

**Поиск ортологов L-цис-эпоксисукцинат-гидролазы в термофильных бактериях и их сравнительный анализ**

**Научный руководитель – Брускин Сергей Александрович**

*Булычев Серафим Андреевич*

*Студент (бакалавр)*

Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева,  
Москва, Россия

*E-mail: serafim.bulychev@mail.ru*

**Поиск ортологов L-цис-эпоксисукцинат-гидролазы в термофильных бактериях и их сравнительный анализ**

*Булычев Серафим Андреевич*

*Студент*

*Институт Общей Генетики им. Н. И. Вавилова РАН*

*Лаборатория функциональной геномики*

L-цис-винная кислота используется в пищевой, фармацевтической и иных отраслях промышленности. Однако, применяемые в промышленности методы её получения нестабильны и не позволяют получать L-энантиомер в чистом виде. Наибольшие перспективы оптимизации её производства связаны с микробиологическим синтезом с использованием фермента L-цис-эпоксисукцинатгидролазы, но для применения на производственном уровне необходим поиск стабильных ферментов [1].

Целью данной работы являлось выявление предположительных ортологов L-цис-эпоксисукцинатгидролазы из термофильных бактерий и их анализ по аминокислотному составу активного домена.

В ходе работы были проведены множественное выравнивание и анализ по составу активного домена найденных с помощью BLAST предположительных гомологов известных L-цис-эпоксисукцинатгидролаз. Для определения филогенетического родства использовались деревья, построенные с помощью алгоритмов maximum-likelihood и neighbor joining [2].

Для поиска термофильных гомологов использовались последовательности белков микроорганизмов метагенома двух горячих источников кальдеры Узон на Камчатке [3]. Последовательности ортогруппы, полученной с помощью Orthofinder, были выравнены, и также был проведён сравнительный анализ по составу активного домена [4].

По результатам исследования была подтверждена высокая консервативность аминокислотного состава активного домена у цис-эпоксисукцинатгидролаз и наиболее близких к ним белков. Полученные из метагенома горячего источника предположительные гомологи существенно отличались по составу активного домена, в том числе, и по аминокислотам, определяющим механизм реакции гидролиза. Был найден фермент, принадлежащий с цис-эпоксисукцинатгидролазой к одному семейству белков, с единственной аминокислотной заменой на участке, распознающем субстрат. Все бактерии, к которым относятся дегазогеназы, наиболее близкие к исследуемому ферменту, мезофильны, но были обнаружены и термотолерантные организмы.

### Источники и литература

- 1) 1. Xuan J, Feng Y. Enantiomeric Tartaric Acid Production Using cis-Epoxy succinate Hydrolase: History and Perspectives. *Molecules*. 2019 Mar 5;24(5). pii: E903. Review.
- 2) 2. Price, M.N., Dehal, P.S., and Arkin, A.P. FastTree 2 – Approximately Maximum-Likelihood Trees for Large Alignments. *PLoS ONE*, 2010. 5(3): e9490.
- 3) 3. Wilkins, L.G.E., Ettinger, C.L., Jospin, G. et al. Metagenome-assembled genomes provide new insight into the microbial diversity of two thermal pools in Kamchatka, Russia. *Sci Rep* 9, 3059, 2019
- 4) 4. Emms DM, Kelly S. OrthoFinder: solving fundamental biases in whole genome comparisons dramatically improves orthogroup inference accuracy. *Genome Biol*. 2015 Aug 6; 16:157.