

Гены аппарата подвижности у *Paenibacillus* как маркеры для филогенетического анализа

Рудина Юлия Владиславовна

Студент (бакалавр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биотехнологический факультет, Москва, Россия

E-mail: Alice-43@yandex.ru

Для определения систематического положения микроорганизмов часто используются генетические маркеры, наиболее распространенный из которых — ген 16S рРНК. Однако известно, что разрешающая способность в определении микроорганизма до уровня вида у данного гена не всегда достаточна. Поэтому остается актуальным поиск новых генетических маркеров для филогении. В представляемой работе проверена пригодность последовательностей генов, связанных со жгутиковой подвижностью, для филогенетического анализа у бактерий рода *Paenibacillus*.

Геномы штаммов рода *Paenibacillus* получали из базы данных NCBI; также в анализе использовали сборку генома бактерии рода *Paenibacillus sp*, ранее выделенной из кишечника ископаемого *Bison priscus*. Сервер RAST [5] использовали для аннотирования геномов. Предсказание пространственной структуры выбранных белков по полученным аминокислотным последовательностям проводили с помощью AlphaFold [1]. Аминокислотные последовательности белков выравнивали алгоритмом T-Coffee [2], на результирующее выравнивание накладывали пространственную структуру при помощи ESPrint [3]. На основании полных нуклеотидных последовательностей генов и их фрагментов, отобранных по данным выравниваний, строили филогенетические деревья методом максимального правдоподобия в программе MEGA 11 [4]. Полученные результаты сравнивали с филогенетическими деревьями для генов 16S рРНК и некоторых белков «домашнего хозяйства», построенных тем же методом.

Установлено, что для филогенетических деревьев некоторых генов белков аппарата подвижности (groD, FlhM и др.) и их фрагментов наблюдается сходство с деревьями, построенными на основе генов, выбранных для сравнения (16S рРНК, MutL и др.). Ген белка GroD демонстрирует один из лучших результатов. Однако, для большинства генов и их фрагментов отмечена низкая сходимость результатов между разными генами аппарата подвижности *Paenibacillus*. Из полученных результатов нельзя сделать однозначный вывод о преимуществе от использования группы генов, отвечающих за подвижность и ее регуляцию при проведении филогенетического анализа.

Тем не менее, представляется целесообразным проверка исходного предположения на других микробных филогруппах.

Источники и литература

- 1) Jumper, J et al. Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold. 2021. Nature.
- 2) Notredame C., Higgins D.G. and Heringa J. T-Coffee: A Novel Method for Fast and Accurate Multiple Sequence Alignment // J. Mol. Biol. 2000, 302, 205-217. doi:10.1006/jmbi.2000.4042
- 3) Robert X., Gouet P. Deciphering key features in protein structures with the new ENDscript server // Nucl. Acids Res. 2014. 42(W1), W320-W324 - doi: 10.1093/nar/gku316

- 4) Tamura Koichiro, Glen Stecher, and Sudhir Kumar. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11. 2021. *Molecular Biology and Evolution* 38:3022-3027
- 5) Rapid Annotation using Subsystem Technology: <https://rast.nmpdr.org/rast.cgi>