

Мини-обзор генома и протеома *Sphingomonas melonis*

Фейгин Степан

Факультет Биотехнологии и Биоинформатики МГУ, 1 курс

РЕЗЮМЕ

В мини-обзоре рассмотрены некоторые особенности генома и протеома бактерии *Sphingomonas melonis* в частности, в сравнении с тремя другими видами этого же рода. Опробована программа для поиска потенциальных шпилек в ДНК или РНК-продукте. Применены два интернет-ресурса для оценки возможной вторичной структуры ДНК и РНК при предсказании шпилек в геноме и для определения антикодона у тРНК.

1 ВВЕДЕНИЕ

Sphingomonas melonis — граммотрицательная лишённая жгутиков бактерия, относящаяся к филуму Proteobacteria. Известна как фитопатоген, вызывающий появление бурых пятен на плодах дыни (*Cucumis melo* var. *inodorus*), из которых и была впервые выделена и описана в 2002 году. Длина генома *S. melonis* составляет около 3,65 Мбп (миллионов пар нуклеотидов), из которых ~ 65% — Г+Ц пары (мольная доля) [1]. Помимо сельскохозяйственного значения бактерия интересна тем, что способна разлагать никотин, используя его в качестве единственного источника углерода, азота и энергии [4], а также метаболизировать иные потенциально опасные для человека и окружающей среды вещества, например, имидаклоприд и метомил (широко применяемые в сельском хозяйстве инсектициды) [2], [3]. Таким образом, изучение данного вида может оказаться полезным для сельского хозяйства как с точки зрения предотвращения ущерба, наносимого *S. melonis* урожаю, так и с точки зрения биоремедиации ядовитых веществ, применяемых для обработки агрикультур.

2 МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

- 1) Данные по содержанию различных нуклеотидов, длине геномов и GC-составу получены при помощи программы “скрипт1” из сопроводительных материалов, написанной на python в сервисе Google Colab.
- 2) Данные для построения графиков GC-skew получены при помощи программы “скрипт2” из сопроводительных материалов, написанной на python в сервисе Google Colab, и обработаны в сервисе Google sheets при помощи функции построения диаграмм.
- 3)

The quick brown fox jumps over the lazy dog. The quick brown fox jumps over the lazy dog. The quick brown fox jumps over the lazy dog. The quick brown fox jumps over the lazy dog. The quick brown fox jumps over the lazy dog. The quick brown fox jumps over the lazy dog. The quick brown fox jumps over the lazy dog. The quick brown fox jumps over the lazy dog. The quick brown fox jumps over the lazy dog. The quick brown fox jumps over the lazy dog.

3 РЕЗУЛЬТАТЫ

3.1 Основные характеристики генома в сравнении с видами того же рода: *S. alpina*, *S. saxanigenens*, *S. panacis*.

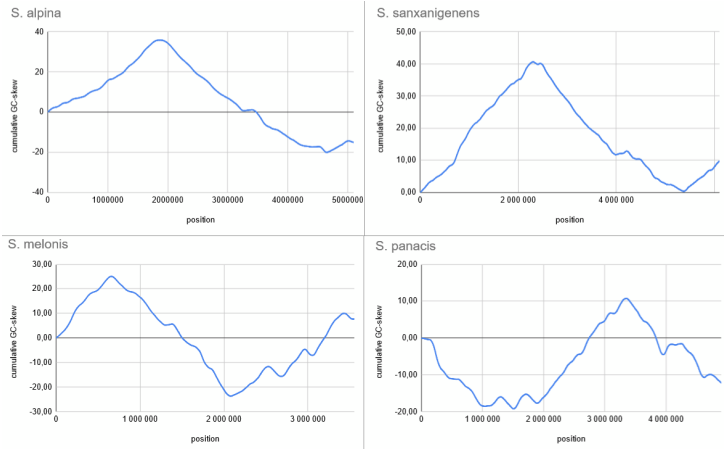
В таблице 1 приведены базовые численные характеристики геномов перечисленных выше видов:

вид, штамм	длина генома, mbp	A, mb	T, mb	G, mb	C, mb	содержание GC-пар, %
<i>S. alpina</i> DSM 22537	5,2	0,94	0,94	1,66	1,67	64,0
<i>S. sanxanigenens</i> NX02	6,21	1,03	1,03	2,08	2,07	66,8
<i>S. melonis</i> ZJ26	3,65	0,6	0,6	1,23	1,23	67,4
<i>S. panacis</i> DCY99	5	0,86	0,86	1,64	1,65	65,7

Таблица 1. Обозначения: mbp - число миллионов пар нуклеотидов; mb - число миллионов нуклеотидов. Вне зависимости от наличия плазмид в геноме для анализа использовалась только хромосома.

По данным таблицы видно, что наименьший процент GC-пар в геноме характерен для *S. alpina*, бактерии-психрофила [5] (единственного из четырёх). Для всех видов количество аденинов очень близко (различия колеблются в пределах 1%), как и количество цитозинон и гуанинов, что говорит о практически одинаковом нуклеотидном составе на “+” и “-” -цепях. Длина генома *S. melonis* оказалась заметно меньше длины геномов других видов (~72,8% от общего среднего).

На рисунке 2 показаны графики GC-skew для четырёх видов:



3.2

(17)

5 СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Buonauro R. et al. *Sphingomonas melonis* sp. nov., a novel pathogen that causes brown spots on yellow Spanish melon fruits // *International journal of systematic and evolutionary microbiology*. – 2002. – T. 52. – №. 6. – С. 2081-2087.
2. Erguven G. O., Demirci U. Statistical evaluation of the bioremediation performance of *Ochrobactrum thiophenivorans* and *Sphingomonas melonis* bacteria on Imidacloprid insecticide in artificial agricultural field // *Journal of Environmental Health Science and Engineering*. – 2020. – T. 18. – №. 2. – С. 395.
3. Tatar S. et al. Can toxicities induced by insecticide methomyl be remediated via soil bacteria *Ochrobactrum thiophenivorans* and *Sphingomonas melonis*? // *Current Microbiology*. – 2020. – T. 77. – С. 1301-1307.
4. Wang H. et al. Characterization of a novel nicotine degradation gene cluster *ndp* in *Sphingomonas melonis* TY and its evolutionary analysis // *Frontiers in microbiology*. – 2017. – T. 8. – С. 337.
5. Margesin R, Zhang DC, Busse HJ. *Sphingomonas alpina* sp. nov., a psychrophilic bacterium isolated from alpine soil. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2012;62(Pt 7):1558-1563.