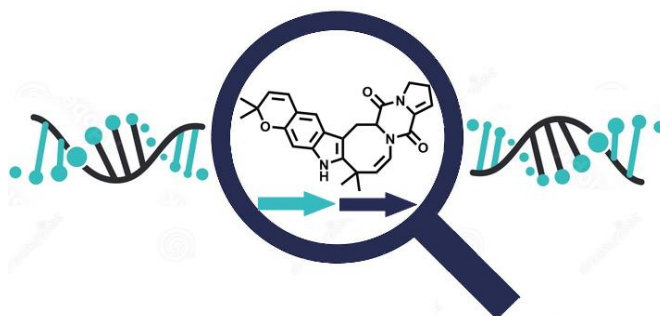


Министерство науки и высшего образования Российской Федерации
Тихоокеанский институт биоорганической химии им. Г.Б. Елякова
Дальневосточного отделения Российской академии наук
(ТИБОХ ДВО РАН)



ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ТЕХНОЛОГИИ В ИССЛЕДОВАНИЯХ ПРИРОДНЫХ СОЕДИНЕНИЙ

Всероссийская научная школа-конференция
молодых ученых и студентов

*Владивосток
3–7 октября 2023 г.*

Тезисы докладов конференции



© Оформление. ФГАОУ ВО ДВФУ, 2023
ISBN 978-5-7444-5579-8

**Всероссийская научная школа-конференция молодых ученых и студентов
«Генетические технологии в исследованиях природных соединений»**

УДК 57:60(06)

ББК 28.07я431 + 28.087.1я431 + 28.4я431 + 28я431

Мероприятие проведено при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ в рамках реализации отдельных мероприятий Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019–2027 годы по соглашению № 075-15-2021-1052 от 29.09.2021 г.

Организационный комитет выражает благодарность за оказанную поддержку Дальневосточному федеральному университету, ООО «СкайДжин», ООО «Русмедторг», ООО «ПТФ «Корпус» и ООО «Компания Хеликон».

Генетические технологии в исследованиях природных соединений. Всероссийская научная школа-конференция молодых ученых и студентов, Владивосток, 3–7 октября 2023 г. : тезисы докладов конференции / ТИБОХ ДВО РАН. – Владивосток : Издательство Дальневосточного федерального университета, 2023. – [139 с.]. – ISBN 978-5-7444-5579-8. – URL: <https://www.dvfu.ru/science/publishing-activities/catalogue-of-books-fefu/>. – Дата публикации: 26.10.2023. – Текст. Изображение: электронные.

Сборник включает материалы устных и постерных докладов, представленных на Всероссийской научной школе-конференции «Генетические технологии в исследованиях природных соединений» ведущими учеными, молодыми специалистами, аспирантами и студентами. Тематика докладов охватывает широкий спектр исследований в области молекулярной и физико-химической биологии, микробиологии, биотехнологии, биоинформатики и геномики. В сборнике представлены результаты исследований биоразнообразия, систематики и генетики микроорганизмов, обсуждаются актуальные проблемы применения генетических технологий в исследовании природных биоактивных соединений, создания биотехнологически ценных продуцентов, а также новые генетические инструменты и технологии.

Материалы сборника могут представлять интерес для студентов, аспирантов, научных сотрудников и специалистов в области микробиологии, физико-химической и молекулярной биологии, геномики и биоинформатики.

Текстовое электронное издание

Минимальные системные требования:

Веб-браузер Internet Explorer версии 6.0 или выше,
Opera версии 7.0 или выше, Google Chrome версии 3.0 или выше.

Компьютер с доступом к сети Интернет.

Минимальные требования к конфигурации и операционной системе компьютера определяются требованиями перечисленных выше программных продуктов.

Размещено на сайте 26.10.2023 г.

Объем 2,80 Мб

Дальневосточный федеральный университет
690922, Приморский край, г. Владивосток, о. Русский, п. Аякс, 10.

E-mail: prudkoglyad.sa@dvfu.ru

Тел.: 8 (423) 226-54-43

© Оформление. ФГАОУ ВО ДВФУ, 2023

**Потенциал продукции токсических метаболитов штаммами *Ligilactobacillus salivarius*,
выделенными от пациентов с болезнью Крона**

Д.Р. Хуснутдинова¹, М.И. Маркелова¹, М.Н. Синягина¹, А.М. Сенина¹, Е.А. Булыгина¹,
С.Р. Абдулхаков^{1,2}, Т.В. Григорьева¹

¹Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань

²Казанский государственный медицинский университет, Казань

электронная почта: dilyahusn@gmail.com

Ligilactobacillus salivarius – важный представитель молочнокислых бактерий, широко распространен в ферментированных пищевых продуктах, желудочно-кишечном тракте животных и человека. Исследования микробиоты кишечника при болезни Крона (БК) выявили ассоциации острой фазы с увеличением представленности лактобацилл, в частности *L. salivarius* [1]. Для кишечника пациентов с БК характерны повышенные уровни биогенных аминов, в частности путресцина и кадаверина [2], что указывает на возможное неблагоприятное воздействие их в патогенезе БК. Биогенные амины, к которым относятся тирамин, гистамин, путресцин, спермидин и кадаверин, представляют собой азотсодержащие соединения, образующиеся при декарбоксилировании аминокислот бактериями, в частности лактобациллами [3]. В связи с этим, целью данной работы было оценить генетический потенциал *L. salivarius*, выделенных от пациентов с БК, в отношении продукции биогенных аминов.

Штаммы *L. salivarius* были выделены из образцов фекалий от 2 здоровых добровольцев в двух временных точках с разницей в 14 дней и от 3 пациентов с БК в активной фазе (Казань, Татарстан) на среде MRS (BD, США). Идентификация штаммов была проведена методом масс-спектрометрии MALDI-TOF (система MALDI Biotyper, Bruker Daltonik, Германия). Выделение и очистку геномной ДНК проводили с использованием набора ZymoBIOMICS DNA Miniprep Kit (Zymo Research, США). Полногеномное секвенирование проводили на платформе Illumina MiSeq (Illumina, США). Сборку геномов *de novo* осуществляли с помощью алгоритма SPAdes v3.11.1, аннотацию выполняли с помощью Prokka v1.12. В результате из микробиоты кишечника пациентов с БК было выделено и идентифицировано как *L. salivarius* – 3 штамма, из микробиоты кишечника здоровых добровольцев – 4 штамма. Поиск генов, участвующих в продукции токсических метаболитов, выявил наличие генов орнитин декарбоксилаз (*odcI*), участвующих в биосинтезе путресцина, во всех исследуемых штаммах лактобацилл. Однако, только в геномах *L. salivarius* от пациентов с БК были обнаружены гены агматин дезаминазы (*aguA*) дополнительного пути биосинтеза путресцина. Таким образом, найденные особенности штаммов *L. salivarius*, выделенных от пациентов с БК, могут вносить вклад в патогенез заболевания. В связи с этим необходимы дальнейшие исследования выделенных штаммов в экспериментах *in vitro*, для количественной оценки синтеза биогенных аминов.

Работа выполнена на базе Междисциплинарного центра коллективного пользования КФУ в рамках Программы стратегического академического лидерства Казанского федерального университета (ПРИОРИТЕТ-2030) и финансируется за счет средств субсидии, выделенной Казанскому федеральному университету на выполнение государственного задания в сфере научной деятельности (проект № FZSM-2023-0013).

Ссылки:

1. Ghosh T. S. et al // Gut microbes. 2020. V. 12, N. 1. P. 1822729.
2. Santoru M. L. et al // Scientific reports. 2017. V. 7. N. 1. P. 9523.
3. Evanovich E. et al // International journal of genomics. 2019. P. 2019.