

## Связь разнообразия местообитаний и размера периферии пангенома бактерий

Научный руководитель – Гарушянц Софья Константиновна

*Николаева Дарья Дмитриевна*

*Студент (специалист)*

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

*E-mail: daranikolaeva@gmail.com*

Пангеном - это совокупность белок-кодирующих генов, присутствующих в наборе геномов одного вида или рода бактерий. Пангеномный подход активно используется, в частности, в исследованиях генов устойчивости к антибиотикам и генов вирулентности у патогенных бактерий [1].

Традиционно в структуре пангенома выделяют “ядро” (core) - гены, которые встречаются почти во всех рассматриваемых штаммах или видах, и “периферию” - гены, встречающиеся у небольшого количества штаммов. Соотношение размера периферии к размеру ядра отличается у разных бактерий, встречаются как виды с обширной периферией, так и виды, у которых количество уникальных для штаммов генов крайне мало. Какие именно факторы определяют это соотношение не до конца понятно. Мы предположили, что одним из определяющих факторов может являться разнообразие бактериальных сообществ, в которых встречается данный бактериальный вид. С одной стороны, различия в физико-химических условиях среды в разных местообитаниях создают необходимость в присутствии специальных генов у отдельных групп бактерий. С другой стороны, большее количество местообитаний дает возможность взаимодействовать с большим количеством видов-соседей, от которых эти специальные гены могут быть получены в результате горизонтального переноса. Данные о структуре и разнообразии сообществ могут быть получены из экспериментов метагеномного секвенирования, когда совместно секвенируются все нуклеотидные последовательности, выделенные из данного местообитания. Таким образом, целью данной работы было установить связь между размером периферии пангенома и характеристиками метагеномов, в которых данный вид бактерий встречается.

Для проверки этой гипотезы были использованы опубликованные ранее данные из различных местообитаний, которые были сгруппированы в 11 кластеров [2]. Виды бактерий, обитающие в пяти и более кластерах были названы генералистами, более редкие виды - специалистами. На данных кластера, объединяющего образцы кожи и кишечника человека, было показано, что у вида-генералиста *Bifidobacterium longum* периферия пангенома больше, чем у вида-специалиста *Chlamydia trachomatis*. Для дальнейшей проверки гипотезы будет проведен дополнительный анализ на метагеномных данных из различных участков тела человека проекта Human Microbiome Project. Понимание того, какое влияние оказывает разнообразие местообитаний на структуру пангенома, позволит получать более информативные результаты при использовании этого инструмента в исследованиях бактериальной эволюции.

Слова благодарности

Автор выражает благодарность научным руководителям С. К. Гарушянц и М. С. Гельфанду.

**Источники и литература**

- 1) Fouts D. E. et al. What makes a bacterial species pathogenic?: Comparative genomic analysis of the genus *Leptospira* // PLoS neglected tropical diseases. – 2016. – Т. 10. – №. 2. – С. e0004403.
- 2) Sriswasdi S., Yang C., Iwasaki W. Generalist species drive microbial dispersion and evolution // Nature communications. – 2017. – Т. 8. – №. 1. – С. 1162.