

**Прочтение и аннотация полного генома *Lactobacillus fermentum* HFD1,
продуцента антимикробных пептидов**

Научный руководитель – Каюмов Айрат Рашитович

Ожегов Георгий Дмитриевич

Сотрудник

Казанский (Приволжский) федеральный университет, Институт фундаментальной
медицины и биологии, Кафедра генетики, Казань, Россия

E-mail: georgii_provisor@mail.ru

Молочнокислые бактерии являются частью естественного микробиома человека. Множество их положительных свойств позволят использовать их в фармации и промышленности, как в виде живых организмов (препараты пробиотиков, закваски), так и в качестве продуцентов антибактериальных веществ, например, низина [1, 3].

Из кишечника здорового человека был выделен штамм *Lactobacillus fermentum* HFD1, который проявлял выраженные антагонистические свойства в отношении ряда патогенных и условно-патогенных микроорганизмов. С целью идентификации генов, ответственных за синтез антибактериальных компонентов, было проведено полногеномное секвенирование на платформах Illumina MiSeq и ONT MinION [2,3]. Получены прочтения с 500-кратным суммарным покрытием на обеих платформах. Это позволило провести сборку генома на основе длинных прочтений, полученных на платформе MiniION с последующей коррекцией короткими прочтениями, полученными на платформе Illumina MiSeq. В качестве сборщика использовали такие программы, как Snp, с последующим пулингом Pilon; SPAdes и Unicycler. Все сборки были удовлетворительного качества, при этом наилучшей оказалась сборка, полученная Unicycler.

Получено 2 циклических контига размерами 2101878 п.о. и 5386 п.о. Последовательность малого контига полностью идентична бактериофагу phiX174. Длинный контиг был типирован с помощью KmerFinder и, согласно результатам, ближайшим родственным штаммом является *L. Fermentum* FTDC 8312. Аннотацию производили автоматизировано, с помощью программы PROKKA. Геном *L. fermentum* HFD1 имеет 2120 открытых рамок считывания. Их анализ с помощью программ предикторов антибактериальных свойств CAMPr3 (протоколы SVM, RF, ANN DAC), ADAM и AMPA позволили идентифицировать 5 рамок считывания, кодирующих пептиды длиной от 56 до 133 аминокислот, обладающие наибольшей вероятностью проявлять антимикробную активность. Анализ пептидома культуральной жидкости позволил идентифицировать 3 из 5 предсказанных пептидов что позволяет отнести их к бактериоцинам [2]. Последовательности пептидов: MSGGHS GDGKQETGGVIINNASVSGLFGTRGGAA YTMAKHALVGLTKNIAGTYGRF GKVR; MAVKIKTPAGMIDIANDVIATVVGGAATDNYGVVGMASRNPLKDG V NQILGRDSFHQGV VIRQQDNGIAVDVYIIVGYGTKISAVSKSVQEKVKYNLEAM LGVTANSVNIMVQGVRVLGD; MGLIWSLIVGAIIGAIAITNRGAAMGWIANIVAGLIGAWIGQGLLGTWGPSLAGMAL IPSIIGAIILVIVSLVVGRTGKK. Верификация их антимикробной активности требует дальнейших исследований.

Исследование проведено при поддержке гранта РФФИ № 17-00-00456.

Источники и литература

- 1) 1. Gharsallaoui A. et al. Nisin as a food preservative: part 1: physicochemical properties, antimicrobial activity, and main uses //Critical reviews in food science and nutrition. – 2016. – Т. 56. – №. 8. – С. 1262-1274.
- 2) 2. Pavlova A. S. et al. Identification of Antimicrobial Peptides from Novel Lactobacillus fermentum Strain //The Protein Journal. – 2020. – С. 1-12.
- 3) 3. Tochilina A. G. et al. Characteristics of biological and molecular-genetic properties of Lactobacillus fermentum 90 TC-4 probiotic strain //Zhurnal mikrobiologii, epidemiologii, i immunobiologii. – 2016. – №. 2. – С. 16-23.