

## **Bacillus species D6: филогенез, аннотация генома, анализ систем рестрикции-модификации**

**Научный руководитель – Алексеевский Андрей Владимирович**

**Боровикова Ирина Ивановна**

*Студент (специалист)*

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

*E-mail: dartharlass@gmail.com*

**Введение:** Эндонуклеазы рестрикции (ЭР) - широко используемый в биотехнологии и молекулярной биологии класс ферментов, узнающих в молекуле ДНК короткую последовательность нуклеотидов, гидролизующих ДНК внутри или на некотором расстоянии от участка узнавания. Никующие эндонуклеазы (НЭ) - подкласс ЭР, характеризующийся тем, что НЭ вносят разрыв (ник) только в одну цепь ДНК. Практически все известные НЭ были выделены из бактерий рода *Bacillus*. В связи с этим было высказано предположение, что никующие эндонуклеазы не только входят в состав гетеродимерных ЭР - компонентов системы рестрикции-модификации (Р-М), но могут быть вовлечены и в функционирование систем репарации и рекомбинации, также характеризующихся внесением в ДНК одноцепочечных разрывов.

Выяснение роли никующих эндонуклеаз в жизнедеятельности клеток позволит приблизиться к пониманию процессов адаптации представителей рода *Bacillus* к изменениям факторов внешней среды и даст новый импульс для практического использования этих уникальных ферментов.

**Цели:** Основная цель данной работы - определение систематического положения бактерии *Bacillus species D6* и характеристика ее систем рестрикции-модификации.

**Материал и методы:** Объектом исследования являлась бактерия *Bacillus species D6*, обнаруженная в Сахаре. Ее геном был секвенирован на уровне сборки скаффолдов, проведена программная аннотация. С помощью программ BLASTN, TBLASTN выполнен поиск наиболее похожей последовательности 16S рРНК, проведена аннотация избранных белков системы Р-М. Анализ скаффолдов выполнен с помощью программы NPGE-explorer.

**Результаты:** По сходству 16S рРНК ближайшим к рассматриваемой бактерии штаммом является *Aeribacillus pallidus* КСТС3564. Сходство последовательностей на гомологичном участке длиной 1092 нуклеотида составляет 100%.

Принадлежность *B. species D6* к виду *A. pallidus* подтверждается тем фактом, что новый геном покрывает 81% генома *Aeribacillus pallidus* КСТС3564. Суммарная длина уникальных последовательностей *B. species D6* составляет 9685 нуклеотидных пар (н.п.) при общей длине генома равной 3849922 н.п.

Построено филогенетическое дерево, включающее *Bacillus species D6* и родственные организмы семейства Bacillaceae.

Показано, что в данной бактерии присутствуют никующая эндонуклеаза VspD6I и сайт-специфичная ДНК (аденин-N6)-метилтрансфераза DAM.

**Выводы:** Бактерия *Bacillus species D6* принадлежит к виду *Aeribacillus pallidus*, что подтверждает выравнивание 16S рРНК, полногеномное выравнивание последовательностей и

сравнение систем Р-М.

Автор выражает благодарность научным руководителям Алексеевскому Андрею Владимировичу (МГУ имени М.В. Ломоносова, Научно-исследовательский институт физико-химической биологии имени А.Н.Белозерского, Отдел математических методов в биологии, ведущий научный сотрудник) и Кубаревой Елене Александровне (МГУ имени М.В. Ломоносова, Научно-исследовательский институт физико-химической биологии имени А.Н.Белозерского, Отдел химии нуклеиновых кислот, главный научный сотрудник).

Работа проведена при поддержке гранта РФФИ (№ 18-74-00049).