

## ОБЗОР КОДИРУЮЩИХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ В ГЕНОМЕ БАКТЕРИИ *Bacteroides fragilis* NCTC 9343

ЕКАТЕРИНА ТУЛАЕВА

Московский Государственный Университет им. М. В. Ломоносова,  
Факультет биоинженерии и биоинформатики  
ГСП-1, Ленинские горы, д. 1, стр. 73, Москва, Россия, 119991  
tirena@fbb.msu.ru

В данной работе я исследовала некоторые характеристики протеома и генома данной бактерии, такие как распределение белков по длинам и по функциям, распределение генов по прямой и обратной цепям, и выявила некоторые закономерности.

*Ключевые слова:* *Bacteroides fragilis*; геном.

### 1. Введение

*Bacteroides fragilis* – облигатно анаэробная грамотрицательная бацилла, входящая в состав нормальной микрофлоры толстого кишечника человека в качестве комменсала. Хотя её доля в биомассе кишечных микроорганизмов невелика (около 0,5%), именно *B. fragilis* является основной инфекционной угрозой при повреждении целостности стенки толстого кишечника и попадании содержимого в кровь или брюшную полость.<sup>1</sup> Кроме того, некоторые штаммы выделяют токсин фрагилизин, вызывающий диарею и ведущий к повышению вероятности рака толстой кишки.<sup>2,3</sup> Всё вышесказанное позволяет охарактеризовать этот микроорганизм как условно патогенный. *Bacteroides fragilis* устойчивы к пенициллину, так как продуцируют бета-лактамазу.<sup>4</sup> Недавние исследования показали, что у штамма NCTC есть неполноценная система CRISPR-Cas типа IB (нет белков *cas3* и *cas4*, а также повреждены гены *cas1* и *cas5*).<sup>5</sup> Интерес также вызывает то, что *B. fragilis* способен производить уквитиноподобный белок, который действует как антибиотик на близкородственные виды.<sup>6</sup> Филогенетическое дерево штаммов этого вида представлено на рис. 1.

Полный геном *Bacteroides fragilis* был секвенирован в 2001 году, его размер составляет 5.2417 Mb, содержание GC пар – 43.12 процентов, содержит 4637 генов, из них 4395 кодируют белки.<sup>7</sup>

В данной работе был проведён анализ генома данной бактерии с целью выяснить, как белки распределены в геноме по длинам, по функциям, а также как кодирующие их гены распределены по прямой и обратной цепям.

что большинство белков имеют длину в диапазоне 20-820 аминокислотных остатков.

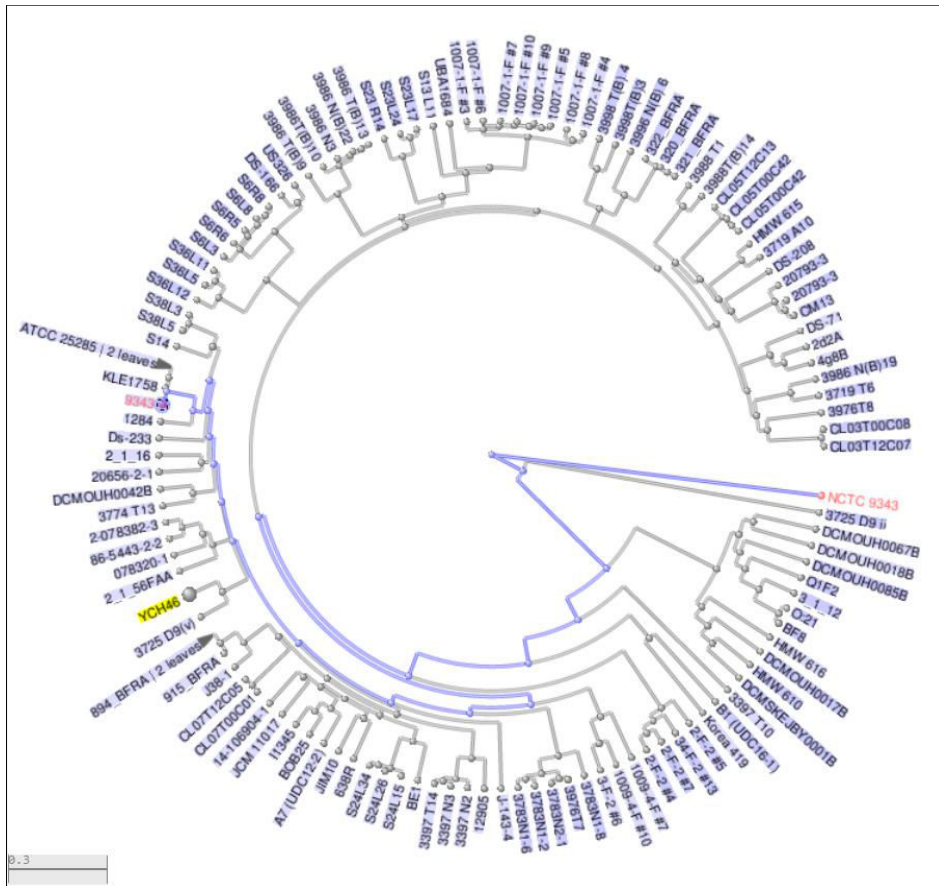


Рис. 1. Филогенетическое древо штаммов вида *Bacteroides fragilis*.

## 2. Методы

Данные о всех генах бактерии были взяты с сайта NCBI.<sup>8</sup> Для обработки полученных данных использовалась программа Microsoft Excel 2016. С помощью инструмента построения диаграмм я построила гистограмму распределения длин белков, с помощью встроенного фильтра было посчитано количество белков с различными функциями, число РНК различных видов и число псевдогенов. Для этого были использованы функции МИН(), МАКС(), МЕДИАНА(), СТАНДОТКЛОН.В(), СРЗНАЧ(). Также были посчитаны количество генов белков, РНК и псевдогенов на прямой и обратной цепях.

### 3. Результаты и Обсуждение

#### 3.1 Анализ распределения длин белков

Была построена гистограмма распределения белков по их длинам (рис. 2). Видно, что большинство белков имеют длину в диапазоне 20-820 аминокислотных остатков.



Рис. 2. Распределение количества белков по их длине (в аминокислотных остатках).

#### 3.4 Распределение кодирующих последовательностей по цепям ДНК

Результаты исследования исходных данных для всего генома исследуемой бактерии, включающего в себя кольцевую хромосому и кольцевую плазмиду, представлены в таблице 1. Видно, что количественное распределение кодирующих последовательностей по цепям ДНК случайное.

Таблица 1. Распределение кодирующих последовательностей по цепям ДНК.

Вид гена	На прямой цепи (+)	На обратной цепи (-)	Всего
Белки	2093	2143	4236
РНК	24	68	92
Псевдогены	42	30	72

### 3.3 Распределение функций кодирующих последовательностей

Результаты исследования функции кодирующих последовательностей для всего генома исследуемой бактерии, включающего в себя кольцевую хромосому и кольцевую плазмиду, представлены в таблице 2. Видно, что большая часть кодирующих последовательностей – белки (96%), тем не менее, треть из них является гипотетическими, существование которых может и не подтвердиться. Кодирующие последовательности РНК занимают всего лишь два процента генома, псевдогены около 1,5 процентов.

Таблица 2. Распределение кодирующих последовательностей по функциям.

Категория	Число генов	В процентах
<b>Белки (экспрессируемые)</b>	<b>4236</b>	<b>96,27%</b>
<i>Транспортеры</i>	208	4,73%
<i>Рибосомальные</i>	58	1,32%
<i>Гипотетические</i>	1455	33,07%
<i>Остальные</i>	2515	57,16%
<b>Псевдогены</b>	<b>72</b>	<b>1,64%</b>
<b>РНК</b>	<b>92</b>	<b>2,09%</b>
<i>рРНК</i>	19	0,43%
<i>тРНК</i>	73	1,66%
<i>Остальные</i>	0	0,00%
<b>Всего генов</b>	<b>4400</b>	<b>100,00%</b>

#### 4. Заключение

В заключение хотелось бы сказать, что *Bacteroides fragilis* сейчас довольно активно изучается как в составе микробиома толстой кишки человека, так и сама по себе. Было очень любопытно познакомиться с таким интересным объектом для исследований.

#### 5. Сопроводительные материалы

[Ссылка на файл Excel](#)

#### Благодарности

Хотелось бы поблагодарить преподавателей биоинформатики за полученные знания, стимул приобретать новые, а также за помощь и исправление возникающих ошибок.

#### Источники

1. Polk BF, Kasper DL. *Bacteroides fragilis* Subspecies in Clinical Isolates. Ann Intern Med. 1977;86:569–571. doi: 10.7326/0003-4819-86-5-569.

2. Wu S, Rhee KJ, Albesiano E, Rabizadeh S, Wu X, Yen HR, et al. A human colonic commensal promotes colon tumorigenesis via activation of T helper type 17 T cell responses. *Nat Med.* 2009;15(9):1016–22. doi: 10.1038/nm.2015.
3. Pierce JV, Bernstein HD. Genomic Diversity of Enterotoxigenic Strains of *Bacteroides fragilis*. *PLoS One.* 2016;11(6):e0158171. Published 2016 Jun 27. doi:10.1371/journal.pone.0158171
4. David R. Snyderman, Nilda V. Jacobus, Laura A. McDermott, et al.; Lessons Learned from the Anaerobe Survey: Historical Perspective and Review of the Most Recent Data (2005–2007), *Clinical Infectious Diseases*, Volume 50, Issue Supplement\_1, 1 February 2010, Pages S26–S33, doi.org/10.1086/647940
5. Tajkarimi M, Wexler HM. CRISPR-Cas Systems in *Bacteroides fragilis*, an Important Pathobiont in the Human Gut Microbiome. *Front Microbiol.* 2017;8:2234. Published 2017 Nov 23. doi:10.3389/fmicb.2017.02234
6. Chatzidaki-Livanis, Maria et al. “Gut Symbiont *Bacteroides fragilis* Secretes a Eukaryotic-Like Ubiquitin Protein That Mediates Intraspecies Antagonism” *mBio* vol. 8,6 e01902-17. 28 Nov. 2017, doi:10.1128/mBio.01902-17
7. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/genomes/414>
8. [ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/all/GCA/000/025/985/GCA\\_000025985.1\\_ASM2598v1/](ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/all/GCA/000/025/985/GCA_000025985.1_ASM2598v1/)