

Сравнительная геномика соматических антигенов симбиотических и условно-патогенных бактерий рода *Herbaspirillum*

Научный руководитель – Комиссаров Алексей Сергеевич

Кучур Полина Дмитриевна

Студент (магистр)

Санкт-Петербургский национальный исследовательский университет информационных технологий, механики и оптики, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: tniapp@yandex.ru

O-антиген или соматический антиген - это дистальный компонент бактериальных липополисахаридов (ЛПС), обладающий вариабельностью и таксоноспецифичностью [1]. Благодаря своей изменчивости, соматический антиген и знания о его структуре лежат в основе классификации бактерий и выделения серогрупп. При проникновении бактерии в организм хозяина в ответ на O-антиген развивается иммунная реакция, поэтому изучение состава оперонов данного компонента ЛПС дает представление о причинах и потенциальных путях развития воспалительной реакции.

Функциональной единицей соматического антигена является оперон - группа генов, вовлеченных в общий процесс и локализованные последовательно в геноме бактерии. Поиск оперонов в сборках среднего и низкого качества, каких большинство, идентифицирует сразу несколько оперонов O-антигена, разнесенных по разным участкам генома. Интерпретация таких данных затруднительна.

В качестве объекта исследования нами были выбраны представители рода *Herbaspirillum* - симбиотических бактерий, позволяющих растениям эффективнее усваивать азот. Внутри этого рода, исходно симбиотического, с течением времени возникли условно-патогенные виды, такие как *H. lusitanum*. Мы предположили, что структура O-антигенов у гербаспирилл разного образа жизни будет отличаться.

Исходная сборка генома *H. lusitanum* была получена из базы данных NCBI. Оценка его качества в QUAST показала значения N50 = 13 kb, L50 = 117, количество контигов = 734 при длине сборки = 4876760. Ввиду отсутствия ридов было решено повысить ее качество выравниванием на референсный геном в RagTag, после чего показатели стали равны 236 kb, 4 и 526 соответственно. Для минимизации ошибок сборка была проаннотирована тремя тулами с последующим выделением оперонов путем поиска областей промоторов и терминаторов. Опероны O-антигена были найдены по ключевым генам (*wzy* и *wzx*), определяющим путь биосинтеза этого антигена.

Сопоставление структуры и состава оперонов O-антигенов симбиотических гербаспирилл с условно-патогенной гербаспириллой показало присутствие полонемов двух генов, среди которых ген, участвующий в биосинтезе dTDP-L-рамнозы - структурного компонента ЛПС. Это может послужить одной из причин изменения взаимоотношений между данной бактерией и растением.

Вышесказанное дает основания предполагать, что гипотеза о различии состава O-антигенов бактерий с разным образом жизни справедлива. Сейчас ведется более масштабная работа по сравнению соматических антигенов штаммов всех известных бактерий внутри родов *Herbaspirillum* - исходных симбионтов растений и *Providencia* - патогенов, вызывающих заболевания разной степени тяжести.

Источники и литература

- 1) Velichko, N. S., Kokoulin, M. S., Sigida, E. N., Kuchur, P. D., Komissarov, A. S., Kovtunov, E. A., & Fedonenko, Y. P. Structural and genetic characterization of the colitose-containing O-specific polysaccharide from the lipopolysaccharide of *Herbaspirillum frisingense* GSF30T // International journal of biological macromolecules. 2020. No. 161. P. 891–897.