

GIẢI MÃ GENOME NHỎ NHẤT CỦA VI KHUẨN

1. Cuộc đua tìm kiếm genome sinh vật nhỏ nhất nay đã bất ngờ bước sang một giai đoạn mới. Công trình mới [1] đã công bố genome ~422-kb của vi khuẩn cộng sinh rệp cây, *Buchnera aphidicola*. Tuy nhiên, nhóm Nakabachi et al [2] đã công bố genome thậm chí nhỏ hơn của

1. Cuộc đua tìm kiếm genome sinh vật nhỏ nhất nay đã bất ngờ bước sang một giai đoạn mới. Công trình mới [1] đã công bố genome ~422-kb của vi khuẩn cộng sinh rệp cây, *Buchnera aphidicola*. Tuy nhiên, nhóm Nakabachi et al [2] đã công bố genome thậm chí nhỏ hơn của loài vi khuẩn cộng sinh ong thành trùng *Carsonella ruddii*. Như vậy, đây là hai genome nhỏ nhất của vi khuẩn đã được giải mã tính đến thời điểm này. Mặc khác, những genome này cũng thậm chí còn tương đương với kích thước genome của lục lạp (

2. Các quan hệ cộng sinh là mối quan hệ sinh thái tương đối phổ biến ở các động vật không xương sống, trong đó có các loài sâu bọ quan trọng trong nông nghiệp và y khoa. Người ta ước tính khoảng 10% nhu cầu về các chất dinh dưỡng như cofactor, amino acid hoặc các chất thiết yếu khác mà côn trùng không thể tiếp nhận qua thức ăn thì đều được cung cấp bởi các loài vi khuẩn nội cộng sinh trong cơ thể của chúng [3].

Đối tượng được tập trung nghiên cứu nhiều nhất là loài vi khuẩn *B. aphidicola*. Loài vi khuẩn này đã sản sinh tất cả các amino acid không thay thế, chỉ trừ tryptophan, bên trong một nhóm tế bào chuyên hóa của cơ thể rệp cây. Những con rệp cây mẹ đã truyền vi khuẩn *B. aphidicola* cho con cháu mình đã từ vài trăm triệu năm trước đây. Trong quá trình tiến hóa của mối quan hệ vật chủ - vật cộng sinh này, khoảng 75% genome của loài *B. aphidicola* đã bị loại bỏ để còn lại genome khoảng 600 - 700 kb như hiện nay [4],[5]. Trong genome này giờ đây chỉ còn lại những gene tối thiểu cần thiết cho quá trình sinh trưởng của vi khuẩn bên trong một hệ sinh thái kén kín với vật chủ. Thực tế, khoảng 88% enzyme của loài cộng sinh này có thể dự đoán được chức năng thông qua thuật toán network với các phản ứng sinh hóa mô phỏng điều kiện sinh lý nội cộng sinh.

Chiều hướng tiến hóa của mối quan hệ nội cộng sinh (Ảnh: sciencemag)

3. Không chỉ là genome vi khuẩn nhỏ nhất, hai genome này cũng là những genome ổn định nhất, vì không đòi hỏi các DNA ngoại sinh, không chứa các trình tự lặp quá 25 bp, và không xảy ra sự tái tổ hợp nhiễm sắc thể trong khoảng từ 50 đến 100 triệu năm gần đây [6]. Điều này cho thấy đây là một hệ thống sinh học cực kỳ bền vững từ sau khi gọt bớt dần dần genome của loài cộng sinh [7]. Tốc độ biến mất một gene trong genome được ước tính mất khoảng 5 đến 10 triệu năm [8]. Điều này phù hợp với ước đoán của Muller về các đột biến mất gene được tích lũy trong các quần thể nhỏ vô tính mà không có sự tiếp nhận thêm gene mới. Kết cục những loài sinh vật như vậy có thể suy giảm sức sống theo thời gian cho đến khi tuyệt chủng hoàn toàn. Người ta hiện nay còn tranh cãi rằng quá trình thoái hóa gene có thể dừng lại hay genome loài nội cộng sinh sẽ tiếp tục gọt rửa dần dần gây nên sự tử vong hàng loạt của loài vi khuẩn này cũng như sự suy thoái của những vật chủ của chúng.

4. Hai genome mới được giải mã này đã vượt qua giới hạn của 2 genome giải mã trước đó cũng của *B. aphidicola* có kích thước từ 615 đến 641 kb. Genome mới của *B. aphidicola* từ loài rệp cây *Cinara cedri* (gọi là chủng *B. aphidicola* BCc) có một nhiễm sắc thể dài ~416 kb với 362 gene mã hóa protein và một plasmid vòng dài 6 kb [9]. Trong khi đó, nhiễm sắc thể của loài *C. ruddii* chỉ dài ~160 kb mã hóa không quá 182 protein (2). Cả hai vi khuẩn trên đều không mang các gene mã

hóa hầu hết protein chức năng vận chuyển và xuyên màng, phát hiện này khẳng định hệ thống vận chuyển tự do theo con đường khuếch tán thụ động để trao đổi các chất sinh dưỡng (metabolites) giữa vật chủ và vật cộng sinh. Người ta cũng không tìm thấy gene nào mã hóa cho con đường sinh tổng hợp tryptophan trên BBc genome, mặc dù thực nghiệm đã chỉ ra rằng các loài rệp cây sinh sống phụ thuộc vào nguồn tryptophan từ vi khuẩn [10]. Nhóm tác giả giả định rằng quá trình biến mất gene tiếp theo trên genome vật nội cộng sinh sẽ là một biến đổi gây chết đối với các con côn trùng. Nhóm Pérez-Brocal et al [11] đề xuất khả năng thoát khỏi tình thế này bằng cách thay thế chủng BBc bằng một vật cộng sinh thứ cấp để cung cấp nguồn tryptophan.

Tài liệu tham khảo:

- V. Pérez-Brocal et al., *Science* 314, 312 (2006).
- A. Nakabachi et al. *Science* 314, 267 (2006).
- C. Dale, N. A. Moran, *Cell* 126, 453 (2006). [CrossRef]
- S. Shigenobu et al., *Nature* 407, 81 (2000). [CrossRef]
- I. Tamas et al. *Science* 296, [2376] (2002).
- R. C. H. J. van Ham et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 100, 581 (2003). [CrossRef]
- L. Klasson, S. G. E. Andersson, *Trends Microbiol* 12, 37 (2004). [CrossRef]
- C. Pal et al., *Nature* 440, 667 (2006). [CrossRef]
- H. J. Muller, *Mutat. Res.* 1, 2 (1964).
- A. E. Douglas, W. A. Prosser, *J. Insect Physiol.* 38, 565 (1992). [CrossRef]
- R. Koga, T. Tsuchida, T. Fukatsu, *Proc. R. Soc. London B* 270, 2543 (2003). [CrossRef]
- M. E. Pettersson, O. G. Berg, *Genetica*, in press.
- C. G. Kurland, S. G. E. Andersson, *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 64, 786 (2000). [Medline]