

Реконструкция метаболизма хитина у галофильных архей на основании данных геномного анализа**Научный руководитель – Ельченинов Александр Геннадьевич****Туленков Адольф Сергеевич**

Аспирант

Московский физико-технический институт, Москва, Россия

E-mail: tulenkov.as@phystech.edu

Галофильные микроорганизмы населяют как природные, так и антропогенные экосистемы, например: гиперсоленые озера, солончаки, марши и солеварни. Несмотря на то, что во многих из этих мест обитания концентрации соли достигают значений насыщения, в них развиваются богатые сообщества, для которых одним из основных источников органики служит хитин. К настоящему времени метаболизм этого соединения хорошо изучен для бактерий [3], при этом среди представителей домена *Archaea* путь метаболизма хитина реконструирован лишь на одном гипертермофильном организме [2]. В то же время в группе галоархей выделен ряд микроорганизмов, способных расти на этом субстрате, используя его как источник углерода и энергии [1], однако пути утилизации хитина у этих архей все еще остаются загадкой.

Из 888 геномов галоархей класса *Halobacteria* были выбраны 86 геномных сборок потенциальных хитинолитиков на основании присутствия генов хитиназ, N-ацетил-гексозаминидаз и деацетилаз, активных против хитина.

Основываясь на данных геномного анализа представителей рода *Natrarchaeobius* (растут на хитине) и данных из литературы (*Shewanella oneidensis*, *Thermococcus kodakarensis*, “*Ca. Nanohalobium constans*”) нами были выбраны ключевые гены для нескольких путей метаболизма мономера хитина — N-ацетил-глюкозамина. На полученной ранее выборке геномов был выполнен поиск данных генов.

Полученные результаты указывают на то, что путь, реконструированный на основании *Natrarchaeobius* (растут на хитине), распространен среди большей части галоархей, по крайней мере так можно сказать об его ключевом ферменте — аммонийлиазе. Интересно отметить, что в нескольких геномных сборках были предсказаны гомологи дезаминазы из *T. kodakaraensis*, однако это может быть нефункциональный ген, полученный в ходе горизонтального переноса. Помимо всего прочего, в большей части геномных сборок, присутствуют гомологи аммонийтрансферз, которые, потенциально, могут дезаминировать глюкозамин-6-фосфат с формированием фруктозо-6-фосфата. Однако, несмотря на то, что *in silico* тот или иной вариант метаболического пути может быть собран, его реакции требуют дальнейшего анализа, в том числе проверки биохимическими методами.

Источники и литература

- 1) Sorokin D. Y. et al. Halo(natrono)archaea isolated from hypersaline lakes utilize cellulose and chitin as growth substrates // Front. Microbiol. 2015. Vol. 6.
- 2) Tanaka T. et al. Concerted action of diacetylchitobiose deacetylase and exo- β -d-glucosaminidase in a novel chitinolytic pathway in the hyperthermophilic archaeon *Thermococcus kodakaraensis* kod1 // Journal of Biological Chemistry. 2004. Vol. 279. № 29. P. 30021–30027.
- 3) Yang C. et al. Comparative genomics and experimental characterization of n-acetylglucosamine utilization pathway of *Shewanella oneidensis* // Journal of Biological Chemistry. 2006. № 40 (281). P. 29872–29885.