

Изучение патогенности *Janthinobacterium lividum* по отношению к пресноводным губкам Байкала

Красавина Дарья Александровна

Студент (магистр)

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

E-mail: dasha.krasavina2012@yandex.ru

Актуальной экологической проблемой биологического сообщества озера Байкал является массовое вымирание эндемичных пресноводных губок *Lubomirskia baicalensis*. Первые признаки болезни были обнаружены в 2011 году, с 2015 года ведутся исследования по поиску причины гибели байкальских губок [1].

Была сформулирована гипотеза, что причиной заболевания могут быть несколько видов бактерий, в частности *Janthinobacterium* sp.. Для подтверждения патогенности штамма в соответствии с постулатами Коха *Janthinobacterium* sp. (образец SLB01) была выделена из больной губки и выведена в чистую культуру, после чего культуру клеток губок (примморф) заразили этим штаммом в двух повторностях и повторно выделили (образцы PLB02, PLB04). Было проведено секвенирование на платформе MiSeq Illumina геномов всех трёх образцов. Биоинформатическое исследование полученных данных направлено на сборку и характеризацию геномов, поиск функциональных отличий геномов, что представляет интерес для понимания эволюции данного вида бактерий.

Покрытие геномов *Janthinobacterium* sp. SLB01, PLB02, PLB04 составляет 60x, 60x, 200x соответственно (Jellyfish v2.2.10). Необработанные чтения были качественно оценены FastQC v0.11.9 и отфильтрованы по качеству при помощи TrimmomaticPE v0.39. Геномы исследуемых образцов были собраны с помощью SPAdes v3.15.5. Аннотацию геномов выполняли с использованием Prokka v1.14.6. Оценка качества сборки проводилась с помощью Quast v5.2.0. Для исследуемых образцов показатель L50 составляет 4, 7, 6; N50 - 610, 356, 356 т.п.н. соответственно. Оценка качества по присутствию в сборке высоко консервативных генов проведено BUSCO v5.4.4 и примерно равно 98,8%, с помощью BUSCO Phylogenetics было построено филогенетическое дерево для всех доступных видов рода *Janthinobacterium*. По результатам филогенетического анализа *Janthinobacterium lividum* является ближайшим родственником исследуемых образцов. При сравнительном анализе образцов были обнаружены уникальные регионы геномов, специфичные только для одного из штаммов. Они были изолированы при помощи Bedtools v2.30.0 и проаннотированы (Prokka v1.14.6, EggNOG v5.0.2 с использованием библиотеки PFAMs).

При сравнении геномов было обнаружено, что геном бактерии, выделенной из больной губки (*Janthinobacterium* sp. SLB01) содержит 71 последовательность, не встречающиеся в геномах бактерии реизолата из примморф (*Janthinobacterium* sp. PLB02, PLB04) Было сделано предположение, что эти делетированные участки, не участвуют в процессе заражения губки или не являются эволюционно значимыми при дальнейшей жизни в примморфах. При обратном анализе было найдено 47 уникальных последовательностей, свойственных только реизолату, что свидетельствует об активной эволюции данного вида и приобретении им новых функций при паразитировании.

Источники и литература

- 1) Belikov S.I., Ivan S., Petrushin I.S., Chernogor L.I. Genome Analysis of the *Janthinobacterium* sp. Strain SLB01 from the Diseased Sponge of the *Lubomirskia baicalensis* // Curr. Issues Mol. Biol., 43. 2021. p. 2220–2237.