

Анализ регуляторных генов в геноме бактерий-деструкторов углеводов *Rhodococcus pyridinivorans* 5Ap

Научный руководитель – Мандрик Мария Ивановна

Ларченко Алина Юрьевна

Студент (магистр)

Белорусский государственный университет, Биологический факультет, Кафедра
микробиологии, Минск, Беларусь
E-mail: larch.alina@gmail.com

Бактерии *Rhodococcus pyridinivorans* 5Ap являются деструкторами широкого круга углеводов (фенола, о-ксилола, нафталина, гексадекана и др.). Способность расти на различных токсичных субстратах определяется наличием разнообразных систем биодegradации и устойчивости к стрессовым воздействиям, что предполагает присутствие в геноме многочисленных регуляторных детерминант. Целью работы являлся поиск и анализ регуляторных генов в геноме бактерий *R. pyridinivorans* 5Ap.

Геном бактерий *R. pyridinivorans* 5Ap включает: хромосому размером 5 220 735 п.н. (№ в ГенБанке CP063450); плазмиду биодegradации нафталина pNAPH размером 207 816 п.н. (№ в ГенБанке CP063451); плазмиду биосинтеза сидерофоров pSID размером 250 412 п.н. (№ в ГенБанке CP063453); плазмиду устойчивости к различным неблагоприятным факторам внешней среды pRh5Ap-243 размером 243 239 п.н. (№ в ГенБанке CP063452.1).

С помощью программы SigmaID [1] в хромосоме выявлено 347 генов транскрипционных регуляторов, относящихся к семействам TetR/AcrR, TetR, MarR, MerR, Rrf2, ROK, LysR, GntR, WhiB, Crp/Fnr, LacI, IclR, AraC, LuxR, FmdB, PucR, FadR, Lrp/AsnC, YebC/PmpR, YafY, PadR, BlaI/MecI/CopY, PhoU.

На плазмиде pNAPH выявлено 212 открытых рамок считывания (ОРС), из которых 27 кодируют транскрипционные регуляторы, преимущественно относящихся к семействам GntR, LysR и ArsR.

На плазмиде pSID было выявлено 269 ОРС, среди которых только четыре кодируют транскрипционные регуляторы, относящиеся к семействам ArsR/SmtB, ArsR и WhiB.

На плазмиде pRh5Ap-243 из 232 ОРС 21 кодируют транскрипционные регуляторы: по три регулятора, относящихся к семействам - ArsR и BlaI; по два регулятора, относящихся к семействам - AcrR, CopY, MecI, TetR, и ДНК-связывающий регулятор ответа OmpR; по одному регулятору семейств MerR, StmB, XRE, DtxR.

Таким образом, в геноме *R. pyridinivorans* 5Ap выявлено около 400 генов, кодирующих транскрипционные факторы различных семейств. Гены биодegradации могут находиться под контролем транскрипционных факторов, относящихся к семействам GntR, XylR, LysR, IclR, TetR. Гены регуляторов относительно контролируемых оперонов могут локализоваться как выше, так и ниже, и транскрибироваться в том же или в противоположном направлении.

Работа выполнена при поддержке Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований и Министерства образования Республики Беларусь (грант Б22МВ-029), а также в рамках задания 3.6.2 ГПНИ «Биотехнологии».

Автор выражает благодарность научному руководителю - Мандрик М.И., к.б.н., доценту, и научному консультанту - Николайчику Е.А., к.б.н., доценту, за помощь при проведении исследования.

Источники и литература

- 1) Nikolaichik Y, Damienikan AU. (2016) Sigmoid: a user-friendly tool for improving bacterial genome annotation through analysis of transcription control signals. PeerJ 4:e2056. DOI: /10.7717/peerj.2056.