

Секция «Биоинженерия и биоинформатика»

Структурная организация генов металлопротеаз в геномах *Pantoea*

Гилязева Аделия Гаделевна

Студент

К(П)ФУ, Институт фундаментальной медицины и биологии, Казань, Россия

E-mail: adeliyagilyazeva@gmail.com

Грамотрицательные бактерии рода *Pantoea* семейства *Enterobacteriaceae* широко распространены в природе. Некоторые виды являются патогенами растений, имеются данные о способности этих бактерий вызывать сепсис у недоношенных детей, бактериемии, перитониты и другие заболевания у ослабленных пациентов [2]. Нет данных о роли внутриклеточных металлопротеиназ *Pantoea* в патогенезе вызываемых этими бактериями инфекций.

В клеточном экстракте штамма *P. vagans* нами была обнаружена высокая протеолитическая активность по азоказеину и желатину. Также клеточный экстракт способен ограниченно расщеплять актин с образованием 36 кДа фрагмента, что характерно для гримелизина *S. grimesii* [1]. BLAST анализ позволил нам идентифицировать в геноме *P. vagans* C9-1 последовательность с высокой степенью гомологии к гену гримелизина *S. grimesii* (75%). Гомология аминокислотных последовательностей соответствующих белков равна 71%/84% (идентичность/сходство). В геномах других видов *Pantoea* нами также были найдены последовательности с высокой степенью гомологии, что может свидетельствовать о широком распространении протеиназ типа гримелизин в энтеробактериях.

Был проведен биоинформационный анализ участков генома, прилегающих к генам-ортологам гримелизина разных видов *Pantoea*. Использовали базу данных ASAP (<http://www.genome.wisc.edu/tools/asap.htm>), coliBASE (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Поскольку геном *S. grimesii* не секвенирован, геномы *Pantoea* сравнивали с геномом *S. proteamaculans* 568, который кодирует ген протеализина. Протеализин гомологичен гримелизину на 89% (916/1026 п.н.) по нуклеотидной последовательности и на 96% (329/341 а.о.) по белку. В базе данных coliBASE представлены геномы двух видов *Pantoea*: *P. ananatis* LMG 20103 и *P. vagans* C9-1, а в базе ASAP еще и геномы *P. agglomerans*, *P. stewartii*, разных штаммов *Pantoea* sp. Сравнительный анализ геномов *Pantoea* показал, что организация этих локусов довольно консервативна. Во всех рассмотренных случаях перед генами металлопротеиназ расположены гены большой субъединицы экзонуклеазы VII, на другой цепи – гены инозин-5'-монофосфат дегидрогеназы, GMP-синтазы; после гена металлопротеиназы расположен ген гипотетического белка, а на другой цепи – гены дегидрогеназы, GTP-связывающего белка. Общим является тот факт, что во всех геномах, включая и геном *S. proteamaculans*, рядом с геном металлопротеиназы находится ген консервативного гипотетического белка, ОРС которого перекрывается с ОРС гена металлопротеиназы, что может свидетельствовать об оперонной организации генов. В отличие от *Pantoea*, между геном протеализина и геном большой субъединицы экзонуклеазы VII в геноме *S. proteamaculans* находятся еще три гена (α -глюкозидазы, белка-транспортера, регулятора транскрипции). Таким образом, генетическая организация генов металлопротеиназ очень похожа у разных родов энтеробактерий и очень консервативна у разных видов р. *Pantoea*.

Работа выполнена при поддержке Федеральной целевой программы, соглашение № 14.А18.21.1118.

Литература

1. Хайтлина С. Ю. История загадочной актин-специфической протеазы, которая превратилась в гримелизин, члена респектабельного семейства термолизиноподобных металлопротеиназ // Цитология. 2009. Т. 51. No. 3. С. 182-189.
2. Segado-Arenas A, Alonso-Ojembarrena A, Lubián-López SP, García-Tapia AM. Pantoea agglomerans: a new pathogen at the neonatal intensive care unit? // Arch Argent Pediatr. 2012. Т. 110. No. 4. С. 77-79.