

СРАВНИТЕЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА АМИЛОЛИТИЧЕСКОЙ АКТИВНОСТИ ГРАМПОЛОЖИТЕЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ

Н. Л. Бруслик¹, А. Р. Каюмов¹, М. И. Богачев², Д. Р. Яруллина¹

¹Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань

²Санкт-Петербургский государственный электротехнический университет
«ЛЭТИ» им. В.И. Ульянова (Ленина), Санкт-Петербург

Поступила в редакцию 20.09.2012 г.

Аннотация. Расшифровка геномных детерминант гидролиза крахмала создала базу для предсказания этой способности у клинически и биотехнологически важных бактерий родов *Bacillus*, *Staphylococcus*, *Micrococcus* и *Lactobacillus*, основываясь на анализе *in silico*. В настоящей работе, сопоставив данные компьютерного скрининга генов α -амилаз в геномах данных микроорганизмов с результатами экспериментальной оценки у них крахмал-гидролизующей активности, мы показали, что регистрируемая амилазная активность является результатом сложного преобразования генетической программы клетки и, следовательно, присутствие гена амилазы не всегда гарантирует его высокую экспрессию.

Ключевые слова: грамположительные бактерии, амилолитическая активность, α -амилаза, BLAST, гомология.

Abstract. As the genomic determinants of starch hydrolysis were identified, it became possible to predict this property in clinically and biotechnologically significant bacteria of genera *Bacillus*, *Staphylococcus*, *Micrococcus* and *Lactobacillus* on the basis of *in silico* analysis. Data of computer screening of alpha-amylase gene in genomes of these microorganisms were compared with the experimentally determined amylolytic activity to show that the observed amylase activity is due to a complex transformation of the genetic program of the cell and therefore alpha-amylase gene alone does not guarantee its high expression.

Keywords: Gram-positive bacteria, amylolytic activity, alpha-amylase, BLAST, homology.

α -Амилазы (Е.С. 3.2.1.1) – семейство гидролитических ферментов, расщепляющих крахмалы до простых сахаров. Они часто обнаруживаются у микроорганизмов, поэтому последние стали распространенным биотехнологическим источником амилаз для промышленности, клинической практики и научных исследований [1]. Ген α -амилазы (*amy*) достаточно полно охарактеризован; он был неоднократно клонирован и экспрессирован в *Escherichia coli* и *Bacillus subtilis* [2-4].

Поиск новых продуцентов амилаз представляет собой селекцию амилолитически активных представителей среди вновь выделенных либо мутантных штаммов микроорганизмов. Постгеномная эра развития науки позволяет предсказать ферментативную активность новых изолятов без трудоемкого скрининга классическими методами

микробиологии. Тем не менее, присутствие гена амилазы не всегда означает его высокую экспрессию ввиду различных механизмов регуляции активности генов.

В настоящей работе была исследована амилолитическая активность бактерий *in silico* и полученные результаты сопоставлены с данными экспериментальной оценки крахмал-гидролизующей активности штаммов.

МЕТОДИКА ЭКСПЕРИМЕНТА

Объект исследования. Объектом исследования служили бактерии, представленные в табл. 1. Определение принадлежности выделенных из различных источников бактерий к роду *Lactobacillus* проводили по ГОСТ 10444.11-89 «Продукты пищевые. Методы обнаружения молочнокислых микроорганизмов»: по отношению к окраске по Граму, подвижности, наличию спорообразования и каталазы.

© Бруслик Н. Л., Каюмов А. Р., Богачев М. И., Яруллина Д. Р., 2014