

Фролова Л. Л., Хидиятуллина А. Я.

[СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНА ARCA БАКТЕРИИ E.COLI K12](#)

Адрес статьи: www.gramota.net/materials/1/2007/6/48.html

Статья опубликована в авторской редакции и отражает точку зрения автора(ов) по рассматриваемому вопросу.

Источник

[Альманах современной науки и образования](#)

Тамбов: Грамота, 2007. № 6 (6). С. 142-144. ISSN 1993-5552.

Адрес журнала: www.gramota.net/editions/1.html

Содержание данного номера журнала: www.gramota.net/materials/1/2007/6/

[© Издательство "Грамота"](#)

Информация о возможности публикации статей в журнале размещена на Интернет сайте издательства: www.gramota.net

Вопросы, связанные с публикациями научных материалов, редакция просит направлять на адрес: almanac@gramota.net

Gosling E. M. Bivalve mollusks: biology, ecology and culture // Blackwell Science Publishing. Oxford, 2003. - P. 443.

Palmer A. R. Fluctuating asymmetry analyses: A primer // Developmental instability: its origins and evolutionary implications (Kluwer, Dordrecht). 1994. - Pp. 335 - 364.

Waddington C.H. The strategy of the genes // Macmillan, Ney York, 1957.

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНА *ARCA* БАКТЕРИИ *E. COLI* K12

Фролова Л. Л., Хидиятуллина А. Я.
Казанский государственный университет

Введение

Известно, что ген *arcA* играет центральную роль в регуляции аэробного дыхания одного из самых известных и хорошо изученных видов бактерий – **Кишечной палочки** (лат. *Escherichia coli*), геном которой полностью секвенирован в 1997 году. Комплементарный анализ показал, что ген *arcA* соответствует *dye* гену, и имеет синонимы - *fexA*, *msp*, *seg*, *sfr* из-за различных фенотипических свойств [Bachmann 1983: 47]. Ген *dye* чувствителен к определенной окраске; ген *seg* участвует в процессе сегрегации, так как мутации этого гена затрагивают репликацию или сегрегацию F-плазмид; ген *fexA* участвует в F-экспрессии; присутствие гена *msp* приводит к недостатку F-пилей, которые нужны при резистентности мужских специфичных фагов; ген *sfrA* участвует в *sex-factor* регуляции и ген *crx* – в конъюгативной экспрессии плазмид [Iuchi 1988: 85].

Целью работы является анализ нуклеотидной и аминокислотной последовательностей *arcA E. coli* K12, сравнение гена *arcA E. coli* K12 с генами, названия которых совпадают с его синонимами.

Анализ нуклеотидной и аминокислотной последовательностей *arcA E. coli* K12

В базе данных нуклеотидных последовательностей Genbank полный геном *E. coli* K12 зарегистрирован под номером U00096 и содержит 48994873 п.о. (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/viewer.fcgi?db=nucleotide&id=48994873>).

Ген *arcA* в геноме *E. coli* K12 расположен в регионе 4637613 – 4638329 нуклеотидной последовательности (99.96 минут) (рис.1).

Ген *arcA E. coli* K12 зарегистрирован в БД Genbank под номером NC_000913, прочитан с комплементарной цепи, имеет длину 717 пар оснований (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/viewer.fcgi?db=nucleotide&id=49175990>).

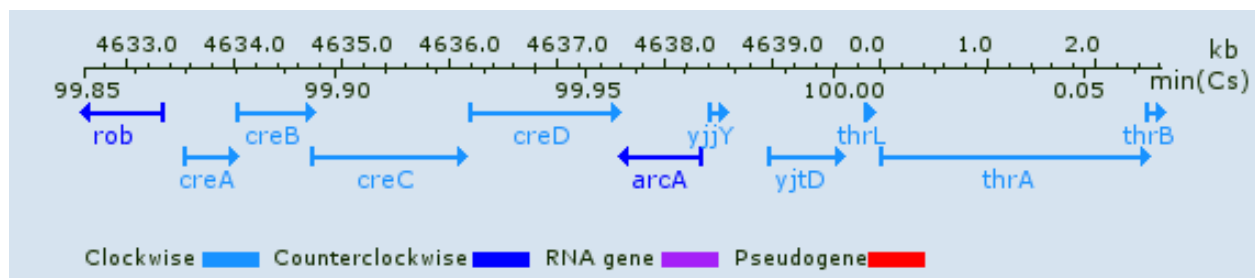


Рисунок 1. Расположение гена *arcA* на карте генома бактерии *E. coli* K12

Поиск нуклеотидных последовательностей, гомологичных нуклеотидной последовательности *arcA E. coli* K12 проводился с использованием программы *blastn* (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/>). В результате поиска найдено 165

последовательностей, гомологичных гену *arcA E.coli* K12 со степенью совпадения от 91% до 100% для последовательностей бактерий *E. coli*, *Shigella*, *Citrobacter koseri*, *Salmonella enterica* разных штаммов.

Продуктом гена *arcA E. coli* K12 является белок ArcA, контролирующий аэробное дыхание. Данный белок в БД GenPept зарегистрирован под номером P0A9Q1 и имеет длину 238 аминокислотных остатков (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/viewer.fcgi?db=protein&id=71153837>).

Поиск аминокислотных последовательностей, гомологичных аминокислотной последовательности *arcA E. coli* K12 проводился с использованием программы blastp (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/>). В результате поиска найдено 100 последовательностей бактерий *Escherichia coli*, *Shigella*, *Salmonella*, *Citrobacter*, *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Serratia*, *Yersinia*, *Erwinia*, *Photobacterium*, *Sodalis*, *Vibrio*, *Aeromonas*, *Shewanella*, *Pasteurella*, *Actinobacillus*, *Moritella*, *Mannheimia*, *Haemophilus*, *Psychromonas*, имеющих достоверную гомологию от 50% до 100%. Белок ArcA *E.coli* K12 имеет 100% гомологию с белком ArcA *E. coli* других штаммов и выполняет такую же функцию – участвует в регуляции дыхания.

Сравнение гена *arcA E.coli* K12 с генами, названия которых совпадают с его синонимами

Сравнительный анализ проведен с генами *dye*, *fexA*, *cpxC*, *seg*, *sfrA*, *msp*, названия которых совпадают с синонимами гена *arcA E. coli* K12.

Ген *dye*. Одним из синонимов в названии гена *arcA E. coli* K12 является *dye*. Ген *dye E. coli* имеет ту же длину и расположен в том же регионе, что и ген *arcA E. coli*, но считан с основной цепи. Ген кодирует Dye белок, который выполняет ту же регуляторную функцию.

Ген *fexA*. Название гена *fexA* используется как основное у *Vibrio cholerae* O395. Ген *fexA Vibrio cholerae* O395 зарегистрирован в БД Genbank под номером NC_009457, находится на второй хромосоме в регионе 2077782-2078498 нуклеотид. Продуктом гена *fexA* является белок FexA, контролирующий аэробное дыхание. Парное выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей *fexA Vibrio cholerae* O395 и *arcA E. coli* K12 проведено с использованием программы needle (<http://www.ebi.ac.uk/emboss/align/http://www.ebi.ac.uk/emboss/align/>). Выравнивание нуклеотидных последовательностей показало, что степень их сходства составляет 77,2%, аминокислотных – 88,2%. Гены – *fexA Vibrio cholerae* O395 и *arcA Escherichia coli* K12 – имеют одинаковую длину 717 пар оснований и схожую функцию - участвуют в регуляции дыхания.

Ген *cpxC*. Название гена *cpxC* используется как основное у *Actinobacillus pleuropneumoniae* L20. Ген *cpxC Actinobacillus pleuropneumoniae* L20 в БД Genbank зарегистрирован под номером NC_009053, имеет длину 1158 п.о. и в геноме расположен в регионе с 1810436 по 1811593 нуклеотид. Парное выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей *cpxC Actinobacillus pleuropneumoniae* и *arcA E.coli* K12 показало, что степень их сходства составляет соответственно 37,7% и 12,1%, т.е. отсутствие значимой гомологии. Отсутствие гомологии можно объяснить тем, что эти гены выполняют разные функции: *cpxC* кодирует внутренне-мембранный белок, участвующий в экспорте полисахаридной капсулы, а *arcA*, как отмечалось ранее, участвует в регуляции дыхания.

Ген *seg*. Название гена *seg* используется как основное у микроорганизмов *Staphylococcus aureus subsp. aureus* Mu50, *Staphylococcus aureus* RF122 и *Staphylococcus aureus subsp. aureus* N315.

Ген *seg Staphylococcus aureus subsp. aureus* Mu50 зарегистрирован в БД Gene под номером 1121798, а в БД Genbank – под номером NC_002758, имеет длину 777 п.о., в геноме расположен с 1954103 по 1954879 нуклеотид на комплементарной цепи. Парное

выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей *seg Staphylococcus aureus subsp. aureus* Mu50 и *arcA E.coli* K12 показало, что степень их сходства составляет соответственно 39,8% и 23,5%, т.е. отсутствие значимой гомологии. Функции этих генов также разные - продуктом гена *seg Staphylococcus aureus subsp. aureus* Mu50 является предшественник внеклеточного энтеротоксина G типа.

Ген *seg Staphylococcus aureus* RF122 зарегистрирован в БД Gene под номером 3794615, а в БД Genbank – под номером NC_007622, имеет длину 618 п.о., в геноме расположен с 1838629 по 1839246 нуклеотид на комплементарной цепи, продуктом гена является энтеротоксин G. Парное выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей *seg Staphylococcus aureus* RF122 и *arcA E.coli* K12 показало, что степень их сходства составляет соответственно 33,5% и 15,7%, т.е. отсутствие значимой гомологии. Данные гены выполняют разные функции – продуктом гена *seg Staphylococcus aureus* RF122 является энтеротоксин G.

Ген *seg Staphylococcus aureus subsp. aureus* N315 зарегистрирован в БД Gene под номером 1124485, а в БД Genbank – под номером NC_002745, имеет длину 777 п.о., в геноме расположен с 1876310 по 1877086 нуклеотид на комплементарной цепи. Парное выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей *seg Staphylococcus aureus subsp. aureus* N315 и *arcA E. coli* K12 показало, что степень их сходства составляет соответственно 39,8% и 23,5%, т.е. отсутствие значимой гомологии. Функции этих генов также разные - продуктом гена *seg Staphylococcus aureus subsp. aureus* N315 является предшественник внеклеточного энтеротоксина G типа.

Ген *sfrA*. Ген *sfrA Geobacter sulfurreducens* PCA зарегистрирован в БД Gene под номером 2686077, а в БД Genbank – под номером NC_002939, имеет длину 2535 п.о., в геноме расположен с 539537 по 542071 нуклеотид на комплементарной цепи. Парное выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей *sfrA Geobacter sulfurreducens* PCA и *arcA E.coli* K12 показало, что степень их сходства составляет соответственно 26,2% и 10,0%, т.е. отсутствие значимой гомологии. Данные гены выполняют разные функции - продуктом гена *sfrA Geobacter sulfurreducens* PCA является Fe(III) редуктаза, alpha subunit.

Ген *mps-1*. Ген *mps-1 Caenorhabditis elegans* зарегистрирован в БД Gene под номером 183012, а в БД Genbank – под номером NC_003280, имеет длину 2371 п.о., в геноме расположен на второй хромосоме с 6291731 по 6294101 нуклеотид на комплементарной цепи. Парное выравнивание нуклеотидных последовательностей *mps-1 Caenorhabditis elegans* и *arcA E.coli* K12 показало, что степень их сходства составляет 18,9% , т.е. отсутствие значимой гомологии между этими генами.

Выводы

Сравнительный анализ гена *arcA E. coli* K12 показал наличие высокой гомологии со 165 нуклеотидных и 100 аминокислотных последовательностей царства бактерий.

Гены *dye* и *fexA* выполняют схожую функцию, что и ген *arcA E. coli* - участвуют в регуляции дыхания. Гены *срхС*, *seg*, *sfrA*, *mps* не имеют значимой гомологии с геном *arcA E. coli* и эти гены выполняют разные функции.

Список литературы

- Bachmann B.J.** Linkage map of Escherichia coli K-12, edition 7/ Microbiol Rev. 1983. Jun. 47 (2):180-230.
Iuchi, S. and Lin E. C. *ArcA (dye)*, a global regulatory gene in *Escherichia coli* mediating repression of enzymes in aerobic pathways / Proc. Natl. Acad. Sci. USA 1988. 85:1888-1892.