

**Молекулярно-генетическая характеристика бактерии *Exiguobacterium* sp.****Научный руководитель – Полев Дмитрий Евгеньевич****Горохов Иван Андреевич***Студент (бакалавр)*

Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет, Saint Petersburg, Россия

*E-mail: ivgor1004@mail.ru*

*Exiguobacterium* – род грамположительных бактерий. Представители этого рода являются экстремофилами и встречаются в различных средах обитания [2]. Некоторые виды *Exiguobacterium* sp. обладают свойствами, применимыми в биотехнологических процессах: продуцируют гидролитические ферменты, перерабатывают промышленные отходы и токсические вещества [2]. Виды *Exiguobacterium* sp. обладают клинической значимостью: известны случаи заражения данными бактериями с симптомами в виде пневмонии и бактериемии [1].

Коллекция кафедры эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии СЗГМУ имени И. И. Мечникова включает в себя представителей рода *Exiguobacterium*. Исходя из перечисленных выше причин, изучение бактерий данного рода представляется актуальной работой. Цель работы: молекулярно-генетическая характеристика бактерии рода *Exiguobacterium*. Были поставлены следующие задачи: (1) получение культуры исследуемой бактерии; (2) выделение геномной ДНК (гДНК) из клеток изучаемого микроорганизма; (3) прочтение полного генома методами секвенирования второго поколения (от англ. Second Generation Sequencing, SGS) и секвенирования третьего поколения (от англ. Third Generation Sequencing, TGS); (4) сборка полного генома бактерии и его аннотация.

Бактерий пересевали методом истощающего мазка на твердую среду и культивировали при 20°C в течение суток. гДНК выделяли из клеток отдельных колоний с помощью коммерческого набора QIAamp DNA Mini Kit с предварительным этапом механического лизиса клеток. Из полученной гДНК готовили библиотеки для SGS и TGS, секвенирование проводили на платформах DNBSEQ-G50 и MinION. Гибридную сборку полного генома получили с помощью сборщика SPAdes. Видовую принадлежность изучаемой бактерии определили, как *E. sibiricum* по средней идентичности нуклеотидов. Полногеномную последовательность аннотировали с помощью онлайн-сервисов Prokka и eggNOG-Mapper. В аннотированном геноме присутствовали гены метаболизма различных органических субстратов, а также гены транскрипции, трансляции, репарации, рекомбинации и прочих жизненно важных процессов. Также были предсказаны гены защитных механизмов бактерии, в том числе резистентности к антибиотикам и антимикробным молекулам, гены сборки пилей, метаболизма и транспорта неорганических молекул (восстановления арсената и устойчивости к нему, устойчивости к теллуридам и щелочным значениям pH) и факторы вирулентности (гемолизин III, токсины и наличие жгутика). На основании предсказанных генов можно высказать предположение о клинической значимости изучаемой бактерии.

**Источники и литература**

- 1) Chen X. [и др.]. *Exiguobacterium* sp. A1b/GX59 isolated from a patient with community-acquired pneumonia and bacteremia: genomic characterization and literature review // BMC Infectious Diseases. 2017. № 1 (17). С. 508.

- 2) Kasana R. C., Pandey C. B. Exiguobacterium: an overview of a versatile genus with potential in industry and agriculture // Critical Reviews in Biotechnology. 2018. № 1 (38). С. 141–156.