

Сравнительный транскриптомный анализ штаммов *Bacillus subtilis* без 6S-1 и/или 6S-2 РНК и дикого типа

Научный руководитель – Кубарева Елена Александровна

Рачкова Анастасия Александровна

Студент (специалист)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

E-mail: an.rachkova2002@gmail.com

Малая некодирующая 6S РНК, участвующая в регуляции экспрессии генов, обнаружена в клетках более 1500 видов бактерий. В геноме *Bacillus subtilis* закодировано две таких РНК: 6S-1 и 6S-2. Уровень экспрессии 6S-1 РНК достигает максимума в ранней стационарной фазе клеточного роста. Предполагается, что она оказывает влияние на транскрипцию генов в условиях нехватки питательных веществ по аналогии с 6S РНК *E. coli*. Концентрация 6S-2 РНК достигает пика в экспоненциальной фазе [1]. В результате протеомного анализа было показано, что обе 6S РНК влияют на количество белков, активирующихся в условиях окислительного стресса, холодового шока и аминокислотного голодания [2].

Целью работы являлся поиск генов, регуляция транскрипции которых может осуществляться 6S-1 и 6S-2 РНК. Было проведено сравнение транскриптомов клеток дикого типа *B. subtilis* (штамм PY79) с клетками с делецией гена 6S-1 РНК ($\Delta bsrA$), 6S-2 РНК ($\Delta bsrB$) или обоих генов ($\Delta bsrAB$) в стационарной фазе роста. После деплеции рРНК из пула общей РНК наработка библиотек кДНК и секвенирование были выполнены доц. Логачевой М.Д. (Сколковский институт науки и технологий) на платформе Illumina. Было проверено качество полученных последовательностей ДНК, затем прочтения были картированы на референсный геном *B. subtilis* str. 168 и подсчитано их количество для каждого гена. Поиск дифференциально экспрессированных генов был проведен с использованием программы DEseq2. Результаты были визуализированы с помощью программы IGV.

В случае каждого мутантного штамма были выделены гены, эффективность транскрипции которых отличается больше чем в 1,5 раза от эффективности их транскрипции в диком типе. Для мутантного штамма $\Delta bsrAB$ - это кодирующие белки гены *skfA*, *bpr*, *spoVS*, *comEB*, *comEA*, *tcdA*, *speD*, *frlP*, *frlO*, *frlB*; для $\Delta bsrA$: *skfA*, *spoVS*, *spoIISB*, *frlB*, *ylaN*; для $\Delta bsrB$: *tcdA*, *frlP*, *frlO*, *frlB*, *pckA*, *cggR*. На основании полученных данных можно предположить, что 6S-1 РНК *B. subtilis* участвует в регуляции споруляции, 6S-2 РНК влияет на протекание метаболических процессов, таких как гликолиз, глюконеогенез, метаболизм сахаров. Нокаут обоих генов приводит к нарушениям процесса трансформации ДНК из внешней среды. В дальнейшем планируется валидация полученных данных методом количественной ПЦР.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ №19-04-00791.

Источники и литература

- 1) Burenina O. Y. et. al. Mechanistic comparison of *Bacillus subtilis* 6S-1 and 6S-2 RNAs - commonalities and differences. // RNA. 2014. V. 20. P. 348-359.
- 2) Hoch G.P., Burenina O. Y. et. al. Phenotypic characterization and complementation analysis of *Bacillus subtilis* 6S RNA single and double deletion mutants. // Biochimie. 2015. V. 117. P. 87-99.