

Геномный анализ мутантного штамма *Pseudomonas chlororaphis* subsp. *aurantiaca* В-162/2***Бондарева Кристина Савельевна****Студент (магистр)*

Белорусский государственный университет, Биологический факультет, Минск, Беларусь

E-mail: BKristinaSav@yandex.ru

Бактерии рода *Pseudomonas* представляют перспективный объект биотехнологии ввиду легкости их культивирования в лабораторных условиях и большого спектра синтезируемых ими биологически активных соединений [2]. Перечень последних включает гормоноподобные вещества, пигменты, витамины и антибиотики и др. [4]. Одними из наиболее интересных антибиотиков, синтезируемых *Pseudomonas*, являются феназины, обладающие высокой антимикробной и противоопухолевой активностями [1, 3]. Несмотря на интенсивное исследование, гены, продукты которых задействованы в регуляции синтеза феназинов, изучены не до конца. Это затрудняет направленное получение высокоэффективных продуцентов данных соединений.

Целью данного исследования являлся геномный анализ и молекулярно-генетическая характеристика ранее полученного в ходе химического мутагенеза мутантного штамма *P. chlororaphis* В-162/2, способного к сверхпродукции феназинов, для идентификации генов-кандидатов, продукты которых обеспечили способность к сверхсинтезу.

В контексте исследования производилось полногеномное секвенирование и аннотация генома изучаемого штамма. В ходе аннотации с было выявлено 6482 белок-кодирующие последовательности и 64 последовательности, кодирующие РНК. После сравнении последовательности генома мутантного штамма с геномом ранее секвенированного штамма дикого типа В-162, было выявлено 39 мутаций, 5 из которых локализованы в межгенных областях, а 34 - в кодирующих последовательностях. Из обнаруженных мутаций 14 приводят к радикальным заменам аминокислот в молекуле белка. Было выявлено несколько замен с высоким коэффициентом Grantham, что указывает на потенциальную значимость замен и их возможность кардинально повлиять на свойства кодируемого данным геном белка.

Одними из наиболее интересных являются мутации, приводящие к формированию преждевременных стоп-кодонов. Таких в данном исследовании было обнаружено 2: в гене сенсорной киназы/трансдуктора ответа и транспортера MFS-типа. Примечательно, что в последовательности мутантного гена сенсорной киназы на некотором расстоянии от образовавшегося стоп-кодона выявлена потенциальная стартовая последовательность (Рис. 1, А). Таким образом, данная область у мутанта может предположительно кодировать два белковых продукта (размером 124 ак и 543 ак), обладающих новыми свойствами.

В белке-транспортере MFS-типа, где у мутантного штамма формируется стоп-кодон, происходит укорочение белкового продукта на 37 аминокислот (Рис. 1, Б).

Источники и литература

- 1) Веремеенко Е. Г. Получение, характеристика и применение продуцентов феназиновых антибиотиков бактерий *Pseudomonas aurantiaca*: дисс. канд. биол. – С. 23.
- 2) Логинов, О. Н. Бактерии *Pseudomonas* и *Azotobacter* как объекты сельскохозяйственной биотехнологии / О. Н. Логинов. – Москва : Наука (Уфа: ДизайнПолиграфСервис), 2005. С. 164.

- 3) Феклистова, И.Н. Бактерии *Pseudomonas aurantiaca* В-162 как основа биопрепарата для защиты растений / И.Н. Феклистова, Н.П. Максимова // Земляробства і ахова раслін. 2006. С. 42.
- 4) Rethinking «secondary» metabolism: physiological roles for phenazine antibiotics. / A. Price-Whelan [et al.] // Nat. Chem. Biol. 2006. Vol. 2, No 2. P. 71–78.

Иллюстрации

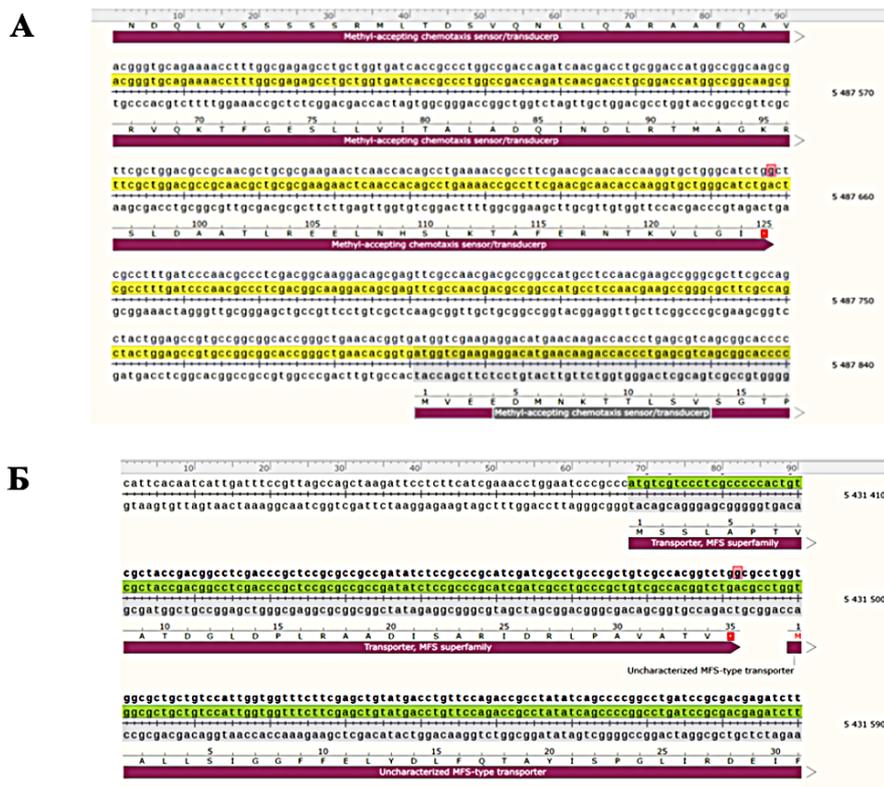


Рис. : Структура геномной области гена, кодирующей сенсорную киназу (А) и транспортера MFS-типа (Б).