

АННОТИРОВАННЫЙ ОТЧЕТ

о результатах НИР по гранту за 2021 год

Конкурс 2021 года на соискание грантов для
поддержки научно-исследовательской работы
аспирантов и молодых сотрудников ИГУ.

Направление: Биология, почвоведение и биотехнологии;

Шифр гранта: №091-21-317

1. Наименование НИР по гранту: Сборка и анализ генома оксифильного штамма микроорганизмов озера Байкал
2. Структурное подразделение (кафедра, лаборатория) Научно-исследовательская часть, лаборатория фармацевтической биотехнологии;
3. Исполнитель НИР: Дмитриева (Краснова) Мария Егоровна
4. Координаты исполнителя НИР: 89041520858; marriekrasnova@gmail.com
5. Ожидаемые результаты в соответствии с заявленным планом работы:
 1. Культивирование имеющегося в коллекции штамма-оксифила
 2. Полногеномное секвенирование штамма на платформе Illumina.
 3. Сборка и функциональная аннотация генома с применением пакета программ Ugene и Geneious.
6. Основные полученные научные результаты:

В ходе выполнения исследования проводили глубинное культивирование оксифильного штамма *Janthinobacterium lividum* в жидкой питательной среде TSB. Инокуляцию чистой культуры осуществляли в стерильные конические колбы с дефлекторами с добавлением стеклянных шариков. Культивирование проводили при постоянном перемешивании при 170 об/мин на орбитальном шейкере. Штамм культивировали при условиях повышенного содержания

кислорода в колбе. Для этого через систему стерильных трубок и фильтров осуществляли подачу кислорода с помощью кислородного концентратора Armed – 5L со скоростью 5 л/мин.

Далее было проведено выделение ДНК и создание библиотеки. Библиотека имела длину чтения 100 bp, размер вставки 259,07 ($\sigma = 85,71$). Далее проведено полногеномное секвенирование и функциональная аннотация генома. Образец был секвенирован на платформе Illumina. Сборка и функциональная аннотация генома проведена с применением пакета программ Ugene и Geneious. В ходе анализа была сделана сборка генома de-novo с применением алгоритма SPAdes.

Всего было собрано 73 контига и 68 скаффолдов. Скаффолды, выполненные с использованием SPACE 2.1 Premium, привели к созданию 43 скаффолдов, из которых 31 преодолел пороговые значения охвата и длины (не менее 1 килобазы). Все скаффолды имеют длину 8 195 763 п. н.. Средняя длина гена составляет 988 п. н., а средняя плотность кодирования-88,3%.

Функциональная аннотация показала, что 4610 (63%) из 7323 белок-кодирующих генов имели какую-либо биологическую функцию, причем некоторые гены относились более чем к одной категории. Более того, среди генов с функциональным назначением, 1979 (27%) вовлечены в метаболизм, в том числе 142 (1,9%) предположительно вовлечены именно во вторичный метаболизм. Возможность данного штамма к синтезу вторичных метаболитов была проанализирована с помощью поискового инструмента antiSMASH v.3. С помощью этого метода было обнаружено тридцать предполагаемых кластеров генов вторичного метаболизма.

7. Предполагаемое использование результатов, в том числе в учебном процессе:

Оксифильные микроорганизмы обладают своими сформировавшимися особенностями и наличием генетических кластеров, кодирующих синтез вторичных метаболитов. Экспрессия данных кластеров в условиях высокого содержания кислорода обеспечивает синтез биологически активных молекул.

Оксифильные микроорганизмы озера Байкал могут открыть расширенные возможности для поиска генных кластеров, ответственных за синтез биологически активных молекул, с возможностью создания рекомбинантных штаммов – продуцентов.

В учебном процессе результаты можно использовать для обучения студентов методам молекулярной биологии и биоинформатики.

8. Перечень публикаций^(**) по результатам работы (статьи, доклады) с приложением оттисков или рукописей, направленных в печать:

1. **Dmitrieva M.** et al. (2022) The analysis of oxyphilic metagenomic communities of Lake Baikal / **Dmitrieva M.**, Shelkovnikova V., Pereliaeva E., Belyshenko A., Morginova M., Dmitriev I., Axenov-Gribanov D. // FEBS Open Bio, 12 (IF 2.1, Q2). x. DOI: xxxxxxxx (submitted);