

Сравнительный и эволюционный анализ генов O-антигенов бактерий семейства Oxalobacteraceae

Афонникова Светлана Дмитриевна

Студент (магистр)

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

E-mail: sweta-da@mail.ru

Микроорганизмы живут в широком диапазоне условий, в том числе буквально во всех растениях и животных. Взаимоотношения между бактерией и ее хозяином могут принимать разные формы: от выгодных для обоих участников, до нейтральных и патогенных. Эти взаимодействия динамичны, они могут меняться как в течение жизни хозяина при изменении его иммунного статуса, так и на эволюционном уровне.

Грамотрицательные бактерии взаимодействуют с бактериофагами и иммунной системой хозяина с помощью дистальной структуры липополисахаридов клеточной стенки - O-антигенов. Огромное разнообразие структуры O-антигенов выражается и в вариабельности кодирующих их генов. В зависимости от состава генов O-антигенов пути их процессинга можно разделить на две группы: *wzx/wzy*-зависимый путь и *wzm/wzt*-зависимый путь.

В нашем предыдущем исследовании было показано, что существует взаимосвязь между структурой оперонов генов O-антигена и образом жизни бактерий у рода *Herbaspirillum* семейства Oxalobacteraceae. Чтобы выяснить, есть ли такая же ассоциация у других бактерий семейства, мы исследовали геномы других бактерий из этого семейства.

Качество сборки мы проверяли с помощью QUAST и отбирали только полностью собранные геномы или на уровне до 10 контигов. Отобранные 18 геномов аннотировали с помощью Prokka и EggNOG. Поиск интересующих генов проводился путем использования Orthofinder, где в качестве референсного набора генов были мы брали гены модельного организма - бактерии *Escherichia coli*.

Мы отобрали два вида рода *Collimonas*, по одному виду для *Herminiimonas*, *Oxalobacter* и *Unbibacterium*, четыре вида *Janthinibacterium* и девять видов *Massilia*. У всех сборка генома была полная. Однако в сборках *M.putida* и *M.violaceinigra* присутствовали плазмиды. Так как гены O-антигена могут располагаться на плазмиде, мы продолжили анализ этих геномов, предполагая эту возможность.

В результате работы для каждого вида мы нашли кластеры генов, кодирующих O-антиген. Они дисперсно расположены по всему геному, ни в одном геноме нет единого кластера. Далее, в геномах всех проанализированных видов присутствовали гены синтеза L-рамнозы (*rml*). Среди наиболее часто встречающихся генов присутствуют гены синтеза ГДФ-d-маннозы (*manB* и *manC*), гены белка с нуклеотидилтрансферазной активностью (*hddC*), гликозилтрансферазы (*wbaS*, *wbaX*, *wbdH*), гены процессинга O-антигена *wzx*, *wzm*, *wzt*.

Из 18 проанализированных геномов 12 содержат *wzm/wzt* гены (бактерии из родов *Massilia*, *Collimonas*, *Undibacterium*).

Таким образом, мы выявили консервативные и вариабельные части кластеров O-антигена. В данный момент мы занимаемся более детальным изучением вариабельных участков.