

# Опыт секвенирования геномов лактобацилл с выявленным пробиотическим потенциалом

Бруслик Н.Л.<sup>1</sup>, Хуснутдинова Д.Р.<sup>2</sup>, Маркелова М.И.<sup>2</sup>, Пономарева Е.Р.<sup>2</sup>

Научные руководители: Яруллина Д.Р.<sup>2</sup>, Тюрин Ю.А.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Казанский НИИ эпидемиологии и микробиологии, Казань, Российская Федерация

<sup>2</sup> Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, Российская Федерация

## Sequencing experience of lactobacilli genomes with identified probiotic potential

Bruslik N.L.<sup>1</sup>, Husnutdinova D.R.<sup>2</sup>, Markelova M.I.<sup>2</sup>, Ponomareva E.R.<sup>2</sup>

PhD supervisors: Yarullina D.R.<sup>2</sup>, Tyurin Yu.A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Kazan Scientific Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Kazan, Russian Federation

<sup>2</sup> Kazan (Volga region) Federal University, Kazan, Russian Federation

### Введение

Бактерии семейства *Lactobacillaceae* являются ключевым компонентом микробиоты кишечника, что обуславливает их широкое применение в качестве пробиотиков в пищевой и фармацевтической промышленности [1]. Современные технологии массового параллельного секвенирования (next-generation sequencing – NGS) предоставляют новые возможности для более глубокого изучения биологических свойств лактобацилл, а также для выяснения молекулярных механизмов их пробиотического действия, что может служить основой для разработки пробиотиков нового поколения [2].

### Цель

Проведение полногеномного секвенирования штаммов лактобацилл с выявленным пробиотическим потенциалом.

### Материалы и методы

Для секвенирования использовали продемонстрировавшие ранее положительные пробиотические свойства в тестах *in vitro* штаммы *Limosilactobacillus fermentum* 3-2 и *Limosilactobacillus fermentum* 3-3, выделенные из национальных кисломолочных напитков айран и тан, соответственно. Выделение ДНК из клеток лактобацилл проводили с помощью фенол-хлороформной экстракции. Секвенирование полученных нуклеиновых кислот осуществляли на платформе Oxford Nanopore Minlon с предварительной подготовкой библиотек согласно протоколу Rapid Barcoding Kit 24 V14.

### Результаты

В результате проведенного секвенирования для штамма *L. fermentum* 3-2 удалось получить полногеномную последовательность размером 2208816 пар нуклеотидов (п.н.) с содержанием GC 51 %. Для штамма *L. fermentum* 3-3 было собрано 55 контигов общей длиной 1943688 п.н. и с содержанием GC 51,1 % (рис. 1). Размеры полученных геномов и содержание GC соответствуют характеристикам вида *L. fermentum*: согласно данным базы NCBI, размер геномов бактерий данного вида варьирует от 1,8 до 2,3 гигабаз (Гб) при содержании GC не более 53%. Аннотация геномов лактобацилл представлена в табл. 1. Большинство выявленных генов кодируют белки, необходимые для метаболизма углеводов, аминокислот и их производных, протеинов, а также ДНК, нуклеотидов и нуклеозидов (рис. 2), что указывает на высокую адаптивность исследуемых штаммов к условиям желудочно-кишечного тракта, и, как следствие, их высокую пробиотическую активность. Важно отметить, что в геноме исследуемых лактобацилл не выявлено мобильных генетических элементов, несущих гены антибиотикорезистентности, что является необходимым требованием безопасности штаммов в рамках концепции «Единого здоровья».

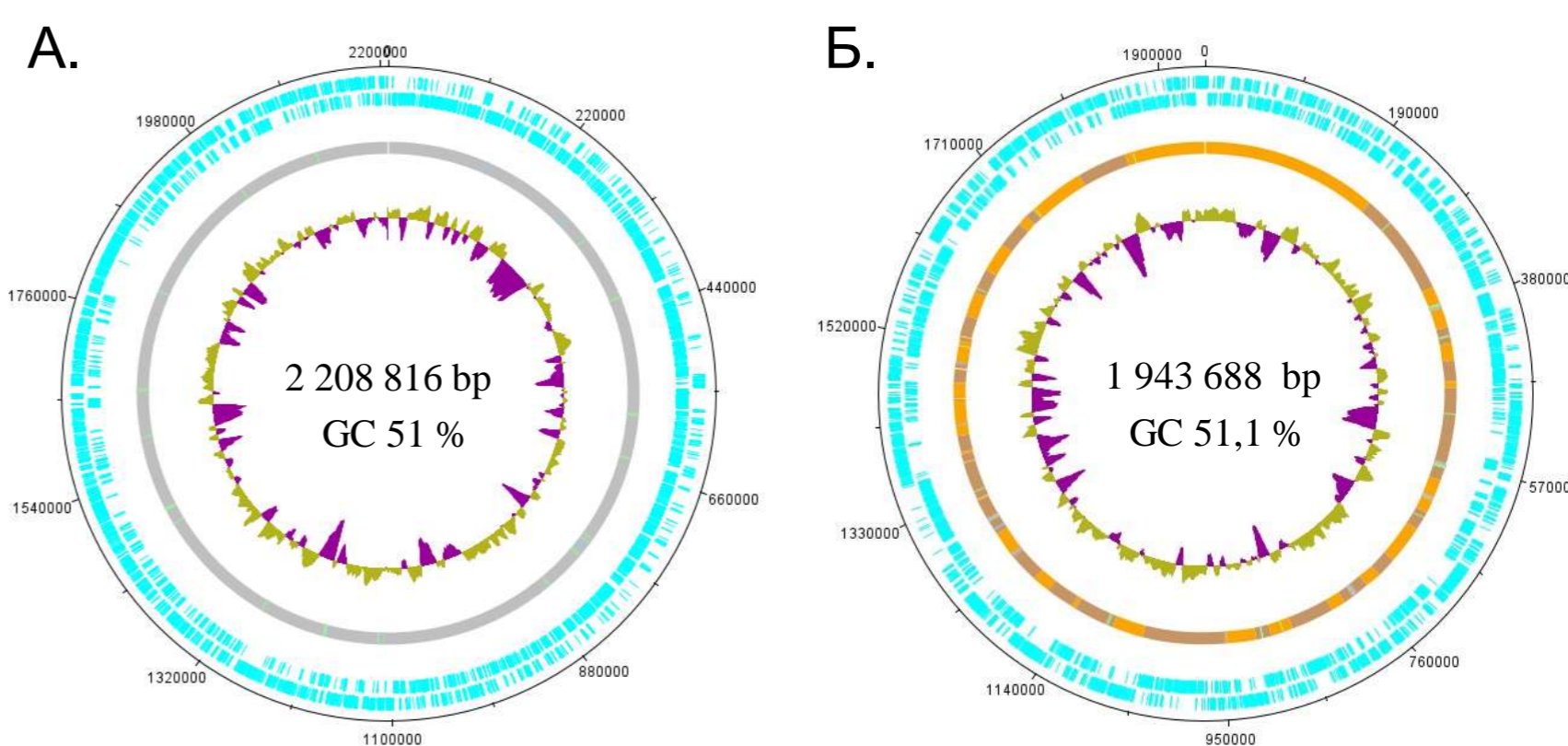
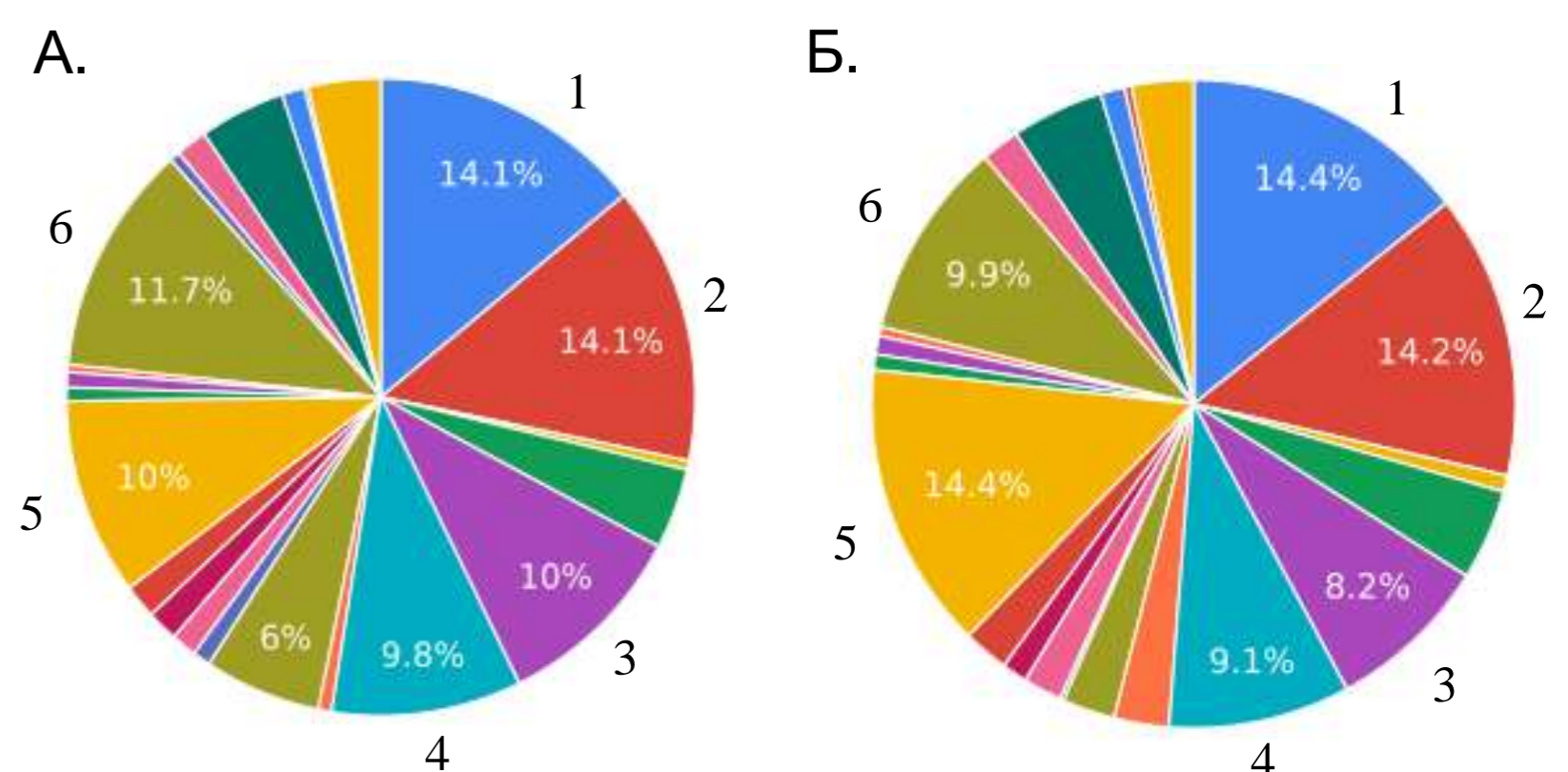


Рис. 1. Геномные карты *L. fermentum* 3-2 (А) и 3-3 (Б)

Табл. 1. Результаты аннотации геномов *L. fermentum*

	<i>L. fermentum</i> 3-2	<i>L. fermentum</i> 3-3
Количество генов, кодирующих белки	4458	4277
Белки с гипотетической/неизвестной функцией	2494	2621
Гены, кодирующие РНК:		
рРНК	72	66
тРНК	15	18
мРНК	56	47
тмРНК	1	1



#### № Функциональные категории

- 1 Аминокислоты и их производные
- 2 Углеводы
- 3 Кофакторы, витамины, простетические группы, пигменты
- 4 Метаболизм ДНК
- 5 Нуклеозиды и нуклеотиды
- 6 Белковый метаболизм

Рис. 2. Основные функциональные категории генов *L. fermentum* 3-2 (А) и 3-3 (Б)

### Выводы

Полученные результаты секвенирования и молекулярно-генетического анализа геномов *L. fermentum* 3-2 и *L. fermentum* 3-3 существенно расширяют понимание функциональных возможностей штаммов, подтверждают их пробиотический статус и обосновывают безопасность их терапевтического применения.

### Библиография

1. Dempsey E., Corr S.C. *Lactobacillus* spp. for gastrointestinal health: current and future perspectives. *Front Immunol.* 2022;13:840245.
2. Suez J., Zmora N., Elinav E. Probiotics in the next-generation sequencing era. *Gut Microbes.* 2020;11(1):77-93.