

Новый штамм каротиногенной микроводоросли *Bracteacoccus aggregatus* и его биотехнологические характеристики

Научный руководитель – Чеканов Константин Александрович

Литвинов Даниил Сергеевич

Студент (бакалавр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра биоинженерии, Москва, Россия

E-mail: danon6868@gmail.com

Каротиноиды - обширная группа липофильных пигментов тетратерпенового ряда, имеющих большое число полезных свойств [1]. Микроводоросли *Dunaliella salina* и *Haematococcus lacustris* - основной источник натуральных каротиноидов, β -каротина и астаксантина, соответственно [1]. Оба микроорганизма характеризуются рядом недостатков, ограничивающих их использование. Цель работы: описание штамма микроводоросли ВМ5/15 - его предварительная идентификация и исследование продуктивности.

Клетки культивировали в фотобиореакторах в 400 мл минеральной среды BG-11 при 23 °C и освещении холодным белым светом (60 мкмоль/м²/с). Для индукции синтеза каротиноидов помещали культуру в среду без минеральных источников азота при освещенности 480 мкмоль/м²/с. Общее содержание пигментов проводили спектрофотометрически. Пигментный состав исследовали путем тонкослойной хроматографии. Фотосинтетическую активность оценивали по анализу кинетики флуоресценции хлорофилла *a*. Для молекулярно-биологической идентификации амплифицировали фрагмент ядерного рибосомального кластера генов, включающий внутренние транскрибируемые спейсеры и ген 5,8S рРНК (ITS1-5,8S rRNA-ITS2) [2]. Метагеномный анализ микробных сообществ осуществляли при помощи анализа библиотек 16S рРНК, полученных путем секвенирования нового поколения. Для автоматизации работы мною была написана программа на языке Python 3. На вход она принимает текстовый файл с матрицей сходства, полученной на основании построения множественного выравнивания последовательностей, разделяет их на группы по взаимному сходству, после чего в зависимости от заданных параметров определяет таксономическую принадлежность микроорганизмов на основании таких референсных баз данных нуклеотидных последовательностей, как GenBank, RDP, Silva, EMBL. В результате, можно рассчитать параметры, характеризующие разнообразие бактерий в популяции, а также посмотреть, как меняется микробное сообщество при различных условиях культивирования.

Полученная последовательность депонирована в базу данных NCBI GenBank с присвоением идентификационного номера MH205944.1. Исследуемый штамм был отнесен к виду *Bracteacoccus aggregatus*. Через 13 суток культивирования плотность культуры возросла более чем в 5 раз - до 1,13 мг/мл сухой массы. Выяснилось, что клетки были способны накапливать два важных каротиноида - β -каротин и астаксантин; за 5 суток их общее содержание возросло примерно в 4,5 раза — до 26 мг/л.

Таким образом, штамм *B. aggregatus* ВМ5/15 способен накапливать два каротиноида, имеющих практическое значение. Изучение биотехнологических характеристик может помочь в дальнейшем увеличить его продуктивность.

Источники и литература

- 1) Takaichi, S. (2011). Marine Drugs, 9(6), 1101-1118 (2017).
- 2) Ismagulova T. et al., Journal of Applied Phycology. 1-14 (2017).