



Династия

Введение

Бактериальные эндосимбионты сосущих насекомых синтезируют незаменимые аминокислоты, отсутствующие в пище хозяина. Благодаря симбиотическому образу жизни, эти бактерии имеют небольшие геномы (Табл. 1). В частности, у них может быть утерян ряд рибосомных белков. Типичная рибосома прокариот состоит из трех рРНК: 16S, 23S и 5S – и 54 белков: 21 белок малой субъединицы и 33 - большой субъединицы.

Цели

- Изучить состав рибосомных белков эндосимбиотических бактерий с малыми геномами.
- Установить эволюционные сценарии потери рибосомных белков.
- Определить, какие функции рибосомы могут быть утрачены у эндосимбиотических бактерий.

Выходы

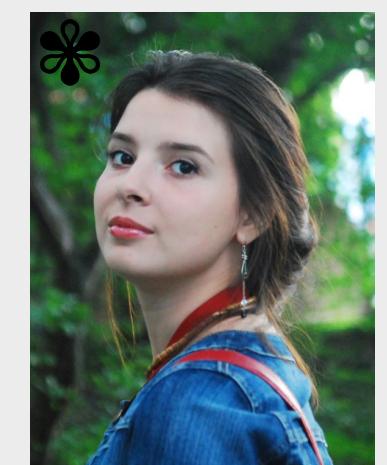
- У всех изучаемых организмов, кроме *C. Portiera aleyrodidarum* BT-B-HRs, обнаружена потеря белков рибосомного тоннеля, в частности, белков L23, L29 и TF, имеющих шаперонную активность.
- Потеря рибосомных белков сопровождается потерей соответствующих структурных элементов рРНК.
- Последовательности ШД/анти-ШД сохраняются только у *C. Tremblaya princeps* PCIT. У остальных организмов последовательность анти-ШД отсутствует.
- В аннотации генома *C. Carsonella ruddii* обнаружены ошибки аннотации восьми рибосомных белков.

Материалы и методы

- Геномы бактерий – Genbank
- Ошибки аннотации геномов – HMMER
- HMM-профили рибосомных белков – Pfam
- Визуализация – PyMOL
- Выравнивание рРНК – MUSCLE

Голая рибосома

С. Шерстнева*, А. Ергемлидзе*, А. Залевский, С. Гарушянц



Результаты

Организмы Organisms	Белок кодирующие гены Protein coding genes	Длина генома Genome length
<i>C. Carsonella ruddii</i> PC isolate NHV	182	160 Kb
<i>C. Carsonella ruddii</i> PV	182	160 Kb
<i>C. Hodgkinia cicadicola</i> str. Dsem	169	144 Kb
<i>C. Nasuia deltocephalina</i> str. NAS-ALF	137	112 Kb
<i>C. Portiera aleyrodidarum</i> BT-B-HRs	256	358 Kb
<i>C. Sulcia muelleri</i> strain CARI	246	277 Kb
<i>C. Tremblaya princeps</i> PCIT	121	139 Kb
<i>C. Zinderia insecticola</i> CARI	206	209 Kb

Табл. 1. Описание геномных свойств изучаемых эндосимбионтов.
Table 1. Genomic features of studied endosymbionts.

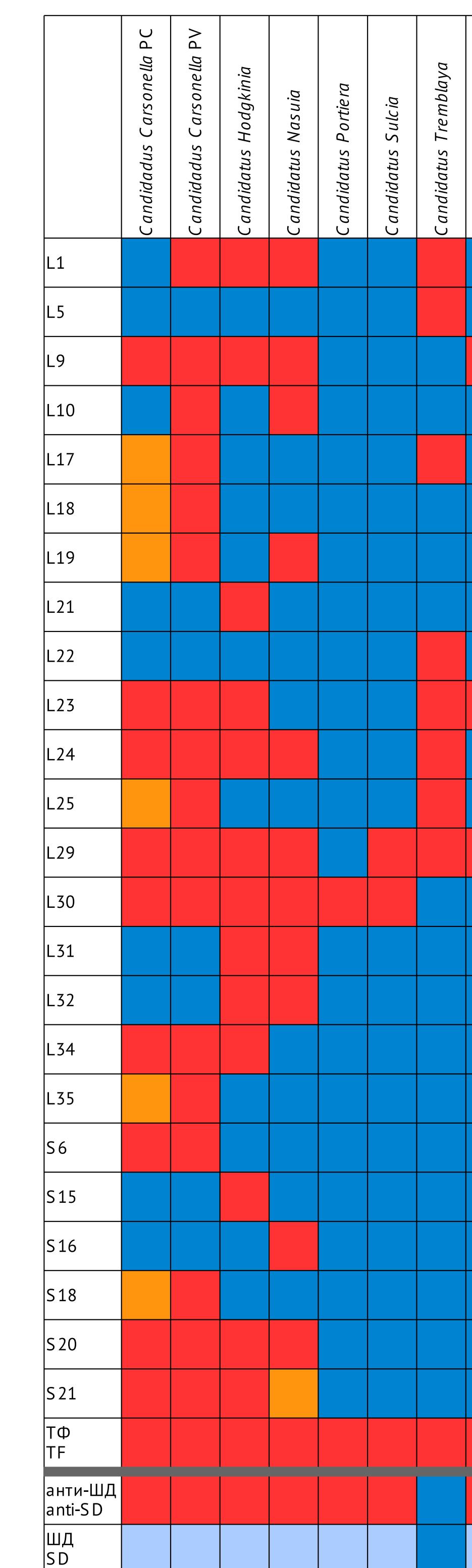


Табл. 2. Обнаруженные особенности рибосом

В таблице приведены рибосомальные белки (Lxx, Sxx) и триггер фактор (TF), которые отсутствуют у изучаемых бактерий. Красный – белок отсутствует у данного организма, оранжевый – белок был неверно аннотирован как рибосомный.ШД (последовательность Шайна-Дальгарно) и анти-ШД: красный – последовательности отсутствуют, синий – найдены, светло-голубой – отсутствующие анти-ШД, редкие ШД.

Table 2. Features of ribosomes in the studied genomes.

Red – ribosomal proteins (Lxx, Sxx) or Trigger factor (TF) are missing in a given genome. Orange – proteins have been falsely annotated as ribosomal SD (Shine-Dalgarno sequence) and anti-SD: red – sequence absent, dark blue – sequence present, light blue – anti-SD missing, rare SD..

Results

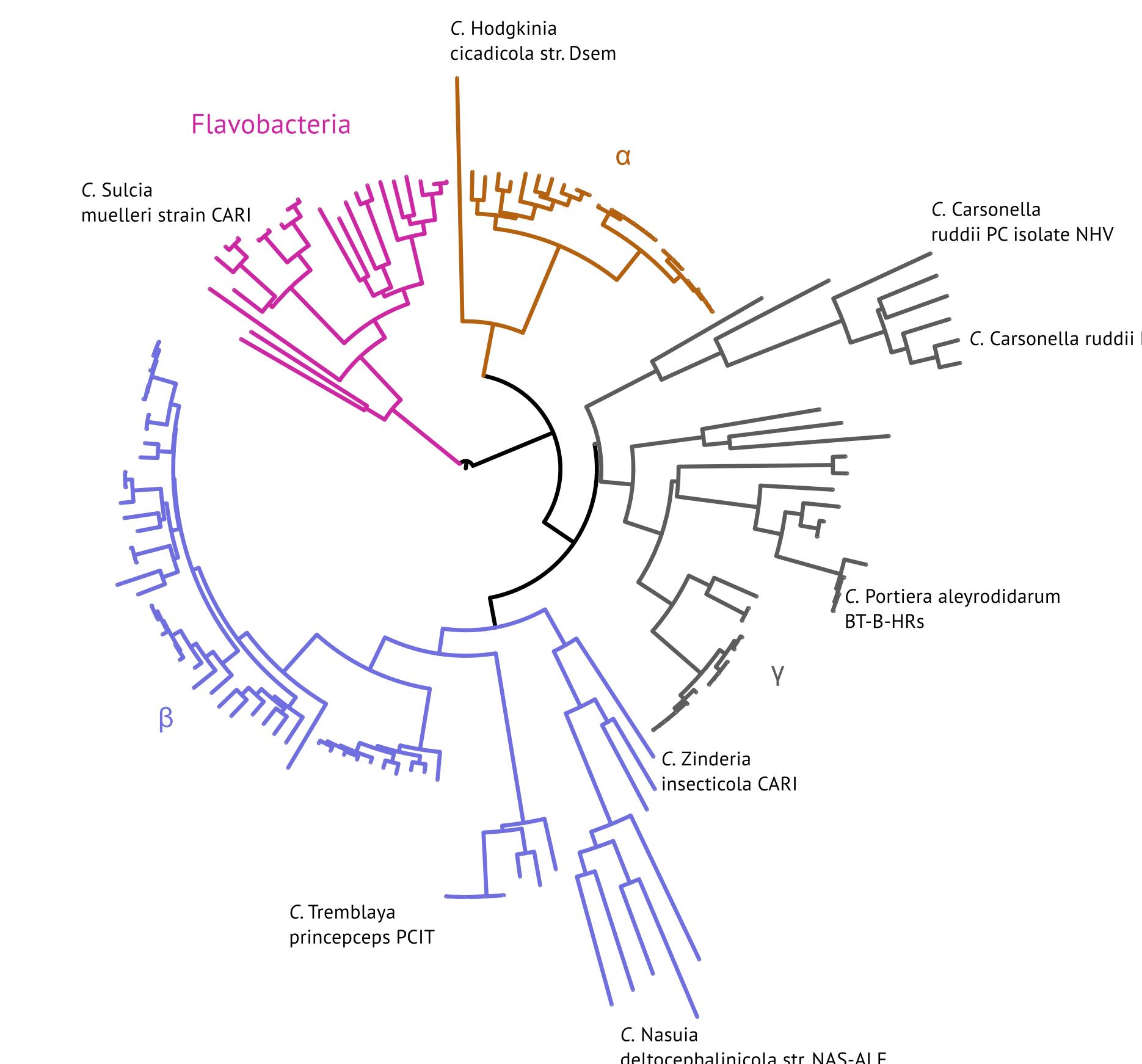


Рис. 1. Филогенетическое древо бактерий, построенное по 16S рРНК
Fig.1. Phylogenetic tree of bacterial species reconstructed by 16S rRNA

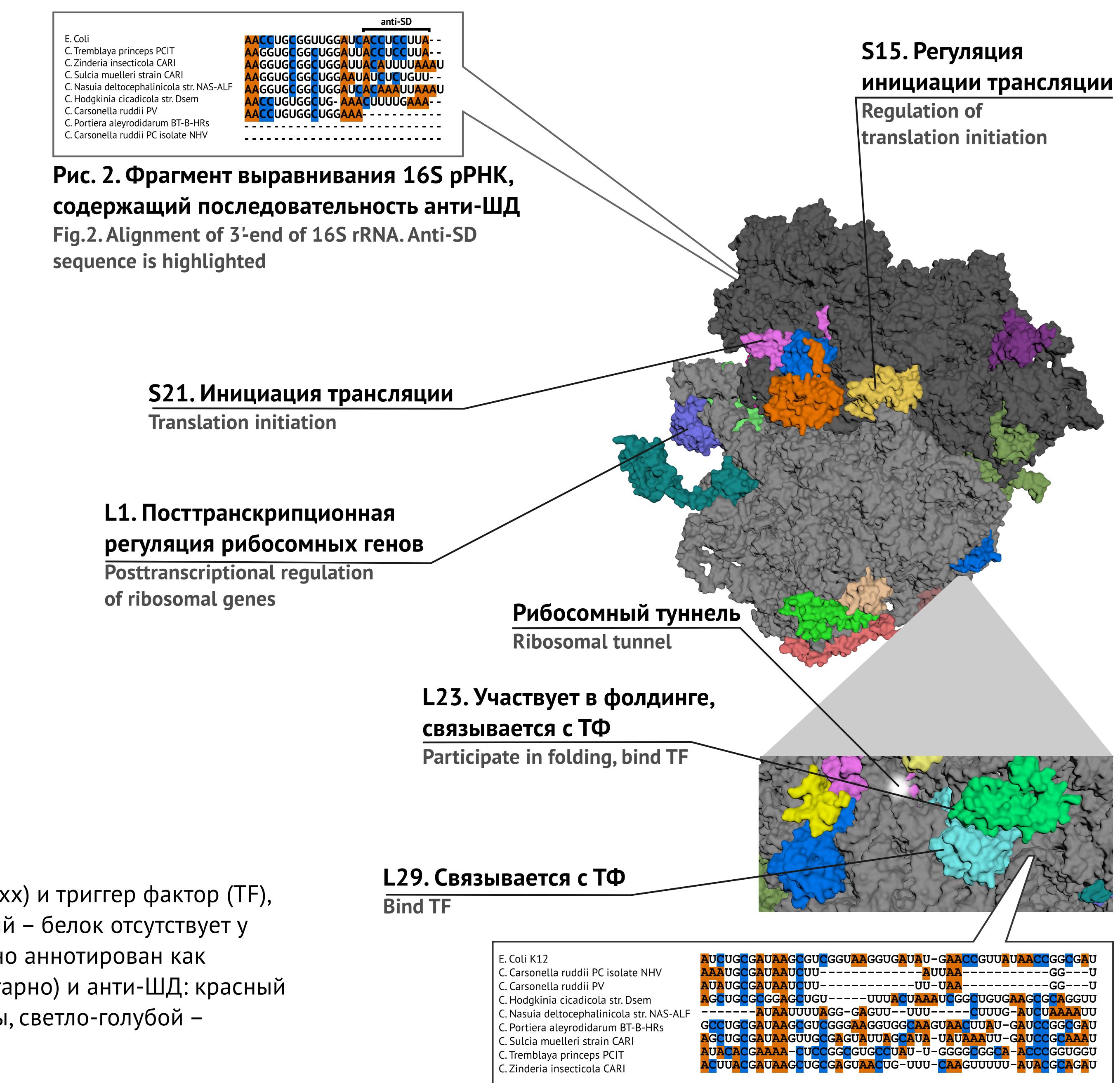


Рис. 3. Деление фрагмента рРНК в сайте связывания рибосомного белка L29 у *C. Carsonella ruddii*.
Fig. 3 Deletion in the L29 binding site region in *C. Carsonella ruddii*

Introduction

Bacterial endosymbionts of insects produce essential amino acids missing in the host diet. Due to the symbiotic lifestyle these bacteria have small genomes (Tab. 1). They even may lack a number of ribosomal proteins. A typical prokaryotic ribosome consists of three rRNAs: 16S, 23S and 5S, 21 proteins of the small subunit and 33 of the large one.

Aims

- Analyze the ribosome composition of endosymbiotic bacteria with tiny genomes.
- Establish evolutionary scenarios of loss of ribosomal proteins.
- Determine, which particular ribosome features may be lost in endosymbiotic bacteria.

Conclusions

- All studied organisms, except *C. Portiera aleyrodidarum* BT-B-HRs, lost proteins forming the surface of the ribosomal exit tunnel in particular L23, L29 and TF which have chaperone activity
- The loss of ribosomal proteins is accompanied by the loss of respective rRNA structural elements
- SD/anti-SD sequences are present only in 16S rRNA of *C. Tremblaya princeps* PCIT, while other organisms lack anti-SD sequences.
- Eight errors were found in the annotation of ribosomal protein genes of *C. Carsonella ruddii*

Materials and methods

- Bacterial genomes – Genbank
- Errors in genome annotation – HMMER
- HMM-profiles of ribosomal proteins – Pfam
- Visualization – PyMOL
- rRNA alignments – MUSCLE