

# НЕПАТОГЕННЫЕ ШТАММЫ *XANTHOMONAS* SP. - ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ДЛЯ АНАЛИЗА НОВЫХ МЕХАНИЗМОВ ВИРУЛЕНТНОСТИ

Э.М. Гайсина<sup>1\*</sup>, Е.И. Кырова<sup>2</sup>, А.Н. Игнатов<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Российский университет дружбы народов им. Патриса Лумумбы, г. Москва, Россия

<sup>2</sup>Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Санкт-Петербург

\*e-mail: [gaysina-em@rudn.ru](mailto:gaysina-em@rudn.ru)

## Резюме

Род *Xanthomonas* традиционно известен как таксон бактериальных патогенов широкого круга растений (Vauterin et al. 1996). Известно большое число клональных групп штаммов *Xanthomonas*, не проявляющих вирулентности к растениям, из которых они были выделены (Mafakheri et al 2022; Bansal et al 2021; Martins et al 2020). Хотя большинство исследованных штаммов принадлежат к описанным в настоящее время видам, их нельзя однозначно идентифицировать с вирулентными группами штаммов внутри этих видов. Используемый в качестве критерия патогенности тест на делецию транспортной системы третьего типа (T3SS) (Vauterin et al. 1996) не всегда коррелирует с отсутствием вирулентности (Ignatov et al, 2015). Непатогенные штаммы *Xanthomonas* явно образуют гетерогенную популяцию и могут быть использованы для поиска неканонических факторов вирулентности при помощи сравнения имеющихся геномов бактерий.

## Материалы и методы

Нами создана база данных, включающая геномы непатогенных ксантомонад и пангеном патогенных штаммов, которая используется для поиска маркерных признаков вирулентности. Чтобы выполнить пангеномный анализ *Xanthomonas*, мы классифицировали гены в 870 геномах *Xanthomonas campestris* алгоритмом PIRATE версии 1.0.4 с настройками по умолчанию и сравнили результат с ранее полученными данными в работе Agarwal et al. (2023).

## Результаты

Полученные данные мы использовали для оценки распределения каждого семейства генов среди вирулентных и авирулентных групп ксантомонад. Численные характеристики распределения генов в целом соответствовали ранее полученных в работе Agarwal et al. (2023) (Рис. 1). Характеристика генов, специфичных для непатогенных *Xanthomonas* будет способствовать повышению эффективности диагностики бактериальных болезней растений и борьбы с ними.

Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда (грант № 23–26–00168).

## Библиографический список

- Bansal K, Kaur A, Midha S, Kumar S et al (2021) *Xanthomonas sontii* sp. nov., a non-pathogenic bacterium isolated from healthy basmati rice (*Oryza sativa*) seeds from India. *Antonie van Leeuwenhoek*. 114:1935-47.
- Ignatov, A. N., Kyrova, E. I., Vinogradova, S. V., Kamionskaya et al (2015). Draft genome sequence of *Xanthomonas arboricola* strain 3004, a causal agent of bacterial disease on barley. *Genome announcements*, 3(1), e01572-14.
- Mafakheri H, Taghavi SM, Zarei S, Portier P et al (2022) *Xanthomonas bonasiae* sp. nov. and *Xanthomonas youngii* sp. nov., isolated from crown gall tissues. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* 72(6):005418.
- Martins L, Fernandes C, Blom J, Dia NC, et al (2020) *Xanthomonas euroxanthea* sp. nov., a new xanthomonad species including pathogenic and non-pathogenic strains of walnut. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 70(12):6024-31.
- Vauterin L, Yang P, Alvarez A, Takikawa Y, et al (1996) Identification of non-pathogenic *Xanthomonas* strains associated with plants. *Systematic and applied microbiology*. 19(1):96-105.
- Agarwal, V., Stubits, R., Nassrullah, Z. and Dillon, M.M., 2023. Pangenome insights into the diversification and disease specificity of worldwide *Xanthomonas* outbreaks. *Frontiers in Microbiology*, 14, p.1213261.

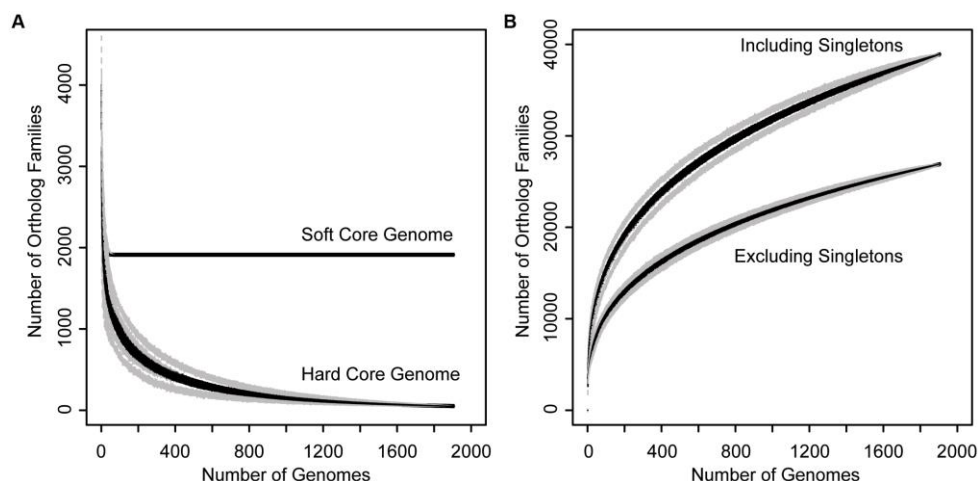


Рис. 1 Распределение генов для стержневого генома (А) и штамм-специфичного генома рода *Xanthomonas* (Agarwal et al. 2023).