

УДК 57.084.5:57.081.2:57.087.23

Сенная палочка как модельный объект в биологии

Колодяжный Е.И.

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования

«Волгоградский государственный медицинский университет»

Министерства здравоохранения Российской Федерации

направление подготовки «Биология»

Волгоград, Россия

Bacillus subtilis as a model object in biology

Kolodyazhnyy E.I.

Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education

"Volgograd State Medical University"

Of the Ministry of Healthcare of the Russian Federation

Direction of preparation "Biology"

Volgograd, Russia

Bacillus subtilis - наиболее изученный модельный организм грамположительной линии. Он естественным образом трансформируется и обладает чрезвычайно мощным генетическим набором инструментов. Он быстро растет и его легко выращивать. Это важный промышленный организм, способный секретировать белки и производить мелкие химические вещества тонкого помола, а также действовать как стимулятор роста растений. Является важной модельная система для изучения биопленок. Наконец, он производит эндоспоры, которые обеспечили исключительно плодотворную систему для изучения различных центральных проблем клеточного развития, включая генерацию асимметрии и морфогенез.

B. subtilis - это быстрорастущие грамположительные аэробные бактерии с палочковидными клетками, длина которых обычно составляет 2–6 мкм, а диаметр чуть менее 1 мкм. Оптимальная температура роста составляет около 30–35 С, что дает время удвоения всего за 20 минут. В некоторых условиях роста клетки имеют тенденцию образовывать длинные цепочки, соединенные нерасщепленным материалом стенки перегородки. В условиях голодания клетки могут подвергаться процессу клеточной дифференцировки комплекса-2, ведущему к образованию эндоспор, которые высвобождаются в результате лизиса окружающей материнской клетки. Вегетативные

клетки могут быть подвижными или же они могут образовывать биопленки и «плодовые тела», содержащие споры.

Широко изученный штамм *B. subtilis* 168 представляет собой ауксотроф по триптофану, выделенный в 1950-х годах. Это была одна из первых бактерий, геном которой был полностью секвенирован, и в ней была обнаружена хромосома размером 4,2 Мб с примерно 4100 генами [1]. Геном *B. subtilis* остается одним из наиболее аннотированных благодаря серии обновлений, последнее из которых было сделано в [2]. Обширная база данных «SubtiWiki» обеспечивает надежный и удобный интерфейс для получения последних данных. База данных включает чрезвычайно обширный набор данных, перечисляющих единицы транскрипции, промоторы и регуляторные РНК из работы Nicolas et al [3]. Полные списки основных генов были получены в результате серии глобальных проектов, последний из которых выявил 257 генов, необходимых для роста LB при 37 ° C [4]. Анализ полных последовательностей генома 36 различных изолятов *B. subtilis* выявил «пангеном» (общий набор генов) из примерно 6250 генов и «основной геном» (консервативный набор генов) из примерно 2500 генов. Известные классы генов включают около 300 генов, необходимых для образования эндоспор, и множественные профаги или остатки фагов. Выводы из обзора содержания генов согласуются с представлением о том, что *B. subtilis* адаптирован для жизни на растениях или в ризосфере.

B. subtilis имеет долгую историю и впервые был описан в XIX веке. Происхождение стандартного лабораторного штамма 168 плохо задокументировано, но его место в анналах генетики было закреплено экспериментами в конце 1950-х годов, показавшими, что он естественным образом трансформируется с помощью линейной ДНК. *B. subtilis* возникла в качестве предпочтительного грамположительного модельного организма в основном потому, что образование эндоспор стало популярным как удивительно податливая система для изучения фундаментальных аспектов клеточного развития и дифференцировки. Такие процессы, как решение инициировать споруляцию, асимметричное деление клеток, определение клеточной судьбы и клеточный морфогенез, были детально проработаны на молекулярном уровне в то время, когда было очень трудно проанализировать эти процессы у высших организмов.

Основная проблема в понимании развития спор заключается в различении событий, происходящих одновременно в компартментах развивающейся преспоры и материнской клетки, которые имеют идентичные хромосомы, но очень разные профили экспрессии генов. Эта проблема привела к адаптации цифровой флуоресцентной визуализации для использования на бактериях, что в то время было основным фактором, открывшим современную область биологии бактериальных клеток. Позже эти методы были применены ко многим другим важным проблемам, особенно к центральным процессам бактериальных клеток: клеточному делению, сегрегации хромосом, росту и морфогенезу клеток. Прогресс в понимании этих процессов сейчас идет почти параллельно между *B. subtilis* и его грамотрицательным компаратором, *Escherichia coli*. Генетика и методы клеточной биологии также сделали организм популярным для более общих исследований физиологии и биохимии клетки, а также альтернативных морфогенных процессов, таких как образование биопленок.

Другой важный фактор, вызывающий интерес к *B. subtilis*, основан на его важности как промышленного организма, в основном благодаря его потрясающей способности секретировать различные важные гидролитические ферменты непосредственно в культуральную среду, а также как продуцент химических веществ тонкого помола, таких

как рибофлавин. Как упоминалось выше, *B. subtilis* По-видимому, он приспособлен к жизни вместе с растениями, либо в качестве эпифита, либо в ризосфере, и исторически он обычно был изолирован от разлагающегося растительного вещества, такого как сено. Адаптация к этой экологической нише может помочь объяснить третье важное промышленное использование *B. subtilis* в качестве стимулятора роста растений за счет производства специализированных метаболитов, исключения из ниши патогенов и других, вероятно, различных других факторов.

Список использованной литературы:

1. **Kunst F, Ogasawara N, Moszer I, Albertini AM, Alloni G et al.** The complete genome sequence of the Gram-positive bacterium *Bacillus subtilis*. *Nature* 1997; 390:249–256
2. **Borriss R, Danchin A, Harwood CR, Médigue C, Rocha EPC et al.** *Bacillus subtilis*, the model Gram-positive bacterium: 20 years of annotation refinement. *Microb Biotechnol* 2018; 11:3–17
3. **Nicolas P, Mäder U, Dervyn E, Rochat T, Leduc A et al.** Condition-dependent transcriptome reveals high-level regulatory architecture in *Bacillus subtilis*. *Science* 2012; 335:1103–1106
4. **Koo B-M, Kritikos G, Farelli JD, Todor H, Tong K et al.** Construction and analysis of two genome-scale deletion libraries for *Bacillus subtilis*. *Cell Syst* 2017; 4:291–305