

مطالعه و بررسی خصوصیات ژنتیکی، فنوتیپی و رفتاری آرکئی باکترها و یوباکترها

چکیده

دریافت: ۱۳۹۴/۰۹/۰۶ ویرایش: ۱۳۹۵/۰۳/۱۱ پذیرش: ۱۳۹۵/۰۵/۰۴ آنلاین: ۱۳۹۵/۰۵/۱۰

زمینه و هدف: ژنوم باکتری‌ها از نظر توالی بازهای نوکلئوتیدی از تنوع قابل توجهی برخوردار است. با پیشرفت علم بیوانفورماتیک امکان مقایسه ژنومی ارگانسیم‌های زنده افزایش یافته است. پژوهش کنونی با هدف مقایسه خصوصیات ژنومی با خصوصیت دیگر مانند نوع تحرک، نوع تنفس و زیستگاه باکتری در آرکئی باکترها و یوباکترها انجام شد.

روش بررسی: در این مطالعه داده‌های ژنومی ۲۸۶ گونه آرکئی باکتر و ۱۲۲ گونه یوباکتر از مرکز ملی داده‌های زیست‌فناوری جمع‌آوری شد. این تعداد شامل تمامی باکتری‌های ثبت شده در این سایت می‌باشد که از اردیبهشت تا تیر ۱۳۹۴ در تهران انجام گرفت. میانگین اندازه ژن، تعداد ژن، تعداد پروتیین و درصد C+G در دو گروه یوباکترها و آرکئی باکترها با یکدیگر مقایسه شدند. ارتباط خصوصیات ژنومی با چندین خصوصیت دیگر مانند نوع تحرک، نوع تنفس و زیستگاه باکتری مورد تحلیل و بررسی قرار گرفت.

یافته‌ها: ارتباط اندازه ژن، تعداد ژن، تعداد پروتیین و درصد C+G با خصوصیات مانند تحرک، تنفس و زیستگاه باکتری مورد بررسی قرار گرفت. بین اختلاف میانگین‌ها در دو گروه ارتباط معناداری وجود داشت ($P=0/001$). اندازه ژنوم در یوباکترها و آرکئی باکترها ارتباط معناداری با خصوصیات مانند درصد C+G، تعداد پروتیین، تعداد ژن‌ها و زیستگاه باکتری داشت ($P=0/001$). بین اندازه ژنوم و متغیرهایی مانند تعداد سودوزن‌ها، تحرک و تنفس در یوباکترها ارتباط معنادار بود ($P=0/001$) اما در آرکئی باکترها این ارتباط معنادار نبود ($P>0/05$).

نتیجه‌گیری: ژنوم باکتری‌ها در طی تکامل دچار تغییرات شده که این امر می‌تواند به کوچک شدن ژنوم و یا کسب برخی از ژن‌ها منجر گردد. این فرایند می‌تواند به کاهش تعداد پروتیین، کاهش درصد C+G و محدود ماندن زیستگاه باکتری منجر گردد.

کلمات کلیدی: یوباکتر، آرکئی باکتر، ژنوم.

حمید کاظمیان^۱

زهرا پاکباز^۱

سید مصطفی حسینی^۲

محمد رضا پورمند^{۳*}

۱- مرکز تحقیقات اورولوژی، دانشگاه علوم

پزشکی تهران، تهران، ایران.

۲- گروه میکروبی‌شناسی، دانشکده پزشکی،

دانشگاه علوم پزشکی همدان، همدان، ایران.

۳- گروه پاتوبیولوژی، دانشکده بهداشت،

دانشگاه علوم پزشکی تهران، تهران، ایران.

* نویسنده مسئول: تهران، بلوار کشاورز، خیابان قدس،
خیابان پورسینا، دانشگاه علوم پزشکی تهران، دانشکده
بهداشت، گروه پاتوبیولوژی تلفن: ۸۸۹۵۴۹۱-۰۲۱
E-mail: mpourmand@tums.ac.ir

مقدمه

گروه تقسیم‌بندی می‌شوند. ۱: سلسله کرن‌آرکوتا (Crenarchaeota) شامل باکتری‌های هایپرتروموفیل و ترمواسیدوفیل، ۲: سلسله یوری‌آرکوتا (Euryarchaeota) شامل باکتری‌های هایپرتروموفیل، متانوژن، هالوفیل و ترموفیلیک متانوژن‌ها، ۳: سلسله کور‌آرکوتا (Korarchaeota) که از چشمه‌های آب گرم جدا شده‌اند.^۱ یوباکترها و آرکئی باکترها و زیرگروه‌های وابسته به آن‌ها از نظر

با پیشرفت علم بیوانفورماتیک و رشد پایگاه داده توالی ژنوم، امکان مقایسه وسیع ارگانسیم‌های زنده افزایش یافته است. بر اساس طبقه‌بندی Woese در سال ۱۹۷۰ پروکاریوت‌ها به دو گروه یوباکترها و آرکئی باکترها تقسیم می‌شوند. آرکئی باکترها بر اساس rRNA به سه

استفاده از این داده‌ها و یافتن ارتباط بین آن‌ها و بسیاری از خصوصیات فنوتیپی و رفتاری در باکتری‌ها می‌تواند در بسیاری از مطالعات مورد استفاده قرار گیرد. طول ژنوم در باکتری‌ها تحت تاثیر شرایط محیطی، متابولیسم و تبادلات ژن‌ها قرار دارد و می‌تواند با سایر ویژگی‌های باکتری ارتباط داشته باشد.^{۱۲}

پژوهش کنونی با هدف مقایسه خصوصیات ژنومی مانند تعداد ژن‌ها، تعداد ژن‌های کاذب، تعداد پروتیین و درصد C+G با خصوصیت دیگر مانند نوع تحرک، نوع تنفس و زیستگاه باکتری در آرکی‌باکترها و یوباکترها انجام شد.

روش بررسی

در این مطالعه توصیفی-تحلیلی، داده‌های ژنومی ۲۸۶ گونه آرکی‌باکتر و ۱۲۲ گونه یوباکتر از مرکز ملی داده‌های زیست‌فناوری (National Center for Biotechnology Information) جمع‌آوری شد. این تعداد شامل تمامی باکتری‌های ثبت شده در این سایت می‌باشد که بین اردیبهشت و تیر ۱۳۹۴ انجام گرفت. میانگین اندازه ژن، تعداد پروتیین و درصد C+G در دو گروه یوباکترها و آرکی‌باکترها با یکدیگر مقایسه شدند.

ارتباط خصوصیات ژنومی با چندین خصوصیت دیگر مانند نوع تحرک، نوع تنفس و زیستگاه باکتری با استفاده از SPSS software, version 19 (SPSS, Inc., Chicago, IL, USA) مورد تجزیه و تحلیل آماری قرار گرفت. بدین منظور از روش‌های آماری ضریب همبستگی پیرسون (Student's t-test, Pearson) و آزمون ANOVA (One-way analysis of variance) استفاده شد. $P < 0.05$ به عنوان سطح معنادار در نظر گرفته شد.

یافته‌ها

کوچک‌ترین اندازه ژنوم در یوباکترها (در میان باکتری‌های بیماری‌زای انسان) مربوط به مایکوپلازما ژنیالیوم (*Mycoplasma genitalium*) با ۰/۵۸ مگا جفت باز و بزرگ‌ترین، مربوط به نوکاردیا برازیلیسیس (*Nocardia brasiliensis*) با ۹/۴۴ مگا جفت باز بود. کوچک‌ترین اندازه ژنوم در آرکی‌باکترها با ۰/۱۶ مگا جفت

اکولوژیکی و همچنین در ویژگی‌های ژنومیک مانند اندازه ژن، تعداد ژن‌های کاذب (Pseudogenes)، محتوی سیتوزین به همراه گوانین (C+G) و تعداد پروتیین‌ها از تنوع قابل توجهی برخوردار هستند.^۲

کروموزوم تمام گونه‌های باکتریایی به شکل یک DNA حلقوی است که تمام ژن‌های ضروری باکتری بر روی آن قرار دارد.^۲ اندازه این کروموزوم از کمتر از ۲۰۰ کیلو جفت باز در باکتری‌هایی مانند ترمبلا (Tremblaya) و کارسونلا (*Carsonella*) تا بیشتر از ۱۳۰۰۰ کیلو جفت باز در باکتری‌هایی مانند کتدونوباکتر راسمیفر (*Ktedonobacter racemifer*) متفاوت است.^۳ اختلاف اندازه ژنوم حتی در میان سویه‌های یک گونه نیز متفاوت است. در برخی از گونه‌های باکتریایی مانند بورلیا بورگدورفری (*Borrelia burgdorferi*)، آگروباکتریوم تومفانشس (*Agrobacterium tumefaciens*) و استرپتومایسس کولنی کالر (*Streptomyces coelicolor*) استثناء کروموزوم خطی و در برخی دیگر مانند بورخولدریا سپاسیا (*Burkholderia cepacia*) و بروسلا ملیتنسیس (*Brucella melitensis*) صرفاً دارای بیش از یک کروموزوم می‌باشند.^{۳،۴}

ژنوم باکتری‌ها با گذشت زمان دچار تغییرات می‌گردد. در تمام باکتری‌ها تکامل ژنوم از سه طریق انجام می‌شود: ۱- غیر فعال شدن یا تغییر در ژن‌های موجود، ۲- کسب برخی از ژن‌ها (مانند جزایر پاتوژنیسته و پلاسمیدها) از طریق افقی مانند کسب ژن‌های مقاومت آنتی‌بیوتیکی و ۳- از دست دادن برخی از ژن‌ها.^{۵-۷} کروموزوم پروکاریوت‌ها به دلیل کمتر بودن DNA غیر کدکننده نسبت به یوکاریوت‌ها بسیار کوچک‌تر است. این مقدار در پروکاریوت‌ها در حدود ۱۰ تا ۱۵٪ و در یوکاریوت‌ها می‌تواند تا ۹۸٪ کل ژنوم را شامل شود.^{۸-۱۰} بعضی از قسمت‌های DNA غیر کدکننده ژن‌های کاذب هستند. ژن‌های کاذب در پروکاریوت‌ها بسیار نادر هستند و برخلاف بسیاری از اجزای DNA غیر کدکننده رونویسی نمی‌شوند. تعداد سودوژن‌ها (ژن‌های فاقد عملکرد) در باکتری‌های بیماری‌زایی مانند ریکتزیا پرووازیکی (*Rickettsia prowazekii*) و مایکوباکتریوم لپره (*Mycobacterium leprae*) نسبت به باکتری‌های دارای زندگی آزاد بیشتر است.^{۱۱،۹}

طی دو دهه اخیر داده‌های بسیاری در مورد توالی ژنوم باکتری‌های مختلف بیماری‌زا و غیر بیماری‌زا منتشر شده است.

معنادار بود ($P=0/001$). با افزایش اندازه ژنوم تعداد پروتیین‌ها نیز افزایش می‌یابد. همچنین ارتباط معناداری بین اندازه ژنوم و تعداد ژن‌ها مشاهده گردید ($P=0/001$) با افزایش اندازه ژنوم تعداد ژن‌ها افزایش می‌یابد. ارتباط معناداری بین اندازه ژنوم و خصوصیات ماند تعداد سودوژن‌ها، نوع تنفس و تحرک باکتری مشاهده نشد عدد پی به ترتیب ($P=0/956$ ، $P=0/450$ و $P=0/311$) بود.

ارتباط بین اندازه ژنوم و زیستگاه آرکئی باکتر نیز مورد بررسی قرار گرفت. این ارتباط معنادار بود یعنی تفاوت اندازه DNA در گروه‌ها به‌طور معناداری متفاوت است ($P=0/001$). این میانگین در هالوفیل‌ها (آرکئی باکترهای نمک دوست) بیشترین و در متانوژنیک ترموفیل‌ها (آرکئی باکترهای تولید کننده متان و مقاوم به حرارت) کمترین میزان بود (جدول ۲).

ارتباط درصد C+G با سایر خصوصیات باکتری نیز مورد بررسی قرار گرفت که با زیستگاه آرکئی باکترها دارای ارتباط معناداری بود ($P=0/001$). درصد C+G همچنین با تعداد پروتیین‌ها و تعداد ژن‌ها نیز دارای ارتباط معنادار می‌باشد ($P=0/001$) ولی بین درصد C+G و تعداد سودوژن‌ها هیچ رابطه معناداری وجود نداشت ($P=0/956$).

ارتباط معناداری بین اندازه ژنوم و درصد C+G در یوباکترها مشاهده گردید ($P=0/001$) به‌طوری که با افزایش اندازه ژنوم درصد C+G نیز افزایش یافت. بین اندازه ژنوم و سایر خصوصیات ماند تعداد پروتیین، تعداد ژن‌ها و سودوژن‌ها، نوع تنفس و تحرک باکتری نیز ارتباط معنادار بود ($P=0/001$).

جدول ۱: ارتباط بین میانگین متغیرها در یوباکترها و آرکئی باکترها

متغیر	یوباکترها میانگین (انحراف معیار)	آرکئی باکترها میانگین (انحراف معیار)	P
اندازه ژن (Mb)	۳/۲۵ (۱/۷۱)	۲/۴ (۱/۱۷)	۰/۰۰۱
تعداد ژن	۳۱۰۱ (۱۶۲۱)	۲۴۵۸ (۱۰۷۳)	۰/۰۰۱
تعداد پروتیین	۲۹۶۱ (۱۵۸۲)	۲۳۸۴ (۱۰۵۹)	۰/۰۰۱
درصد C+G	۴۶/۶ (۱۳)	۵۰/۱۵ (۱۲/۵۲)	۰/۰۱۱
تعداد سودوژن	۸۷/۴۸ (۱۴۶)	۴۷ (۷۲)	۰/۰۰۱

Mb: مگا جفت باز، C+G: سیتوزین + گوانین
 $P < 0/05$ به‌عنوان سطح معنادار در نظر گرفته شد.

باز وابسته به آیگارکوتا آرکائون (*Aigarchaeota archaeon*) و بزرگ‌ترین اندازه ژنوم با ۵/۷۵ مگا جفت باز به متانوسارسینا استیوورانس (*Methanosarcina acetivorans*) تعلق داشت.

کمترین محتوای C+G در یوباکترها با ۲۵/۸۰٪ به اوره آپلازما اوره آلیتیوکوم (*Ureaplasma urealyticum*) و بیشترین میزان با ۷۰٪ به نوکاردیا فارسیینیکا (*Nocardia farcinica*) تعلق دارد. کمترین میزان C+G content در آرکئی باکترها با ۲۴/۲۰٪ به متانوبروی باکتر وولینی (*Methanobrevibacter wolini*) و بیشترین میزان با ۷۰/۱۰٪ به کاندیداتوس هالوبونوم تیرلنسیس (*Candidatus Halobonum tyrrellensis*) تعلق داشت.

کمترین تعداد پروتیین در یوباکترها به مایکوپلازما ژنیالیوم (۴۷۵ عدد) و بیشترین میزان به نوکاردیا برازیلینسیس (۸۴۱۴ عدد) تعلق دارد. پراکندگی تعداد پروتیین‌ها در آرکئی باکترها زیاد بود به گونه‌ای که تعداد پروتیین‌ها از ۱۶۳ عدد در آرکئون لوکی (*Archeon loki*) تا ۵۳۸۴ عدد در آیگارکوتا آرکئون (*Aigarchaeota archaeon*) متغیر بود.

کمترین تعداد ژن در یوباکترها به مایکوپلازما ژنیالیوم (۵۲۴) و بیشترین میزان به نوکاردیا فارسیینیکا (۸۴۷۴) تعلق دارد. در آرکئی باکترها تعداد ژن‌ها از ۱۷۳ عدد در آیگارکوتا آرکئون (*Aigarchaeota archaeon*) تا ۵۴۱۳ عدد در آرکئون لوکی (*Archeon loki*) متغیر بود.

در یوباکترها کمترین تعداد سودوژن (۰ عدد) و بیشترین میزان (۱۱۱۵ عدد) به مایکوباکتریوم لپره (*Mycobacterium leprae*) تعلق دارد. داده‌های تعداد سودوژن تنها برای ۱۴۵ آرکئی باکتر موجود بود. تعداد سودوژن‌ها از یک عدد در هالوتریژنا (*Haloterrigena*) و کاندیداتوس نیتروزوآرکئون (*Candidatus nitrosoarchaeum*) تا ۴۶۰ عدد در هالوفرکس (*Haloferax*) متغیر بود.

میانگین اندازه ژن، تعداد ژن، تعداد سودوژن، تعداد پروتیین و درصد C+G در یوباکترها و آرکئی باکترها با یکدیگر مقایسه شدند. بر اساس جدول ۱ بین میانگین این متغیرها ارتباط معناداری وجود داشت ($P=0/001$).

ارتباط معناداری بین اندازه ژنوم و درصد C+G در آرکئی باکترها مشاهده گردید ($P=0/011$) به‌طوری که با افزایش اندازه ژنوم درصد C+G نیز افزایش یافت. بین اندازه ژنوم و تعداد پروتیین نیز ارتباط

جدول ۲: میانگین اندازه ژنوم، درصد C+G، تعداد پروتیین، تعداد ژن و تعداد سودوزن در انواع آرکتی باکترها

نوع آرکتی باکتر بر اساس زیستگاه	تعداد باکتری	میانگین اندازه ژنوم (Mb) میانگین (انحراف معیار)	میانگین درصد C+G میانگین (انحراف معیار)	میانگین تعداد پروتیین میانگین (انحراف معیار)	میانگین تعداد ژن میانگین (انحراف معیار)	میانگین تعداد سودوزن میانگین (انحراف معیار)
متانوژن	۵۵	۲/۶(۰/۹۶)	۴۲/۸(۱۰/۷)	۲۳۷۷/۴۰(۷۴۸)	۲۴۶۹/۹۸(۷۶۱/۷)	۵۷/۸۶(۳۲/۵۷)
هالوفیل	۹۴	۳/۳۷(۱)	۶۰/۶(۹/۶)	۳۳۱۲/۷۲(۹۰۹)	۳۳۹۴/۱۹(۱۰۰۰)	۴۳/۷۴
ترموفیل	۶۶	۱/۷۵(۰/۴۵)	۴۸(۸)	۱۸۸۲/۴۵(۵۲۸)	۱۹۵۷/۴۵(۶۰۲)	۵۷/۲۳(۹۴/۲۰)
اسیدوفیل	۴	۱/۸(۰/۳)	۳۷/۱۷(۴/۶)	۱۸۵۵/۵۰(۳۶۴)	۱۹۵۴/۷۵(۳۶۵)	۲۳
ترموفیلیک اسیدوفیل	۹	۲/۰۴(۰/۵۱)	۴۱/۱۸(۱۰/۱۷)	۲۰۱۰/۵۶(۵۵۰)	۲۱۱۲/۴۴(۶۰۵/۱۸)	۶۳/۳۳(۱۰۸/۴۴)
متانوژنیک ترموفیل	۱۱	۱/۶۱(۰/۱۹)	۴۳/۴۶(۱۱/۷۸)	۱۶۲۶/۷۳(۱۶۸)	۱۶۹۲/۱۸(۱۶۲)	۲۱
متانوژنیک هالوفیل	۳	۲/۳۶(۰/۳۱)	۴۲(۱)	۲۱۵۰/۶۷(۱۴۷)	۲۲۹۳/۶۷(۲۰۰)	۲۳
هالوفیلیک اسیدوفیل	۱	۲/۶۳	۶۷/۴	۲۷۰۸	۲۷۵۶	۳۵
هالوفیلیک ترموفیل	۳	۲/۰۳(۰/۳۹)	۵۱/۵(۱۸/۶)	۲۲۰۸(۵۴۹)	۲۳۰۹/۶۷(۶۱۶)	۳۱(۱۶/۹۷)
متانوژنیک هالوفیلیک	۱	۲/۲۴	۳۶/۶	۲۱۴۸	۲۳۱۸	۰

ترموفیل

Mb: مگا جفت باز، C+G: سیتوزین + گوانین $P < 0/05$ به عنوان سطح معنادار در نظر گرفته شد.

بحث

ژن‌ها از طریق افقی که منجر به کسب ژن‌های ضروری و یا از دست دادن ژن‌های غیر ضروری در باکتری‌ها می‌گردد در این ارتباط نقش دارد.

بر اساس پژوهش‌های پیشین ارتباط معناداری بین اندازه ژنوم و محتوای ژن‌های عملکردی باکتری وجود دارد. برای نمونه مقایسه ژنومیک دو گونه باکتریایی سودوموناس آنروژینوزا و استرپتومایسس کوئلی کالر که دارای سایز بزرگ ژنومی می‌باشند محتوای قابل توجهی از ژن‌های تنظیمی و ژن‌های دخیل در متابولیسم ثانویه در این باکتری‌ها را دارا می‌باشند.^{۱۶،۱۷}

تئوری تنوع محتوای درصد C+G ژنوم یوباکتری‌ها در حدود ۲۰ سال پیش مطرح شد. بر اساس این تئوری محتوای درصد C+G ارتباط مستقیمی با فرایند تکامل در باکتری‌ها دارد. درصد C+G در باکتری‌ها از ۱۷ تا ۷۵٪ متغیر است و این تفاوت بر روی تمایل کدون (Codon usage) و ترکیبات آمینواسیدی ژن‌ها و پروتیین‌ها تاثیر می‌گذارد.^{۱۷} بر اساس مطالعات انجام شده بین اندازه ژنوم و درصد C+G در باکتری‌ها ارتباط وجود دارد. ژنوم باکتری‌هایی که برای بقا به میزبان وابسته هستند (پاتوژن‌ها یا سیمبیونت‌های اجباری)

در پژوهش‌های پیشین فرضیات زیادی در مورد علت تنوع و پراکندگی در ژنوم و همچنین ارتباط بین اندازه ژنوم و سایر خصوصیات باکتری‌ها مطرح شده است.^{۱۳،۱۴} برای نمونه بر اساس آنالیزهای پیشین باکتری‌های دارای ژنوم کوچک‌تر از باکتری‌هایی با ژنوم بزرگ‌تر مشتق شده‌اند که به احتمال زیاد به دلیل غیر فعال شدن و از دست دادن ژن‌های غیر ضروری برای فرایندهای متابولیسی می‌باشد.^۱ همچنین نشان داده شده است که شرایط اکولوژیکی و محل زیست باکتری در اندازه ژنوم آن‌ها موثر است. به عنوان نمونه باکتری‌های دارای زندگی درون سلولی دارای ژنوم کوچک‌تری نسبت به باکتری‌های دارای زندگی آزاد می‌باشند. زیرا این باکتری‌ها به مرور زمان ژن‌های لازم برای سنتز برخی از ترکیبات (مانند آمینواسیدها، نوکلئوتیدها و ویتامین‌ها) را که به آسانی از میزبان جذب می‌شوند را از دست داده‌اند.^{۱۵}

در پژوهش کنونی، نتایج به دست آمده در مورد یوباکتری‌ها با نتایج مطالعه پیشین همخوانی داشت.^{۱۳} به احتمال فرایند نوترکیبی و انتقال

دست داده است.^{۲۱} یافته‌های پژوهش کنونی نیز با این مطالعات مطابقت دارد.

بر اساس نتایج به دست آمده برخی از خصوصیات باکتری‌ها مانند نوع تحرک، نوع تنفس و زیستگاه باکتری با خصوصیات ژنومی آن‌ها دارای ارتباط معناداری بود. ژنوم باکتری‌ها در طی تکامل دچار تغییرات شده که می‌تواند به کوچک شدن ژنوم و یا کسب برخی از ژن‌ها و همچنین کاهش تعداد پروتیین، کاهش درصد C+G و محدود ماندن زیستگاه باکتری منجر گردد. بنابراین مقایسه ژنومیک گونه‌های باکتریایی در شناسایی خصوصیات تکاملی و همچنین شناسایی تفاوت‌های بین رده‌های مختلف پروکاریوت‌ها موثر خواهد بود.

دارای درصد C+G پایین‌تری نسبت به باکتری‌های دارای زندگی آزاد می‌باشند.^{۱۹،۱۸} همچنین بر اساس پژوهش کنونی بین درصد C+G و متغیرهای دیگری مانند تعداد پروتیین‌ها، تعداد ژن‌ها و زیستگاه باکتری‌ها ارتباط معناداری وجود داشت. به احتمال فشار انتخابی محیط و زیستگاه باکتری می‌توانند به کاهش اندازه ژنوم و همچنین درصد C+G منجر گردد.

در یوباکترها باکتری‌های دارای زندگی درون سلولی دارای ژنوم کوچک‌تری نسبت به باکتری‌های دارای زندگی آزاد می‌باشند.^{۲۰} برای نمونه در مایکوپلاسما که کوچک‌ترین ژنوم باکتریایی را دارا می‌باشد تعداد زیادی از ژن‌های لازم برای بیوستت ترکیبات غیر ضروری را از

References

- Spang A, Saw JH, Jørgensen SL, Zaremba-Niedzwiedzka K, Martijn J, Lind AE, et al. Complex archaea that bridge the gap between prokaryotes and eukaryotes. *Nature* 2015;521(7551):173-9.
- Ochman H. Bacterial evolution: chromosome arithmetic and geometry. *Curr Biol* 2002;12(12):R427-8.
- McCutcheon JP, von Dohlen CD. An interdependent metabolic patchwork in the nested symbiosis of mealybugs. *Curr Biol* 2011;21(16):1366-72.
- Nakabachi A, Yamashita A, Toh H, Ishikawa H, Dunbar HE, Moran NA, et al. The 160-kilobase genome of the bacterial endosymbiont *Carsonella*. *Science* 2006;314(5797):267.
- Abby S, Daubin V. Comparative genomics and the evolution of prokaryotes. *Trends Microbiol* 2007;15(3):135-41.
- Lawrence JG. Common themes in the genome strategies of pathogens. *Curr Opin Genet Dev* 2005;15(6):584-8.
- Cole ST, Eiglmeier K, Parkhill J, James KD, Thomson NR, Wheeler PR, et al. Massive gene decay in the leprosy bacillus. *Nature* 2001;409(6823):1007-11.
- Westhof E. The amazing world of bacterial structured RNAs. *Genome Biol* 2010;11(3):108.
- Taft RJ, Pheasant M, Mattick JS. The relationship between non-protein-coding DNA and eukaryotic complexity. *Bioessays* 2007;29(3):288-99.
- Ahnert SE, Fink TM, Zinovyev A. How much non-coding DNA do eukaryotes require? *J Theor Biol* 2008;252(4):587-92.
- Taft RJ, Mattick JS. Increasing biological complexity is positively correlated with the relative genome-wide expansion of non-protein-coding DNA sequences. *Genome Biol* 2003;5:1.
- Konstantinidis KT, Tiedje JM. Trends between gene content and genome size in prokaryotic species with larger genomes. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2004;101(9):3160-5.
- Mira A, Ochman H, Moran NA. Deletional bias and the evolution of bacterial genomes. *Trends Genet* 2001;17(10):589-96.
- Woese CR. Bacterial evolution. *Microbiol Rev* 1987; 51(2):221-71.
- Pourmand MR, Pakbaz Z, Rahimi-Foroushani A, Ohadian-Moghadam S. Evaluation of genome size correlation with behavioral and ecological characteristics in the pathogenic bacteria. *Bacteria J Isfahan Med* 2014;32(307). [Persian]
- Daubin V, Moran NA. Comment on "The origins of genome complexity". *Science* 2004;306(5698):978.
- Kim M, Park SC, Baek I, Chun J. Large-scale evaluation of experimentally determined DNA G+C contents with whole genome sequences of prokaryotes. *Syst Appl Microbiol* 2015;38(2):79-83.
- Rocha EP1, Danchin A. Base composition bias might result from competition for metabolic resources. *Trends Genet* 2002;18(6):291-4.
- Lind PA, Andersson DI. Whole-genome mutational biases in bacteria. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2008;105(46):17878-83.
- Moran NA. Tracing the evolution of gene loss in obligate bacterial symbionts. *Curr Opin Microbiol* 2003;6(5):512-8.
- Klasson L, Andersson SG. Evolution of minimal-gene-sets in host-dependent bacteria. *Trends Microbiol* 2004;12(1):37-43.

Study of genetics, phenotypic and behavioral properties of eubacteria and archaeobacteria

Hamid Kazemian M.Sc.¹
Zahra Pakbaz M.Sc.¹
Seyed Mostafa Hosseini M.Sc.²
Mohammad Reza Pourmand
Ph.D.^{1,3*}

1- Department of Pathobiology,
School of Public Health, Tehran
University of Medical Sciences,
Tehran, Iran.

2- Department of Microbiology,
School of Medicine, Hamedan Uni-
versity of Medical Sciences, Hame-
dan, Iran.

3- Urology Research Center, Teh-
ran University of Medical Sciences,
Tehran, Iran.

* Corresponding author: Department of
Pathobiology, School of Public Health,
Tehran University of Medical Sciences,
Poursina St., Keshavarz Blvd., Tehran,
Iran.
Tel: +98 21 88954910
E-mail: mpourmand@tums.ac.ir

Abstract

Received: 27 Nov. 2015 Revised: 31 May 2016 Accepted: 25 Jul. 2016 Available online: 31 Jul. 2016

Background: The genome of the bacteria has considerable diversity in terms of sequence of nucleotide bases and change over the time. With the advancement of bioinformatics science possibility of the vast comparison to living organisms has risen. During the last two decades many information about genome sequencing of pathogenic and non-pathogenic bacteria have been published. Using this information and to find connections between them and many phenotypic characteristics and behavior of bacteria could be used in many studies. In this study we compared some of the genetic, phenotypic and behavioral properties of archaeobacteria and eubacteria.

Methods: In this analytical study, genomic Information of 286 species of archaeobacteria and 122 species of eubacteria were collected from the NCBI (National Center for Biotechnology Information) site which was conducted in April to June 2015. Mean of gene size, gene number, protein number and C+G content compared in the two groups of archaeobacteria and eubacteria. Association of genomic characterization of bacteria with several other characteristics were analyzed using SPSS statistical software version 19 (Chicago, IL, USA). For this purpose, the Pearson correlation coefficient (Pearson), Student's t-test and ANOVA test (One-way analysis of variance) was used. The P values less than 0.05 was considered as significant level.

Results: There was significant association between means discrepancy in two group (P= 0.01). The genome size of eubacteria and archaeobacteria have significant association with some of the characteristics of bacteria, such as the C+G content, the number of proteins, genes and habitats of the bacteria (P= 0.01). As well as there was significant association between genome size and features such as number of pseudogene, mobility and type of breathing in eubacteria (P= 0.01) but not in archaeobacterial (P> 0.05).

Conclusion: Many characteristics of eubacteria and archaeobacteria are significantly associated with genomic properties. Comparison genomics of bacteria will help in identification of evolutionary origins as well as differences between different categories of bacterial.

Keywords: archaea, bacteria, genome.