

**МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра генетики**

ЗУБРИК
Анна Вячеславовна

**СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ДАННЫХ ПОЛНОГО ГЕНОМНОГО
СЕКВЕНИРОВАНИЯ И ПРОТЕОМНОГО ПРОФИЛИРОВАНИЯ
ШТАММОВ-ПРОДУЦЕНТОВ ФЕНАЗИНОВЫХ АНТИБИОТИКОВ
БАКТЕРИЙ *PSEUDOMONAS CHLORORAPHIS* SUBSP. *AURANTIACA***

Аннотация
к дипломной работе

Научный руководитель:
кандидат биологических наук
доцент Е.Г. Веремеенко

Минск, 2022

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 43 с., 23 рис., 49 источников.

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ДАННЫХ ПОЛНОГО ГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ И ПРОТЕОМНОГО ПРОФИЛИРОВАНИЯ ШТАММОВ-ПРОДУЦЕНТОВ ФЕНАЗИНОВЫХ АНТИБИОТИКОВ БАКТЕРИЙ *PSEUDOMONAS CHLORORAPHIS* SUBSP. *AURANTIACA*.

Объекты исследования: штаммы *Pseudomonas chlororaphis* subsp. *aurantiaca* B-162, B-162/17, B-162/255.

Цель: сравнительный анализ данных полного геномного секвенирования и протеомного профилирования штаммов *P. chlororaphis* subsp. *aurantiaca* B-162 дикого типа и полученных на его основе мутантов, способных к сверхпродукции феназиновых соединений.

Методы исследования: микробиологические, молекулярно-генетические, биохимические, биоинформатические.

Феназины являются перспективными соединениями для использования их в различных отраслях народного хозяйства и медицины. Это объясняет необходимость создания продуцентов данных соединений.

Целью данной работы являлся сравнительный анализ данных полного геномного секвенирования и протеомного профилирования штаммов *P. chlororaphis* subsp. *aurantiaca* B-162 дикого типа и полученных на его основе мутантов, способных к сверхпродукции феназиновых соединений.

В результате проведённого протеомного профилирования штаммов *P. chlororaphis* subsp. *aurantiaca* B-162 дикого типа и полученных на его основе мутантов, были получены и идентифицированы 284 белка. Сопоставление данных геномного секвенирования и протеомного профилирования штаммов *P. chlororaphis* subsp. *aurantiaca* B-162 дикого типа и мутантных штаммов B-162/17 и B-162/55 показало, что из 282 белков 20 имеют значимые мутации с предположительным влиянием на синтез антибиотиков феназинового ряда. Потенциально значимыми мутациями для штамма B-162/255 могут быть мутации в генах белков MvaT, PhhR, АТФаза системы секреции I типа, XRE, HDOD-домене (гистидинкиназа) и в гене фактора транскрипции семейства UvrY/SirA/GacA. Для штамма B-162/17 потенциально значимые мутации, затрагивающие регуляторные домены белков, были обнаружены в генах, кодирующих АТФазу системы секреции I типа, PhhR и аргинин N-сукцинилтрансферазу.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа 43 с., 23 рыс., 49 крыніц.

ПАРАЎНАЛЬНЫ АНАЛІЗ ДАНЫХ ПОЎНАГА ГЕНОМНАГА СЕКВЕНІРАВАННЯ І ПРАТЭОМНАГА ПРАФІЛЯВАННЯ ШТАМАЎ=ПРАДУЦЭНТАЎ ФЕНАЗІНАВЫХ АНТЫБІЁТЫКАЎ БАКТЭРЫЙ *PSEUDOMONAS CHLORORAPHIS* SUBSP. *AURANTIACA*.

Аб'екты даследавання: штамы *Pseudomonas chlororaphis* subsp. *aurantiaca* B-162, B-162/17, B-162/255.

Мэта: параўнальны аналіз даных поўнага геномнага секвеніравання і пратэомнага прафілявання штамаў *P. chlororaphis* subsp. *aurantiaca* B-162 дзікага тыпу і атрыманых на яго аснове мутантаў, здольных да звышпрадукцыі феназінавых злучэнняў.

Метады даследавання: мікрабіялагічныя, малекулярна-генетычныя, біяхімічныя, біяінфарматычныя.

Феназіны з'яўляюцца перспектыўнымі злучэннямі для выкарыстання іх у розных галінах народнай гаспадаркі і медыцыны. Гэта тлумачыць неабходнасць стварэння прадукцэнтаў дадзеных злучэнняў.

Мэтай дадзенай працы з'яўляўся параўнальны аналіз даных поўнага геномнага секвеніравання і пратэомнага прафілявання штамаў *P. chlororaphis* subsp. *aurantiaca* B-162 дзікага тыпу і атрыманых на яго аснове мутантаў, здольных да звышпрадукцыі феназінавых злучэнняў.

У выніку праведзенага пратэомнага даследавання з высокай якасцю для кожнага са штамаў былі атрыманы і ідэнтыфікаваны 284 бялкі. Супастаўленне дадзеных геномной секвеніравання і пратэомнага прафілявання штамаў *P. chlororaphis* subsp. *aurantiaca* B-162 дзікага тыпу і мутантных штамаў B-162/17 і B-162/55 паказала, што з 282 бялкоў 20 маюць значныя мутацыі з меркаваным уплывам на сінтэз антыбіётыкаў феназінавага шэрагу. Патэнцыйна значнымі мутацыямі для штаму B-162/255 могуць быць мутацыі ў генах бялкоў MvaT, PhhR, АТФаза сістэмы сакрэцыі I тыпу, XRE, HDOD-дамене (гістыдынкіназа) і ў гене фактару транскрыпцыі сямейства UvrY/SirA/GacA. Для штаму B-162/17 патэнцыйна значныя мутацыі, якія закранаюць рэгулярныя дамены бялкоў, былі выяўленыя ў генах, кадавальныя АТФазу сістэмы сакрэцыі I тыпу, PhhR і аргінін N-сукцынілтрансферазу.

ABSTRACT

Graduate work 43 p., 23 pict., 49 references.

COMPARATIVE ANALYSIS OF DATA FROM COMPLETE GENOMIC SEQUENCING AND PROTEOMIC PROFILING OF STRAINS PRODUCING PHENAZINE ANTIBIOTICS OF BACTERIA *PSEUDOMONAS CHLORORAPHIS* SUBSP. *AURANTIACA*.

Object of research: strains of *Pseudomonas chlororaphis* subsp. *aurantiaca* B-162, B-162/17, B-162/255.

Aim of work: comparative analysis of data from complete genomic sequencing and proteomic profiling of *P. chlororaphis* subsp. *aurantiaca* B-162 wild type and derived from it mutants capable of overproduction of phenazine compounds.

Methods: microbiological, molecular-genetic, biochemical, bioinformatic.

Phenazines have multiple promising applications in both agriculture and medicine. Therefore, growing producers of these compounds becomes a critical task.

The aim of this work was comparative analysis of data from complete genomic sequencing and proteomic profiling of *P. chlororaphis* subsp. *aurantiaca* B-162 wild type and derived from it mutants capable of overproduction of phenazine compounds.

In process of this proteomic study, 282 proteins were isolated and identified with high accuracy for each of the strains. Comparison of genomic sequencing and proteomic profiling data showed that 20 out of 284 proteins have significant mutations with a presumed effect on the synthesis of phenazine-type antibiotics. Potentially significant mutations for strain B-162/255 may be mutations in the genes of MvaT, PhhR, type I secretion system ATPase, XRE, HDOD domain (histidine kinase) and in the gene of the UvrY/SirA/GacA transcription factor family. For strain B-162/17, potentially significant mutations affecting the regulatory domains of proteins were found in the genes encoding the ATPase of the type I secretion system, PhhR and arginine N-succinyltransferase.