

ГЕНОМНЫЕ ОСТРОВА СИМБИОТИЧЕСКИХ АЗОТФИКСИРУЮЩИХ БАКТЕРИЙ РОДА SINORHIZOBIIUM

М.Е. Черкасова, В.С. Мунтян, А.С. Саксаганская, Б.В. Симаров, М.Л. Румянцева

Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

Геномные острова (ГО) – протяженные интегративные генетические элементы, обладающие потенциальной мобильностью и широко распространенные в геномах бактерий. Функции ГО зависят от функций генов, входящих в их состав, например: острова патогенности (гены вирулентности), антибиотикоустойчивости (гены устойчивости к антибиотикам), экологические (метаболические гены), симбиотические острова (гены, участвующие в процессах симбиоза) [1]. Показано, что штаммы одного вида могут значительно различаться по наличию ГО и их количеству, а также могут одновременно содержать несколько ГО разных типов [2, 3].

Sinorhizobium medicae – симбиотические азотфиксирующие клубеньковые бактерии таксономически родственные *S. meliloti*, но образующие эффективный симбиоз преимущественно с однолетними видами люцерны. Геномы *S. medicae* и *S. meliloti* обладают сходной организацией и состоят из трех основных репликонов: хромосома размером около 3.7 млн. п.н. и две мегаплазмиды, размеры которых варьируют от 1.2 до 1.7 млн. п.н. В хромосомах модельных штаммов *S. medicae* WSM419 (RefSeq: NC_009636.1) и *S. meliloti* Rm1021 (RefSeq: NC_003047.1) были выявлены ГО, функции которых не известны. В геноме первого штамма присутствует два ГО: *Sme4.42S* и *Sme4.51K*, а в геноме второго штамма – три ГО: *Sme21T*, *Sme19T* и *Sme80S*, протяженность которых составляет от 19 до 80 т. п.н. Каждый из этих островов сайт-специфически встроен в определенный ген тРНК.

В данной работе впервые проанализирована встречаемость двух ГО *S. medicae* WSM419 и трёх ГО штамма родственного вида *S. meliloti* Rm1021 у 23 штаммов *S. medicae*, геномы которых депонированы в базе данных GenBank. Поиск геномных островов проводили согласно алгоритму ISLANDER [4]. На основе полученных данных созданы системы пар праймеров для ПЦР-детекции ГО у природных штаммов *S. medicae*, представленных 29-ю природными изолятами, выделенными из центров разнообразия люцерн, расположенных на Кавказе и в северной части Казахстана.

В результате, в геномах проанализированных природных штаммов с наибольшей частотой (0.70) был выявлен ГО *Sme4.51K* штамма *S. medicae* WSM419. Частота встречаемости второго ГО *Sme4.42S* штамма WSM419 была в два раза ниже. Также в геномах природных штаммов *S. medicae* проведен поиск ГО, описанных для Rm1021. Установлено, что два ГО, *Sme21T* и *Sme19T*, встречались в среднем с частотой 0.34, тогда как третий ГО *Sme80S* в геномах проанализированных штаммов *S. medicae* отсутствовал.

Таким образом, показано, что штаммы видов *S. meliloti* и *S. medicae* достоверно различались по наличию и количеству геномных островов ($P = 7.8 \times 10^{-3}$). Выявлены ГО уникальные для каждого из двух близкородственных видов ризобий, а также ГО общие для рассматриваемых видов, т. е., имевшие идентичные сайты встраивания ГО или «горячие точки» рекомбинации. Высказано предположение, что по указанным сайтам происходит горизонтальный перенос генов внутри вида или между видами, соответственно.

Работа выполнена при поддержке РФФИ 17-16-01095 (анализ геномов S. meliloti на наличие геномных островов в сайтах, описанных для S. medicae WSM419) и РФФИ 18-04-01278 а.

ЛИТЕРАТУРА

- Juhas et al. 2009. FEMS Microbiol Rev 33, pp. 376-393. doi: 10.1111/j. 1574-6976.2008.00136.x
Мунтян и др. 2016. Генетика. 52(10) : 1126–1133. doi: 10.7868/S0016675816080105
Dobrindt et al. 2004. Nat. Rev. Microbiol. 2(5) : 414-424. doi: 10.1038/nrmicro884
Hudson et al. 2015. Nucleic Acids Res. 43 (Database issue): D48-53. doi: 10.1093/nar/gku1072