

Сравнительный анализ оперонов роторных N-АТФаз у прокариот

Научный руководитель – Диброва Дарья Владимировна

Сорокин Илья Андреевич

Студент (специалист)

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

E-mail: ilyasorokin506@gmail.com

Мембранные роторные АТФазы — это обширное семейство ферментов, способных синтезировать АТФ за счет трансмембранного потенциала сопрягающих катионов (протонов или ионов натрия), а также использовать молекулы АТФ для транспорта этих катионов через мембрану против градиента концентрации и/или заряда. Среди прокариот наиболее распространены два основных типа роторных АТФаз: у эубактерий наиболее широко представлены F-АТФазы, а у архей — A-АТФазы, разновидностью которых являются V-АТФазы эукариот. Ранее было обнаружено, что внутри F-АТФаз существует отдельная группа так называемых N-АТФаз, которые структурно отличаются от классических F-АТФаз [1]. Опероны N-АТФаз находятся в геномах наряду с оперонами «обычных» F-или A-АТФаз. Большинство N-АТФаз являются натрий-зависимыми ферментами [1].

Организация оперонов N-АТФаз довольно консервативна; их так называемые периферийные штоки состоят из одной субъединицы (в то время как у «канонических» F-АТФаз он образован β - и δ -субъединицами). Кроме того, опероны N-АТФаз содержат два дополнительных гена — *atpQ* и *atpR* — кодирующие мембранные субъединицы с неизвестной функцией. Встречаемость N-АТФаз в геномах не была предметом отдельного исследования, хотя они рассматривались наряду с другими типами АТФазных комплексов [2].

Цель работы заключается в применении биоинформатических методов для нахождения новых прокариотических геномов, содержащих опероны N-АТФаз, и последующем сравнительном анализе структур этих оперонов на расширенной выборке относительно ранее изученной. Мы построили PSSM-модель для каталитической β -субъединицы N-АТФаз и провели поиск PSI-BLAST по базе данных RefSeq, после чего проанализировали геномные окружения более чем 1200 находок с помощью программы ruCOGNAT, установили таксономическую принадлежность находок, проследили консервативность и вариабельность характерных свойств оперонов N-АТФаз в них.

Автор выражает благодарность своему научному руководителю Дибровой Дарье Владимировне за помощь в планировании и проведении исследования и Мулкиджаняну Армену Яковлевичу за ценные консультации и поддержку при подготовке данной работы.

Источники и литература

- 1) Dibrova D.V., Galperin M.Y., Mulikidjanian A.Y. Characterization of the N-ATPase, a distinct, laterally transferred Na^+ -translocating form of the bacterial F-type membrane ATPase // *Bioinformatics*. 2010. Volume 26. Issue 12. P.1473–1476.
- 2) Litvin A.V., Lapashina A.S., Ermidis A.P., Gelfand M.S. and Feniouk B.A. ProAD – A database of rotary ion-translocating ATPases in prokaryotic genomes // *Front. Mol. Biosci.*, 2025. 11:1471556.