

Исследование консервативности генов NRPS липопротеидных антибиотиков.

Научный руководитель – Празднова Евгения Валерьевна

Андрянов Александр Игоревич

Студент (бакалавр)

Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Дмитрия Иосифовича Ивановского, Кафедра генетики, Ростов-на-Дону, Россия

E-mail: yanov-sait.1@ya.ru

Производство биопрепаратов на основе бацилл (бактерий рода *Bacillus* и филогенетически близких к ним) в последнее время является активно развивающейся отраслью биотехнологии. Бациллы являются продуцентами ряда метаболитов с полезными для человека свойствами, в частности, проявляющих антагонистическую активность по отношению к патогенам полезных сельскохозяйственных культур. Так, актуальной задачей является разработка биопрепаратов на основе бацилл, проявляющих антагонизм к паразиту злаковых культур - грибу рода *Fusarium*.

Бациллы синтезируют огромное число антимикотиков пептидного происхождения, от 2 до 47 аминокислот, синтезирующихся ферментами, пептидных синтаз (с англ. Non-ribosomal peptide syntase) [3]. В данной работе мы исследовали нуклеотидные последовательности - кластеры генов, оценивали их гомологию между разными классами данных ферментов, представленных у видов бактерий рода *Bacillus* и *Paenibacillus*.

Нерибосомальные пептидные синтазы, в большинстве случаев имеют кластерное строение и следующие структурные домены: конденсации, тиоляции, эпимеризации, аденилации и терминации, которые перемещаются на разные места в конечной структуре белка для создания соответствующего антибиотика. Предметом исследования стали, следующие гены: *srf* (сурфрактины), *itu* (итурины), *fen* (фенгицины), *fus* (фузарицидины), *pmx* (полимиксины)[1][2][4].

Идентичность итурин- с фенгицин- и сурфактин- синтаз составила 39,29 % и 32,46% соответственно. 34% схожести у генов *fen* и *sfa*. *Fus* с *Fen*, *itu* и *srf* 25,8%, 33%, 39,35% соответственно. Полная кластерная структура гена полимиксин-синтазы на данный момент не представлена в генбанке сайта NCBI.

Таким образом, несмотря на схожее строение структуры данных ферментов и продуктов синтеза, нуклеотидные последовательности не обладают заметной консервативностью. Филогенетическое дерево иллюстрирует полученные данные.

Источники и литература

- 1) A. Ayuso-Sacido and O. Genilloud New PCR Primers for the Screening of NRPS and PKS-I Systems in Actinomycetes: Detection and Distribution of These
- 2) Choi SK, Park SY, Kim R, Lee CH, Kim JF, Park SH Identification and functional analysis of the fusaricidin biosynthetic gene of *Paenibacillus polymyxa* E681
- 3) Stephan A. Sieber and Mohamed A. Marahiel Molecular Mechanisms Underlying Nonribosomal Peptide Synthesis: Approaches to New Antibiotics
- 4) Soo-Keun Choi, Soo-Young Park, Rumi Kim, Seong-Bin Kim, Choong-Hwan Lee, Jihyun F. Kim, and Seung-Hwan Park Identification of a Polymyxin Synthetase Gene Cluster of *Paenibacillus polymyxa* and Heterologous Expression of the Gene in *Bacillus subtilis*.

Иллюстрации

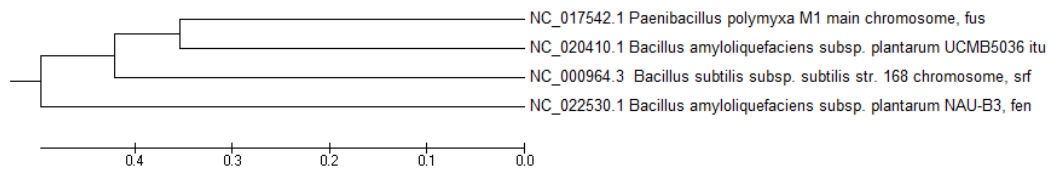


Рис. 1. Филогенетическое дерево NRPS.