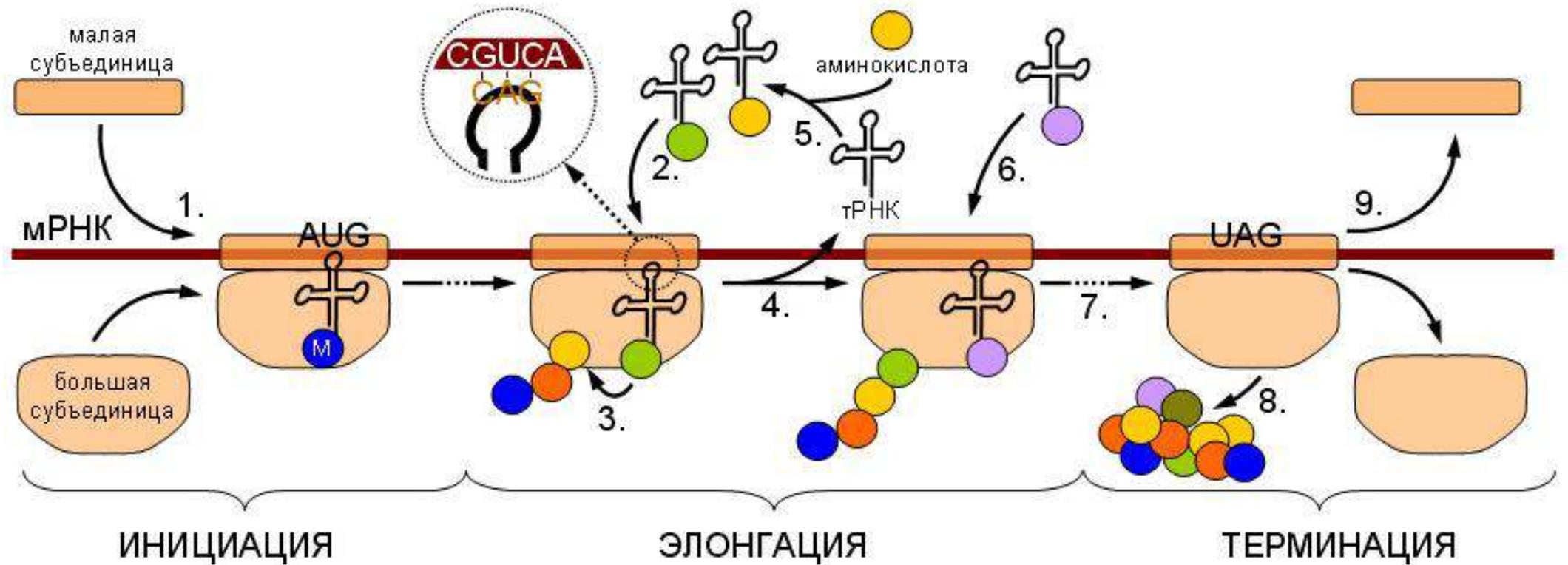


# Особенности элонгации трансляции для некоторых видов одноклеточных организмов

Выполнила: Мохосоева Тамара Вячеславовна  
ФЕН НГУ гр.15412

Научный руководитель: Матушкин Юрий Георгиевич, к.б.н.

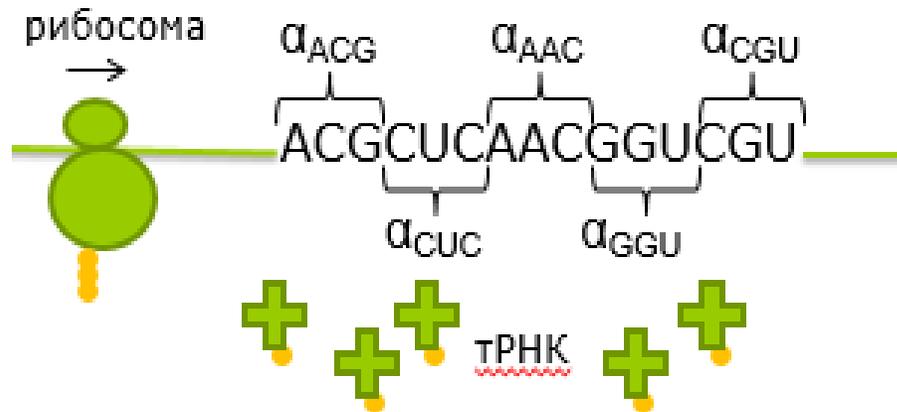
# Стадии трансляции



(Википедия. 2006г.)

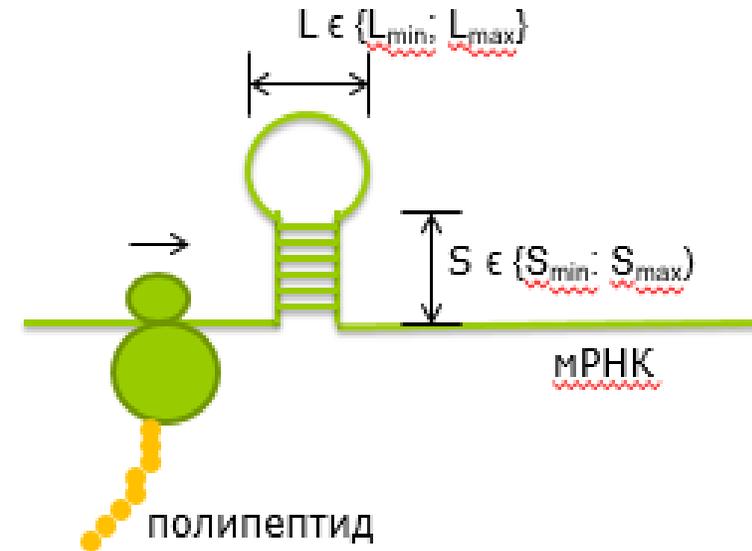
# Эффективность элонгации трансляции

Учет частот кодонов



P.M. Sharp & W.H. Li. (1987) Nucleic Acid Res. 15, 1281–1295

Учет количества и стабильности вторичных структур, образуемых совершенными повторами



Turner D.H., Sugimoto N. (1988) Annu. Rev. Biophys. Chem. 17, 167-192.

# Индекс эффективности элонгации (Elongation Efficiency Index – EEI)

Индекс	Оценка
EEI1	учитывается только кодонный состав гена
EEI2	учитывается только количество вторичных структур в мРНК
EEI3	учитывается только стабильность вторичных структур в мРНК
EEI4	учитываются и кодонный состав, и количество вторичных структур в мРНК
EEI5	учитываются и кодонный состав, и стабильность вторичных структур в мРНК

# Индекс эффективности элонгации (ЕЕI)

Эффективность работы программы оценивалась по распределению генов рибосомных белков в ряду генов организма, упорядоченных по увеличению ЕЕI:

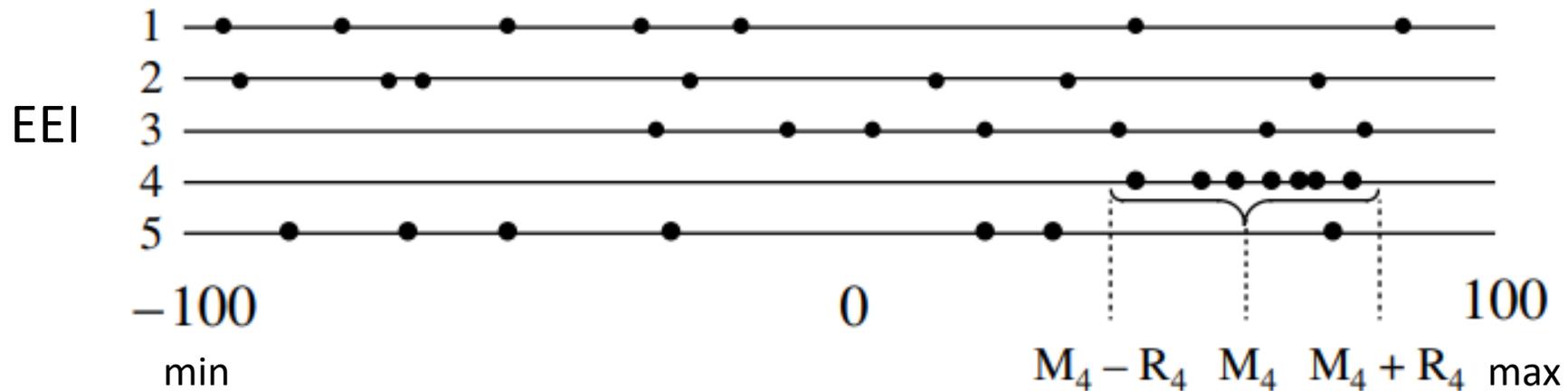


Схема расположения рибосомных генов (черные кружки) среди других генов (прямая линия). Достоверное смещение достигается для ЕЕI4.

$M$  – сдвиг смещения рибосомных генов.  $R$  – наименьшее отклонение. Индекс с наибольшим  $M$  и наименьшим  $R$  является наилучшим.

## Цели и задачи

- **Цель работы:** поиск и исследование особенностей, связанных с эффективностью элонгации трансляции у одноклеточных организмов.

- **Задачи:**

- 1) Выбор групп организмов на основании родства, для которых будет рассчитан индекс эффективности элонгации (EEI) трансляции.

- 2) Расчет индекса эффективности элонгации трансляции для каждого вида

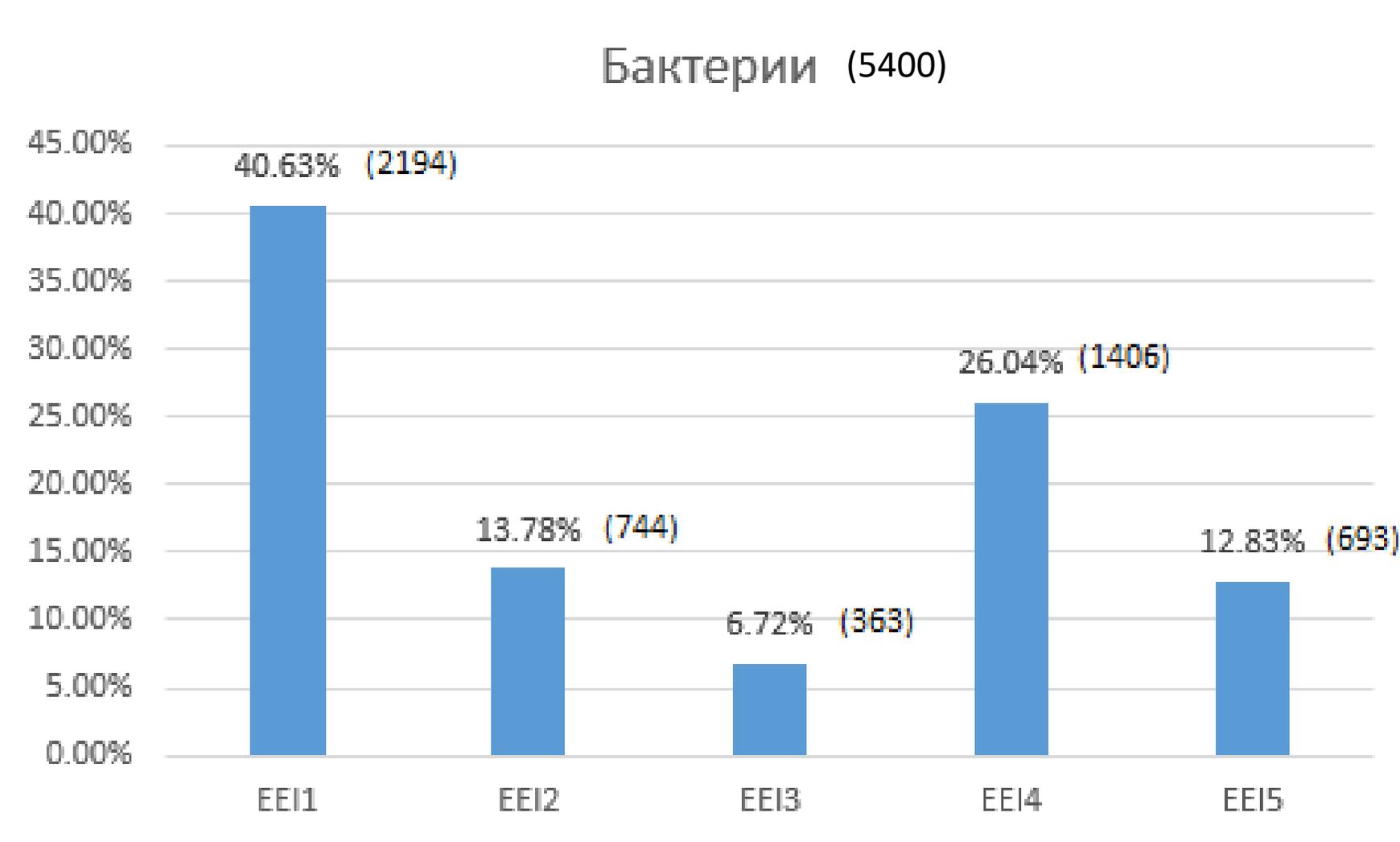
- 3) Выделение групп видов, у которых схожим образом оптимизированы первичные структуры кодирующих областей

- 4) Поиск корреляций оптимизации (вида EEI) с условиями внешней среды

# Материалы и методы

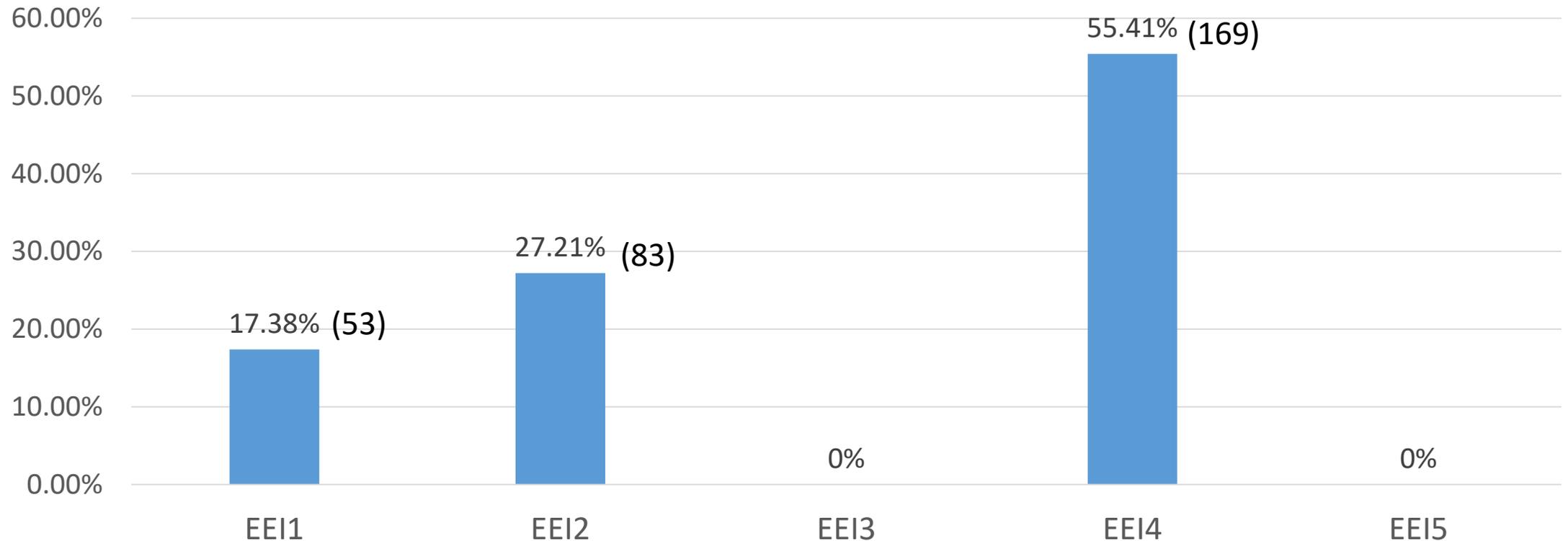
1. Геномные последовательности из базы данных NCBI;
2. Скрипт в Python для скачивания геномов из NCBI - ncbi-genome-download;
3. Веб-приложение EloE - программа для автоматической оценки эффективности элонгации трансляции генов различных организмов ;
4. Статистический анализ: Microsoft Excel, Statistica Trial.

# Распределение бактерий по 5 типам индекса EEI



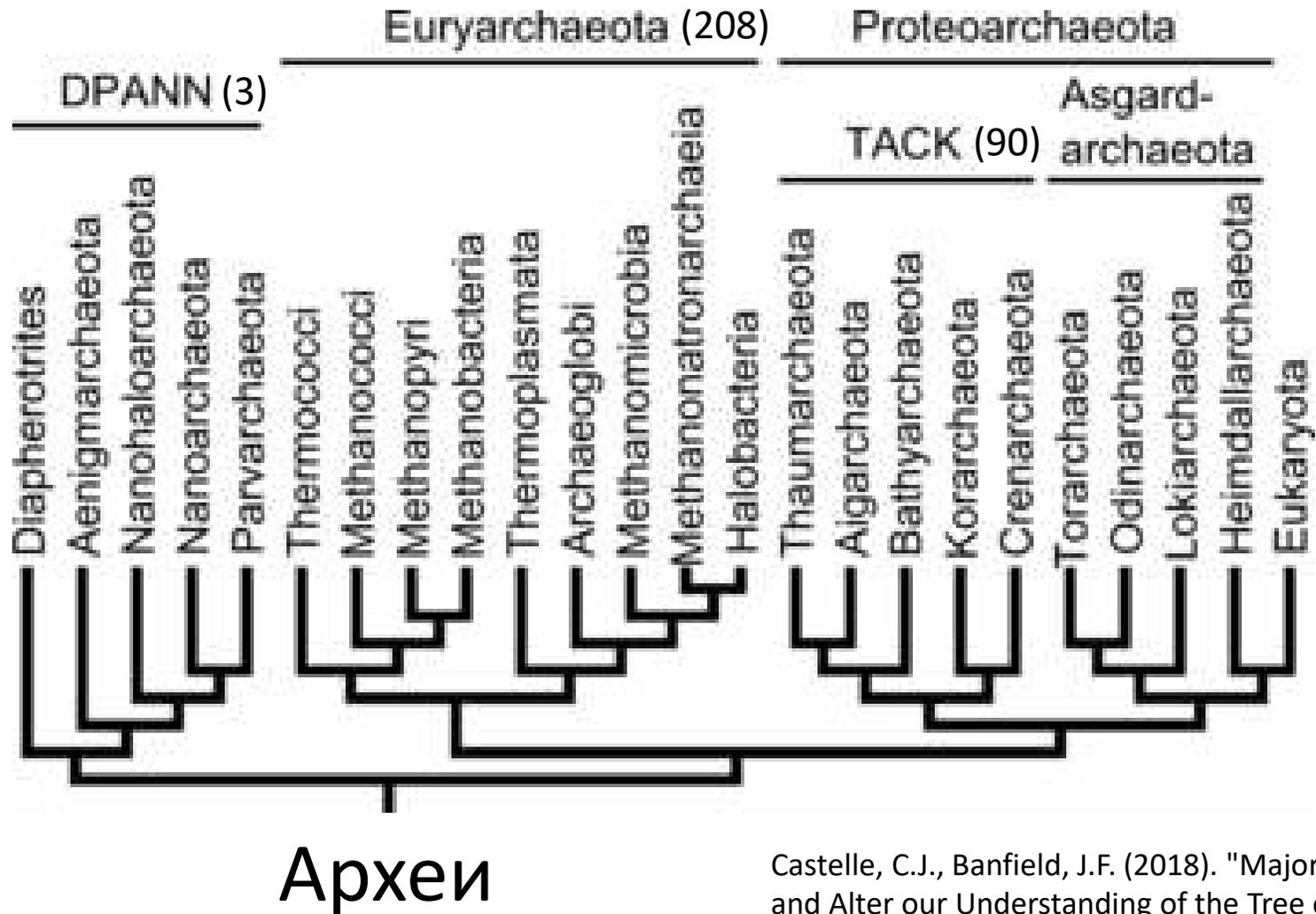
# Распределение архей по 5 типам индекса EEI

Археи (305)



В скобках указано количество исследованных организмов

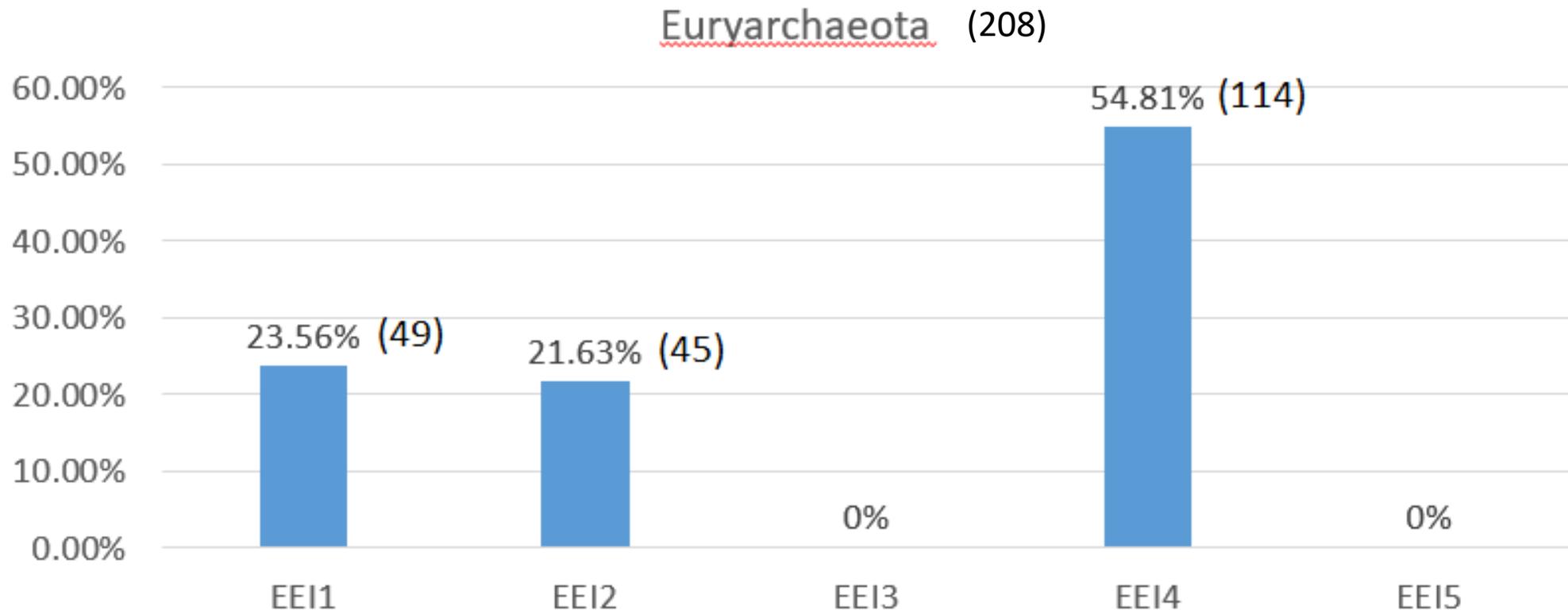
# Филогенетическое дерево архей



Castelle, C.J., Banfield, J.F. (2018). "Major New Microbial Groups Expand Diversity and Alter our Understanding of the Tree of Life". *Cell* **172** (6): 1181-1197.

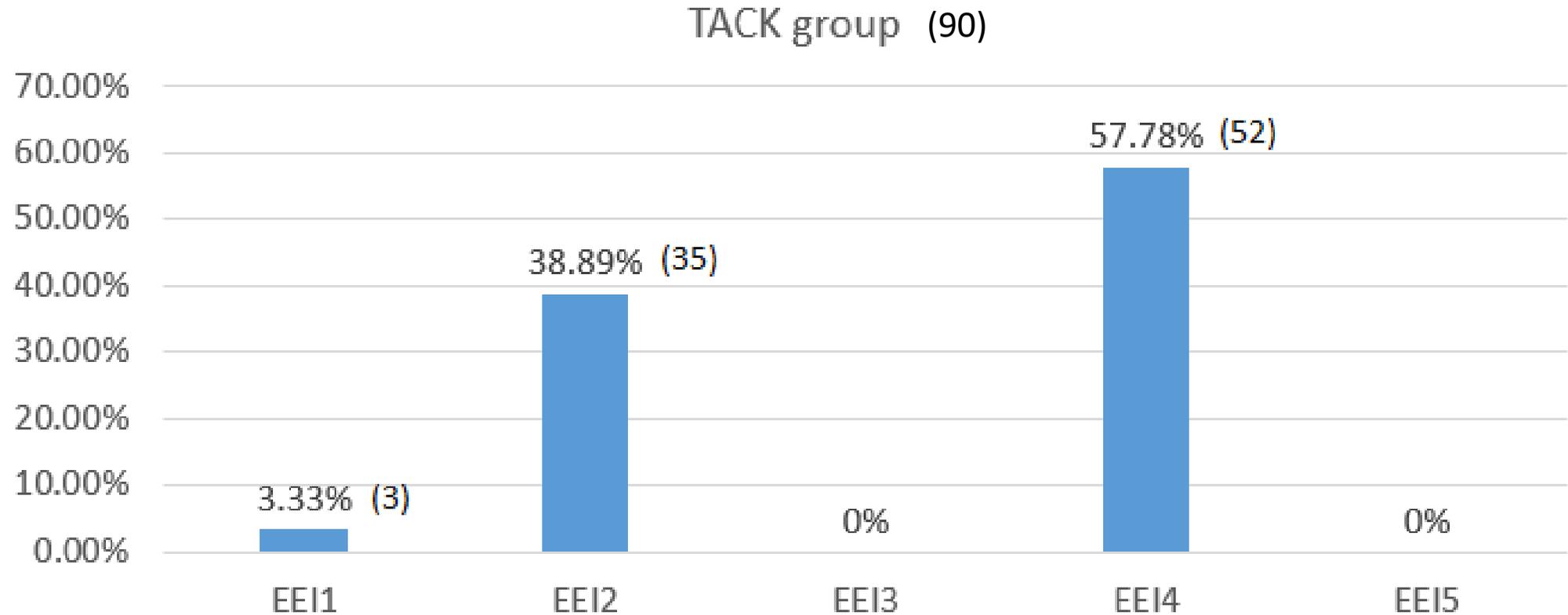
В скобках указано количество исследованных организмов

## Распределение Euryarchaeota по 5 типам индекса EEI



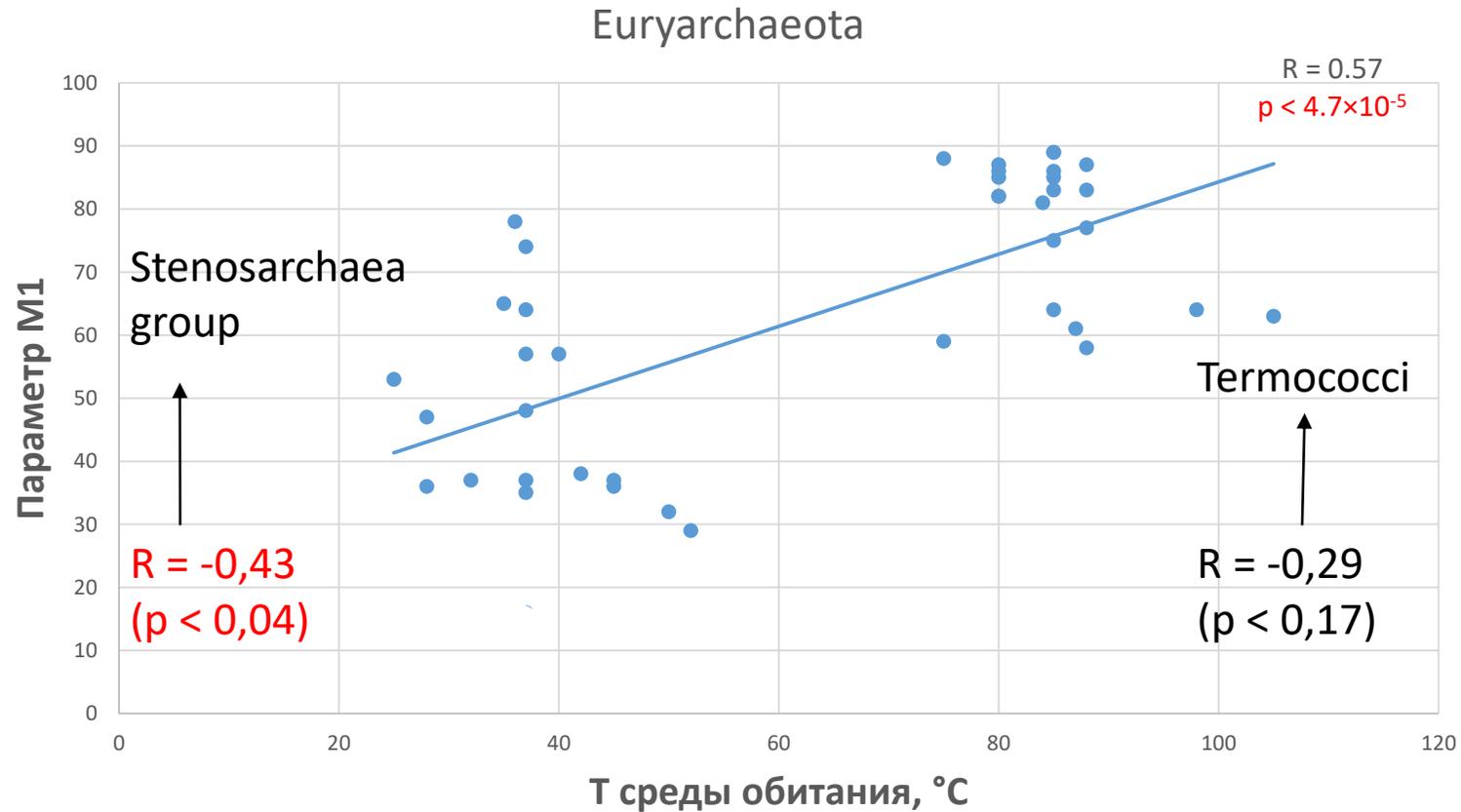
В скобках указано количество исследованных организмов

# Распределение TASK group по 5 типам индекса EEI



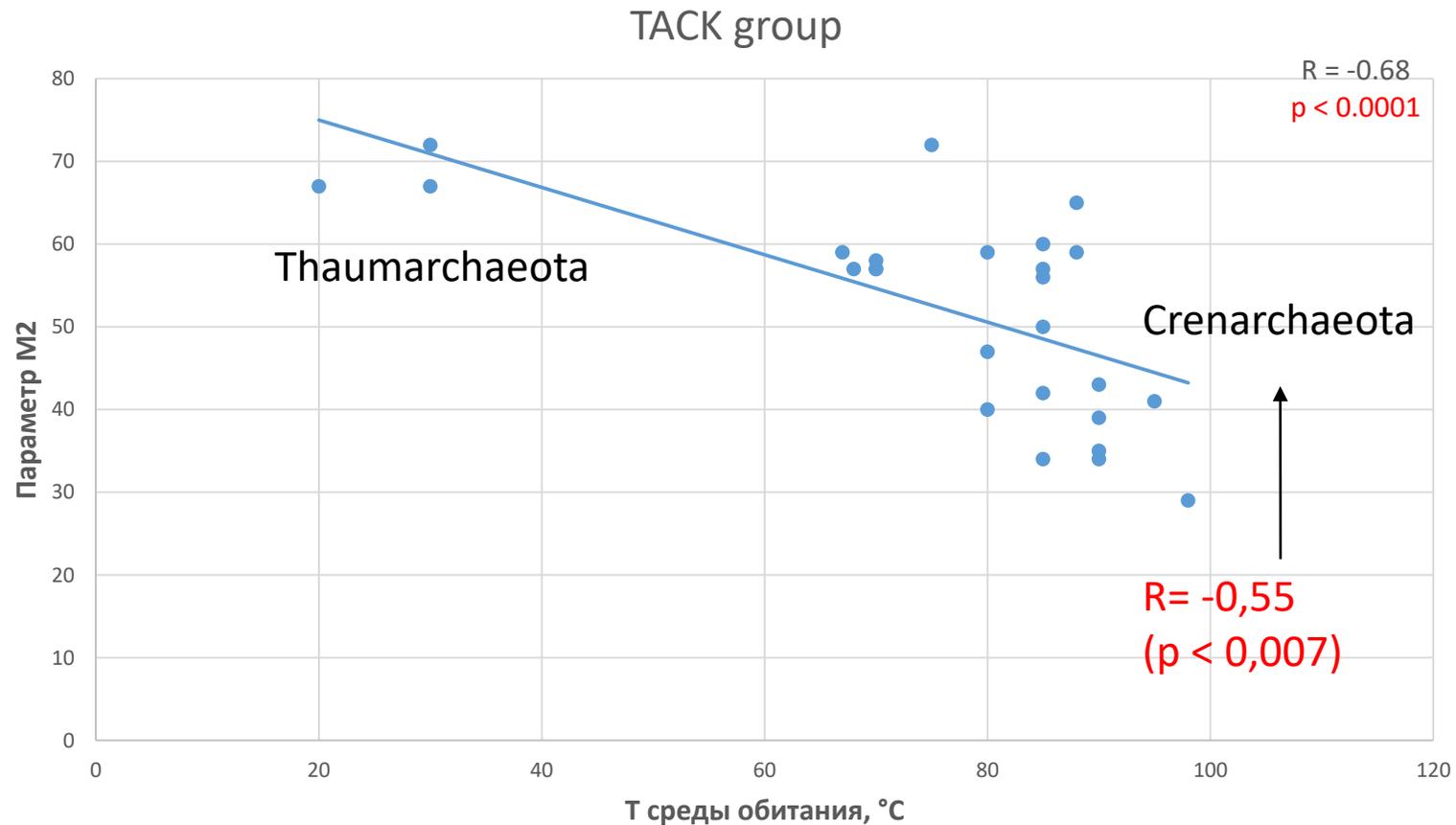
В скобках указано количество исследованных организаций

# Зависимость оптимизации кодонного состава от температуры среды обитания суперфилума Euryarchaeota



$R = 0.57$   
 $(p < 4.7 \times 10^{-5})$

# Зависимость эволюционной минимизации вторичных структур мРНК от температуры среды обитания суперфилума TACK group



$R = -0.68$   
 $(p < 0.001)$

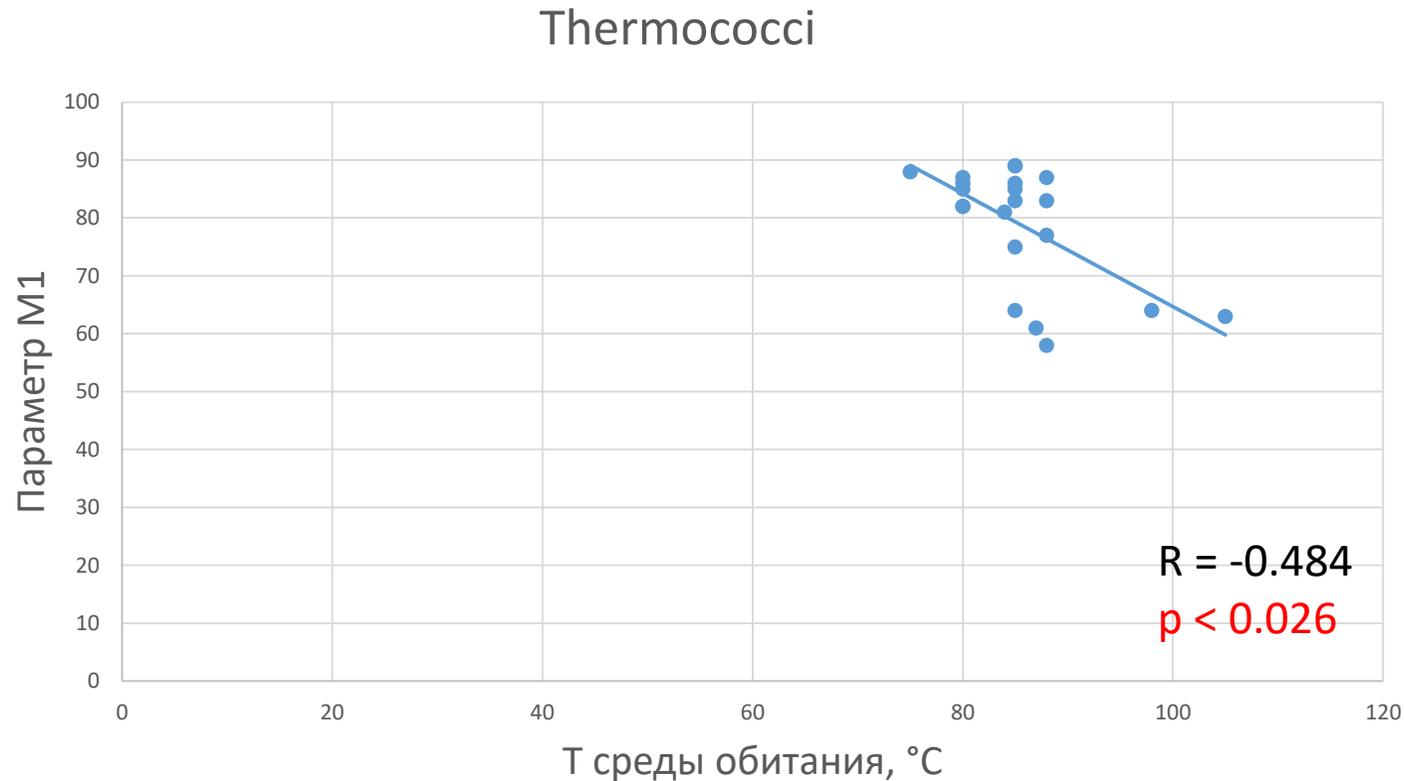
Зависимость по параметрам М индекса эффективности элонгации и условий среды обитания (температура/pH) для разных групп организмов суперфилума Euryarchaeota

Группы организмов	Параметр М по EEI			Условие среды		R	p <
	M1	M2	M4	Температура среды	pH среды		
Stenosarchaea	+	-	-	+	-	-0.356	0.146
	-	+	+	+	-	-0.177	0.152
	+	-	-	-	+	-0.083	0.724
	-	+	-	-	+	0.025	0.909
	-	-	+	-	+	-0.123	0.374
Thermococci	+	-	-	+	-	-0.484	0.026
	-	+	+	+	-	0.286	0.393
	+	-	-	-	+	0.025	0.91
	-	-	+	-	+	0.211	0.58
Archaeoglobi	-	+	+	+	-	-0.229	0.622
	-	-	+	-	+	0.005	0.876
Diaforarchaea	-	+	+	+	-	-0.163	0.674
	-	+	-	-	+	-0.81	0.01
Methanomada	-	+	+	+	-	-0.003	0.985

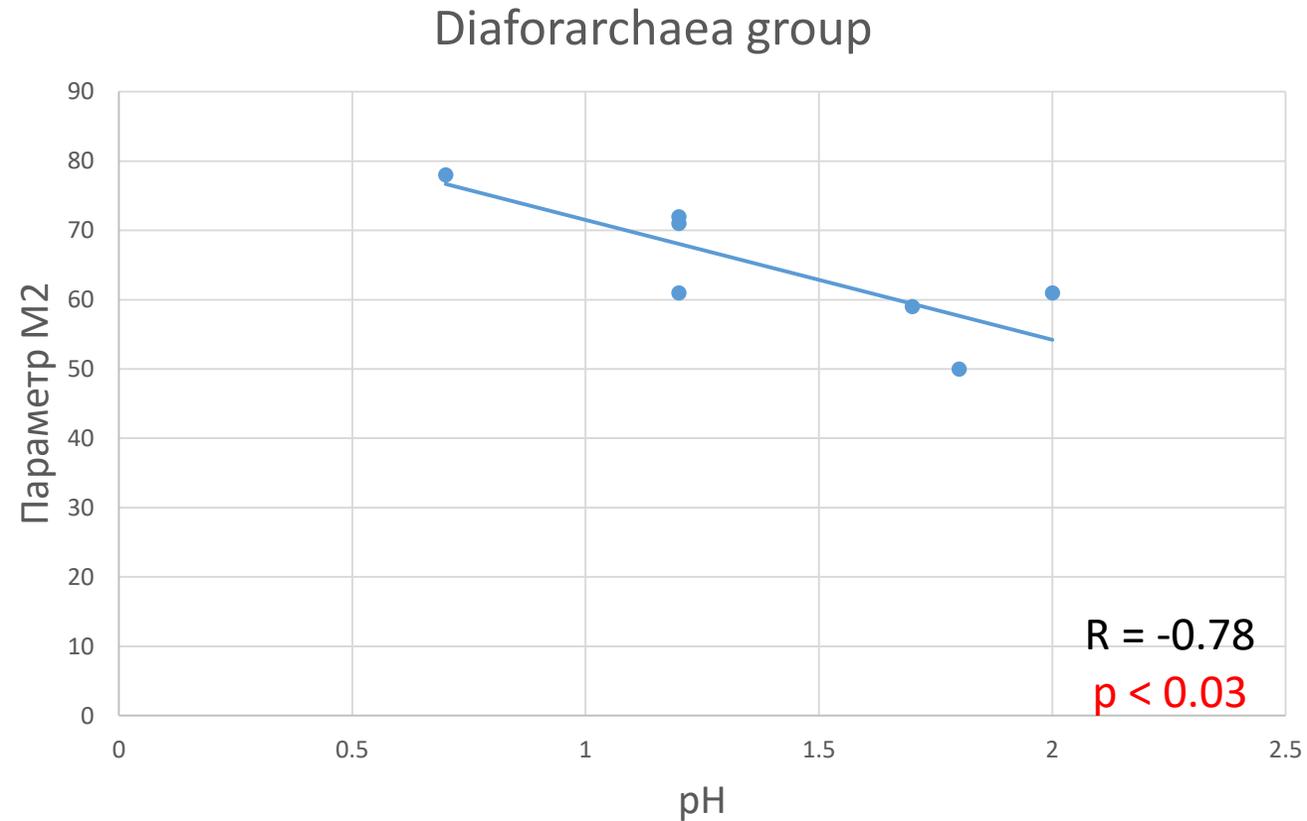
Зависимость по параметрам М индекса эффективности элонгации и условий среды обитания (температура/pH) для разных групп организмов суперфилума TACK group

Группы организмов	Параметр М по EEI			Условие среды		R	p <
	M1	M2	M4	Температура среды	pH среды		
Crenarchaeota	-	+	+	+	-	-0.359	0.019
	-	+	-	-	+	-0.55	0.006
	-	-	+	-	+	0.213	0.154
Thaumarchaeota	-	+	+	+	-	-0.79	0.02

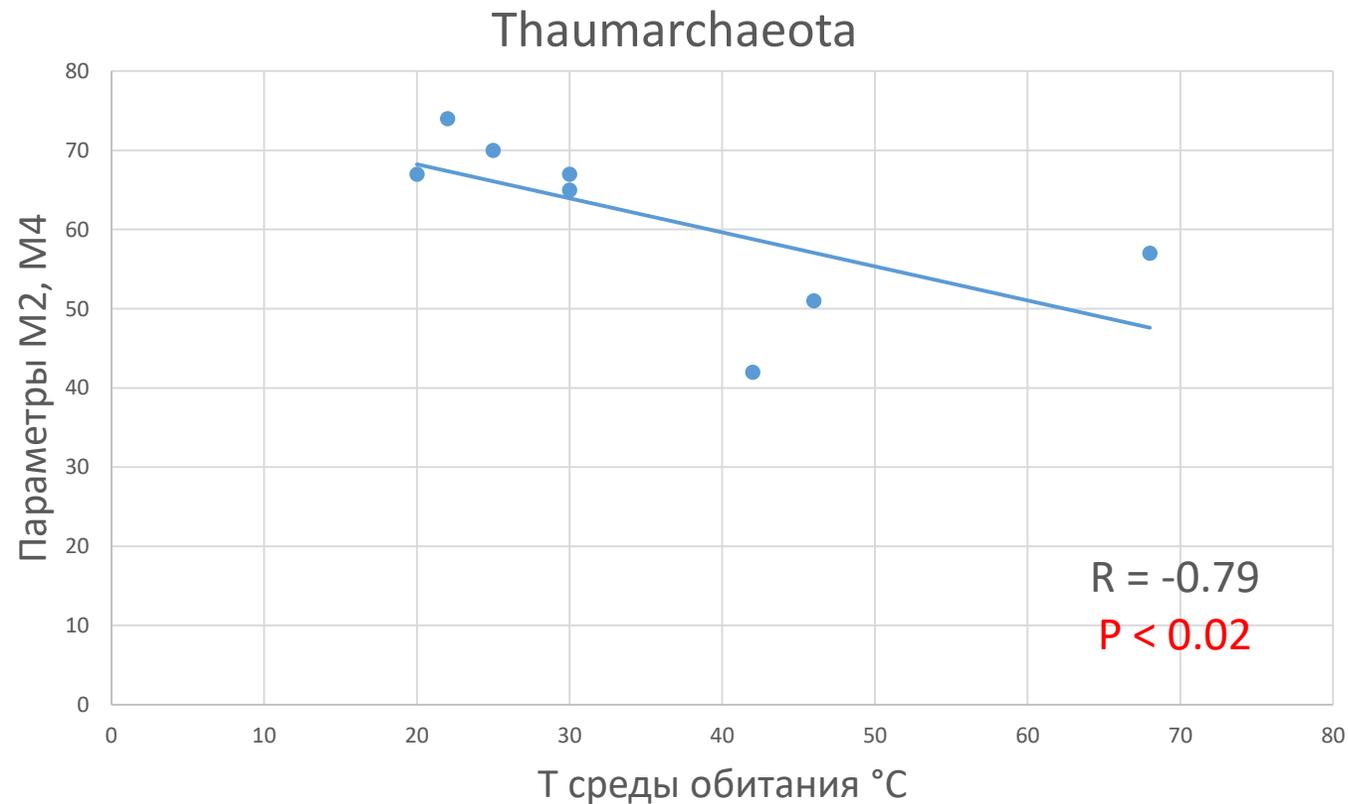
# Зависимость оптимизации кодонного состава мРНК от оптимальной температуры обитания группы Thermococci суперфилюма Euryarchaeota



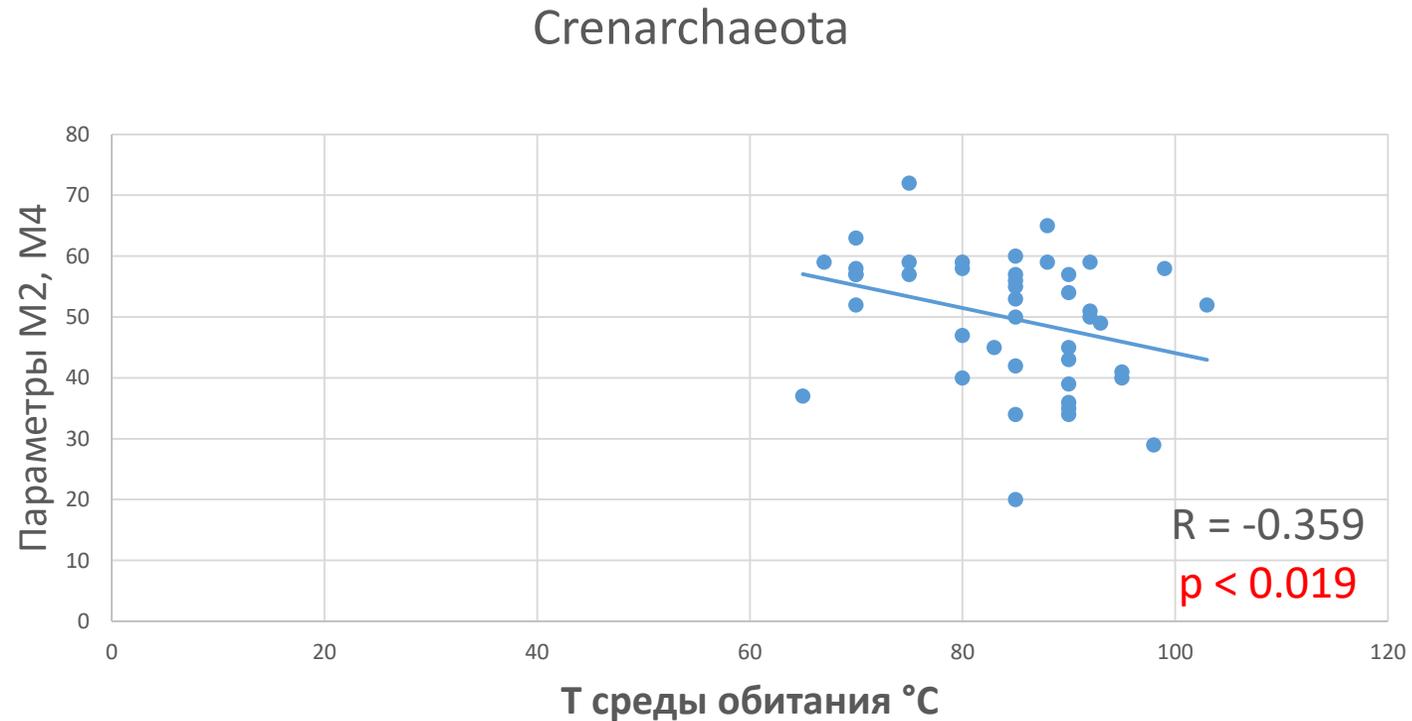
# Зависимость оптимизации количества вторичных структур мРНК от pH у Diaforarchaea group суперфилума Euryarchaeota



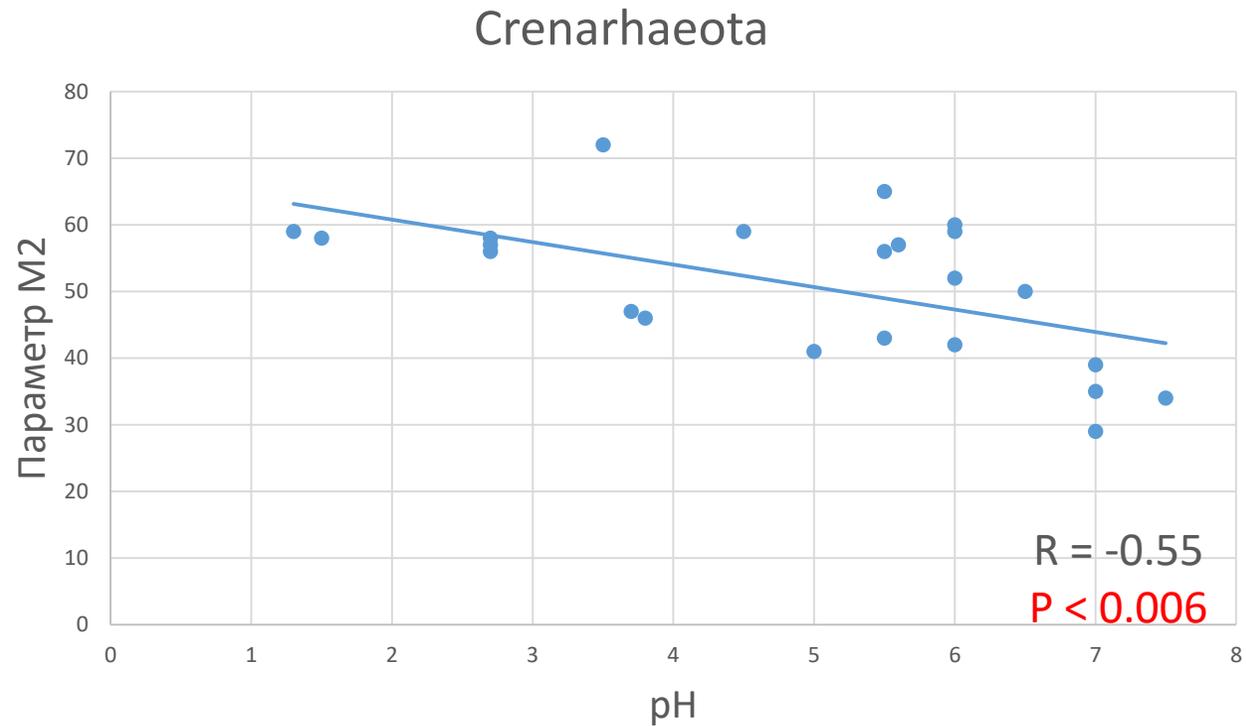
# Зависимость эволюционной оптимизации вторичных структур мРНК от оптимальной температуры обитания группы Thaumarchaeota суперфилума TACK



# Зависимость эволюционной оптимизации вторичных структур мРНК от температуры группы Crenarchaeota суперфилума TACK



# Зависимость эволюционной оптимизации количества вторичных структур мРНК от pH группы Crenarhaeota суперфилума TACK



## Выводы:

- 1) Классифицировано 5400 геномов бактерий по пяти типам эволюционной оптимизации процесса элонгации трансляции. Показано, что они разделяются по 5 группам в соответствии с формами индекса эффективности элонгации (EEI). У большинства представителей ( $\approx 41\%$ ) эффективность элонгации трансляции генов зависит от только кодонного состава (1-я группа). Для еще 26% видов кодирующие части оптимизированы и по кодонному составу и минимизации вторичных структур.
- 2) Классифицировано 305 геномов архей по пяти типам эволюционной оптимизации процесса элонгации трансляции. Показано, что археи разделяются на три группы по индексу эффективности трансляции: EEI1, EEI2, EEI4. У большинства представителей эффективность элонгации трансляции генов зависит от распределения в них локальных инвертированных повторов.
- 3) Для большинства Euryarchaeota эффективность элонгации трансляции генов зависит от кодонного состава и количества инвертированных повторов без учета энергии шпильки. Для TACK gr. эффективность элонгации трансляции генов зависит в основном от количества инвертированных повторов, а также от кодонного состава.
- 4) Выявлено достоверное различие средних показателей оптимизации кодонного состава у рибосомных генов организмов двух групп суперфилума Euryarchaeota: Stenosarchaea group и Thermococci. Показана тенденция к связи между температурными условиями обитания и оптимизацией кодонного состава кодирующих частей генов.

## Выводы:

- 5) В целом у группы ТАСК с параметром M2 имеется корреляция с температурой среды обитания. Идет распределение по группам: Crenarchaeota и Thaumarchaeota.
- 6) У Euryarchaeota не обнаружено влияния вторичных структур на эффективность элонгации трансляции, коррелированное с температурой. Но у суперфилума ТАСК группы Thaumarchaeota она имеется (энергозатратный механизм расплетания вторичных структур).
- 7) Однако у группы Термососси суперфилума Euryarchaeota обнаружено влияние кодонного состава на эффективность элонгации, коррелированное с температурой среды.
- 8) Найдена корреляция между рН среды обитания и количеством инвертированных повторов в кодирующих частях генов у групп Diaforarchaea суперфилума Euryarchaeota и Crenarchaeota суперфилума ТАСК.