. Предположим, что нуклеотиды А и Т на одной цепи распределяются равномерно (доверительный уровень - 0,05, критическое значение - 3,8) Значение хи-квадрата для первой хромосомы - 10,171, для второй - 81,974. Значения хи-квадрата превышают заданный уровень, значит гипотеза неверна и распределение А и Т происходит неравномерно. Проверим эту гипотезу для G и С нуклеотидов. Значения хи-квадрата для первой хромосомы - 9,27, для второй - 37,712. Значения превышают заданный уровень, значит распределение G и С неравномерно.

Таблица 3. Содержание нуклеотидов в хромосомах на 1 цепи.

	Аденин	Тимин	Гуанин	Цитозин
Хромосома 1	1184230 н.	1179327 н.	872938 н.	868919 н.
Процентное содержание	28,85%	28,73%	21,26%	21,17%
Хромосома 2	142578 н.	137784 н.	104450 н.	101662 н.
Процентное содержание	29,31%	28,32%	21,47%	20,90%

**Список литературы**

1. Costa F, Hagan JE, Calcagno J, Kane M, Torgerson P, et al. *Global morbidity and mortality of leptospirosis: a systematic review*. PLoS Negl Trop Dis. 2015;9:e0003898. doi: 10.1371/journal.pntd.0003898.
2. Vincent, A.T.; Schiettekatte, O.; Goarant, C.; Neela, V.K.; Bernet, E.; Thibeaux, R.; Ismail, N.; Mohd Khalid, M.K.N.; Amran, F.; Masuzawa, T.; et al. *Revisiting the taxonomy and evolution of pathogenicity of the genus Leptospira through the prism of genomics*. PLoS Negl Trop Dis. 2019, 13, e0007270.
3. Fouts DE, Matthias MA, Adhikarla H, Adler B, Berg DE, Bulach D, et al. *What Makes a Bacterial Species Pathogenic?: Comparative Genomic Analysis of the Genus Leptospira*. PLoS Negl Trop Dis. 2016;10:e0004403. pmid:26890609.
4. Slack AT, Khairani-Bejo S, Symonds ML, Dohnt MF, Galloway RL, et al. *Leptospira kmetyi sp. nov., isolated from an environmental source in Malaysia*. Int J Syst Evol Microbiol. 2009;59:705–708. doi: 10.1099/ijts.0.002766-0
5. Picardeau M. *Genomics, Proteomics, and Genetics of Leptospira*. In: Adler B, editor. *Leptospira and Leptospirosis*: Springer-Verlag Berlin Heidelberg; 2015.
6. Vincent, A.T.; Schiettekatte, O.; Goarant, C.; Neela, V.K.; Bernet, E.; Thibeaux, R.; Ismail, N.; Mohd Khalid, M.K.N.; Amran, F.; Masuzawa, T.; et al. *Revisiting the taxonomy and evolution of pathogenicity of the genus Leptospira through the prism of genomics*. PLoS Negl Trop Dis. 2019, 13, e0007270.
7. [https://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/all/GCF/001/729/245/GCF\\_001729245.1\\_ASM172924v1](https://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/all/GCF/001/729/245/GCF_001729245.1_ASM172924v1)
8.  Геном Leptospira tipperaryensis