

Обзор генома бактерии *Xenorhabdus doucetiae*

Кульбачная М. А.¹

¹ Факультет биоинженерии и биоинформатики, Московский Государственный Университет имени М. В. Ломоносова

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА:

Xenorhabdus doucetiae, геном, протеом, симбионт

1 ВВЕДЕНИЕ

Xenorhabdus doucetiae – вид бактерий рода *Xenorhabdus*, относящегося к семейству *Enterobacteriaceae*, выделенный из нематоды *Steinernema diaprepesi* [1]. Она получила своё видовое название в честь учёного, впервые описавшего род нематод *Steinernema* (М. М. А. Doucet) [2].

Бактерии рода *Xenorhabdus* являются мутуалистическими симбионтами энтомопатогенных нематод *Steinernema*. Связь между видами бактерий и нематод высокоспецифична вследствие большого разнообразия наборов вторичных метаболитов разных видов *Xenorhabdus*. Так, в зависимости от вида-симбионта *Xenorhabdus*, его наличие может влиять как мутуалистически, так и патогенно на одну и ту же нематоду-хозяина [3].

Среди вторичных метаболитов *Xenorhabdus doucetiae* были найдены ксенорабдины и ксенокумарины – вещества, обладающие антибактериальным, противогрибковым, инсектицидным и противоопухолевым действием, что позволяет рассматривать их как перспективный объект для медицинской биотехнологии [4].

2 МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Для написания обзора использовались данные о бактерии из базы NCBI. В работе использовался сервис Google Sheets, такие его возможности, как построение таблиц, графиков, использование фильтров, функции СЧЁТЕСЛИ, СЧЁТЕСЛИМН, МАКС, МИН, БИНОМРАСП.

Использовались также скрипты, написанные на языке программирования Питон.

3 РЕЗУЛЬТАТЫ

1. Основные данные о геноме

Геном бактерии содержит в себе одну хромосому и одну плазмиду. Хромосома содержит 4 195 202 пары оснований, плазида – 8 449 пар оснований.

Процент GC-оснований в хромосоме составляет 45.7087%, в плазмиде – 45.0941%, то есть менее половины от всех оснований в геноме. На основании этих результатов можно считать, что геном бактерии не обладает повышенной устойчивостью к денатурации

2. Нуклеотидный состав генома

Было установлено, что помимо А, Т, G, С, в последовательностях не встречается других букв.

Таблица 1: Нуклеотидный состав генома *Xenorhabdus doucetiae*

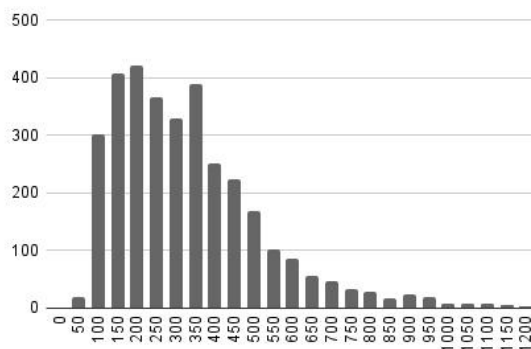
Хромосома	A	T	G	C
Количество	1138902	1138727	961169	956404
Процент, %	27.1477	27.1435	22.9111	22.7976
Плазида				
Количество	2425	2214	1747	2063
Процент	28.7016	26.2043	20.6770	24.4417

В результате исследования генома можно заметить, что второе правило Чаргаффа о равенстве числа А и Т, G и С лучше выполняется для хромосомы. В плазмиде количества А и С преобладают на целые проценты.

3. Гистограмма длин белков

Была построена гистограмма распределения длин белков, которую можно увидеть на рис. 1

Рисунок 1: распределение длин белков *Xenorhabdus doucetiae*



Большая часть белков имеет длину от 150 до 350 аминокислотных остатков. Самый короткий белок имеет длину 15, это лидерный пептид гистидинового оперона. Среди наиболее коротких белков находятся другие лидерные пептиды, гипотетические белки и другие.

Наибольшую длину имеет фермент синтетаза нерибосомных пептидов, его длина составляет 7 632 аминокислотных остатка. Интересно отметить, что 5 самых длинных белков аннотированы так же.

4. Распределение генов по цепям ДНК

Таблица 2: распределение генов по цепям ДНК

	Белки	Псевдогены	рРНК	тРНК
Количество	3457	151	22	76
На + цепи	1669	67	13	48
На - цепи	1788	84	9	28
p-value (биномиальный тест)	0.0447	0.1927	0.5234	0.02863

Распределение считается случайным, когда результаты теста более 0.05.

Для псевдогенов и рРНК распределение можно считать случайным. Для белков и тРНК распределение нельзя считать случайным.

4 ОБСУЖДЕНИЕ

По предположению авторов статьи [5], GC-состав задаёт модель использования кодонов и аминокислот в бактериальных геномах. Авторы перечисляют GC-состав множества видов бактерий из разных таксонов.

Наиболее близки к исследуемой бактерии *Atopobium parvulum* DSM 20469 из филума актинобактерий, *Chloroherpeton thalassium* ATCC 35110 из филума бактериоиды, *Lactobacillus brevis* ATCC 367 Из филума фирмикуты, *Hirschia baltica* ATCC 49814 из филума альфапротеобактерии, *Hirschia baltica* ATCC 49814 из филума бетапротеобактерии, *Shewanella denitrificans* OS217 из филума гаммапротеобактерии.

В результате работы в геноме и протеоме бактерии были выявлены нестандартные распределения (нуклеотидов в плазмиде, генов на + и – цепях), природу которых было бы интересно изучить.

СОПРОВОДИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

Таблицы, код и файл с геномом, использованные для написания обзора, будут доступны по ссылке [6].

БЛАГОДАРНОСТИ

Автор выражает благодарность преподавателям информатики за интересные задания и лекции, а также за возможность соприкоснуться с научной работой даже при небольшом количестве навыков.

Автор выражает особую благодарность Зинкевичу Арсению Олеговичу за полезные и интересные занятия и стремление добиться максимального понимания материала студентами.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Alexandrescu, A. (Entomopathogenic nematodes systematics, phylogeny and bacterial symbionts / Nguyen, Hunt, Под ред. Khuong B. Brill, 2007.
- Tailliez, P., Pages, S., Ginibre, N., & Boemare, N. New insight into diversity in the genus *Xenorhabdus*, including the description of ten novel species. // INTERNATIONAL JOURNAL OF SYSTEMATIC AND EVOLUTIONARY MICROBIOLOGY. 2006. 56(12), 2805–2818. doi:10.1099/ijs.0.64287-0
- Sicard, M., Ferdy, J.-B., Pagès, S., Le Brun, N., Godelle, B., Boemare, N., & Moullia, C.. When mutualists are pathogens: an experimental study of the symbioses between *Steinernema* (entomopathogenic nematodes) and *Xenorhabdus* (bacteria). // Journal of Evolutionary Biology. 2004. 17(5), 985–993. doi:10.1111/j.1420-9101.2004.00748.x
- Jönike Dreyer, Antoinette P. Malan, Leon M T Dicks. Bacteria of the Genus *Xenorhabdus*, a Novel Source of Bioactive

-
- Compounds.// Front Microbiol. 2018. 19;9:3177. doi: 10.3389/fmicb.2018.03177
5. Lightfield, J., Fram, N. R., & Ely, B. (2011). Across Bacterial Phyla, Distantly-Related Genomes with Similar Genomic GC Content Have Similar Patterns of Amino Acid Usage. PLoS ONE, 6(3), e17677.
 6. <https://drive.google.com/drive/folders/1SDZr0vRmckJaBqFSOX1OTMRXRxGt2ogZ?usp=sharing>