

УДК 577.2

**БАЗА ОМИКСНЫХ ДАННЫХ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ЭВОЛЮЦИИ БАКТЕРИЙ  
НА СИСТЕМНОМ УРОВНЕ****И.А. Гаранина, Т.А. Семашко, И.О. Бутенко, Д.С. Матюшкина, О.В. Побегуц, Д.В. Евсютина,  
Г.Ю. Фисунов, В.М. Говорун***ФНЦК физико-химической медицины ФМБА России, Москва, Россия*

Молликуты – представители грамположительных бактерий, характеризуются редуцированным геномом, низким ГЦ составом и отсутствием клеточной стенки. Благодаря небольшому количеству генов и удобству культивирования Молликут в лаборатории, они стали излюбленными объектами системной биологии. Для трех наиболее изученных представителей Молликут – *Mycoplasma gallisepticum*, *Mycoplasma pneumonia* и *Mycoplasma genitalium* на данный момент получены большие объемы омиксных данных. Эти три микоплазмы близкие родственники и их сравнение не дает информации о том, как шла эволюция Молликут. Для того, чтобы изучить эволюцию Молликут на системном уровне мы получили данные для двух представителей родов *Spiroplasma* и *Acholeplasma*. Бактерии рода *Acholeplasma*, вероятно, ведут сапротрофный образ жизни, в то время как представители *Spiroplasma* паразитируют одновременно на растениях и насекомых. Сравнение этих представителей Молликут с внутриклеточными микоплазмами может пролить свет на ключевые факторы, способствующие редукции генома и поддержанию «минимального» метаболизма. Для бактерий *M. gallisepticum*, *S. melliferum* и *A. laidlawii* нами были получены и объединены – омиксные данные в специальную базу данных smdb (system biology database of mollicutes). База содержит данных о профиле экспрессии генов и белков в различных состояниях, профиле метилирования, метаболизме клетки и транскрипционной регуляции. Данные структурированы таким образом, что для каждого гена на его странице можно найти информацию о его экспрессии и представленности соответствующего белка, посмотреть функцию гена, белок-белковые взаимодействия с другими белками и найти ортологов в геномах других Молликут. Таким образом, нами была создана первая база омиксных данных нескольких бактерий, предназначенная для эволюционных исследований на уровне системной биологии. *Работа выполнена на средства из гранта РНФ № 14-24-00159.*

**Ключевые слова:** системная биология, бактерии, протеомика, транскриптомика.

**Литература**

1. Hutchison CA 3rd, Chuang RY, Noskov VN, Assad-Garcia N, Deerinck TJ, Ellisman MH, Gill J, Kannan K, Karas BJ, Ma L, Pelletier JF, Qi ZQ, Richter RA, Strychalski EA, Sun L, Suzuki Y, Tsvetanova B, Wise KS, Smith HO, Glass JI, Merryman C, Gibson DG, Venter JC. Design and synthesis of a minimal bacterial genome. *Science*. 2016 Mar 25;351(6280):aad6253.
2. Karr JR, Sanghvi JC, Macklin DN, Arora A, Covert MW. WholeCellKB: Model Organism Databases for Comprehensive Whole-Cell Models. *Nucleic Acids Research* 41, D787-D792 (2013). *Nucleic Acids Research*
3. Wodke JA, Alibés A, Cozzuto L, Hermoso A, Yus E, Lluch-Senar M, Serrano L, Roma G. MyMpn: a database for the systems biology model organism *Mycoplasma pneumoniae*. *Nucleic Acids Res*. 2015