



СЕКВЕНИРОВАНИЕ ПОЛНОГО ГЕНОМА АЛКАЛО- И ГАЛОТОЛЕРАНТНОГО ШТАММА НИТРИТОФИЛЬНОЙ БАКТЕРИИ *HALOMONAS SP. G4*.

Матниязов Р.Т.¹, Ахунов Э.Д.², Малеев Г.В.³, Гильванова Е.А.⁴, Усанов Н.Г.⁴, Усанов Н.Н.⁵, Щелчкова Е.А.⁴, Бикбулатова С.М.¹, Чемерис Д.А.¹, Чемерис А.В.¹, Никоноров Ю.М.¹

¹ Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт биохимии и генетики Уфимского научного центра РАН, Уфа, Россия; ² Университет штата Канзас, Манхэттен, США; ³ НП «Орхимед», Москва, Россия; ⁴ Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт биологии Уфимского научного центра РАН, Уфа, Россия; ⁵ Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт молекулярной биологии им. В.А.Энгельгардта РАН, Москва, Россия

Резюме

Осуществлено секвенирование генома бактерии *Halomonas* штамма G4, выделенного из придонных осадков содового озера в Бурятии. Проведены его параметрический анализ и сравнение с типовым штаммом *H. elongata*.

Ключевые слова: полногеномное секвенирование, *Halomonas*.

Проведено секвенирование полного генома бактерии, относящейся к облигатно аэробным гамма-протеобактериям (*Gammaproteobacteria*) из порядка *Oceanospirillales*, семейства *Halomonadaceae*, рода *Halomonas*, выделенного из придонного осадка содового озера Бурятии штамма G4. В результате пиросеквенирования на приборе модели 454 Roche Genome Sequencer FLX (Roche, США) образовался 81 контиг (секвенированные участки, объединенные в общую протяженную последовательность), в том числе с размерами от 621997 нуклеотидов до 104810, с размерами от 97323 нуклеотидов до 12222 нуклеотидов – 19, с размерами от 7656 нуклеотидов до 1018 нуклеотидов – 17 и 31 контиг с короткими последовательностями от 886 до 101 нуклеотида. GC-состав секвенированных участков ДНК генома *Halomonas sp. G4* оказался весьма высоким и составил около 63,5%. Попытки сборки чернового генома бактерии *Halomonas sp. G4* в одну хромосому размером более 4,3 миллиона пар нуклеотидов показали наличие пробелов, что позволяет предполагать более сложную его организацию, связанную с наличием эписомов достаточно крупного размера.

Для секвенированных участков генома бактерии *Halomonas sp. G4* нами проведен многопараметрический анализ, выявивший свыше

3,5 тысяч открытых рамок считывания, кодирующих белки, а также около 150 генов, кодирующих нематричные РНК (различные тРНК и рРНК). Ранее секвенированный геном *Halomonas elongata* имеет несколько меньший размер, лишь незначительно превышающий 4 миллиона пар нуклеотидов – 4060 тыс. пар нуклеотидов и соответственно меньшее число открытых рамок считывания, тогда как GC-состав у двух этих штаммов практически одинаков [Schwibbert et al., 2010]. Сравнение генов 16S рРНК штамма *Halomonas sp. G4* и *H. elongata* показало наличие 95% сходства их нуклеотидных последовательностей. Большая часть имеющихся различий связана с транзциями типа G на A и C на T. При этом *H. elongata* является фактически типовым штаммом рода и не относится к экстремофилам, к каковым можно отнести секвенированный нами штамм *Halomonas sp. G4*, который способен расти при высокой концентрации нитрита натрия (до 3-5%), являющегося высоко токсичным для подавляющего большинства бактерий.

Следует отметить, что в последние годы наблюдается резкое усиление темпов полногеномного секвенирования представителей рода *Halomonas*, которые являются перспективными для использования в микробиологической промышленности [2, 3, 4, 5]. Сравнение геномов

этих организмов с секвенированным нами штаммом позволит оценить коллинеарность их геномов и обнаружить тонкие различия, определяющие отличия на уровне метаболомов.

Исследования по секвенированию генома бактерии *Halomonas* sp. штамма G4 поддержаны грантом РФФИ 11-04-97068-р_поволжье_а.

Литература

1. Schwibbert K., Marin-Sanguino A., Bagyan I., Hei-drich G., Lentzen G., Seitz H., Rampp M., Schuster S.C., Klenk H.P., Pfeiffer F., Oesterhelt D., Kunte H.J. A blueprint of ectoine metabolism from the genome of the industrial producer *Halomonas elongata* DSM 2581T // *Environ. Microbiol.* 2010. V.13. P.1973-1994.
2. Copeland A., O'Connor K., Lucas S., Lapidus A., Berry K.W., Detter J.C., Glavina Del Rio T., Hammon N., Dalin E., Tice H., Pitluck S., Bruce D., Goodwin L., Han C., Tapia R., Saunders E., Schmutz J., Brettin T., Larimer F., Land M., Hauser L., Vargas C., Nieto J.J., Kyrpides N.C., Ivanova N., Göker M., Klenk H-P., Csonka L.N., Woyke T. Complete genome sequence of the halophilic and highly halotolerant *Chromohalobacter salexigens* type strain (1H11^T) // *Stand Genomic Sci.* 2011. V.5. P.379–388.
3. Kawata Y., Kawasaki K., Shigeri Y. Draft genome sequence of *Halomonas* sp. strain KM-1, a moderately halophilic bacterium that produces the bioplastic poly(3-hydroxybutyrate) // *J. Bacteriol.* 2012. V.194. P.2738–2739.
4. Phung L.T., Silver S., Trimble W.L., Gilbert J.A. Draft genome of *Halomonas* species strain GFAJ-1 (ATCC BAA-2256) // *J. Bacteriol.* 2012. V.194. P.1835–1836.
5. Lin Y., Fan H., Hao X., Johnstone L., Hu Y., Wei G., Alwathnani H.A., Wang G., Rensing C. Draft genome sequence of *Halomonas* sp. strain HAL1, a moderately halophilic arsenite-oxidizing bacterium isolated from gold-mine soil. *J. Bacteriol.* 2012. V.194. P.199–200.

SEQUENCING OF THE WHOLE GENOME OF ALCALO- AND HALOTOLERANT STRAIN OF NITRITOPHILIC BACTERIA HALOMONAS SP. G4

R.T. Matnijazov, E.D. Akhunov, G.V. Maleev, E.A. Gilvanova, N.G. Usanov, N.N. Usanov, E.A. Shcheltchkova, S.M. Bikbulatova, D.A. Chemeris, A.V. Chemeris, Yu.M. Nikonorov

Abstract

We completed the whole genome sequencing of bacteria *Halomonas* strain G4, isolated from bottom sediments of soda lake in Buryatia. Parametric analysis and comparing with reference strain *H. elongata* has been conducted.

Key words: whole genomic sequencing, *Halomonas*.