

Поиск ортологов L-цис-эпоксисукцинат-гидролазы в термофильных бактериях и их сравнительный анализ

Научный руководитель – Брускин Сергей Александрович

Булычев Серафим Андреевич

Студент (бакалавр)

Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева,
Москва, Россия

E-mail: serafim.bulychev@mail.ru

Поиск ортологов L-цис-эпоксисукцинат-гидролазы в термофильных бактериях и их сравнительный анализ

Булычев Серафим Андреевич

Студент

Институт Общей Генетики им. Н. И. Вавилова РАН

Лаборатория функциональной геномики

L-цис-винная кислота используется в пищевой, фармацевтической и иных отраслях промышленности. Однако, применяемые в промышленности методы её получения нестабильны и не позволяют получать L-энантиомер в чистом виде. Наибольшие перспективы оптимизации её производства связаны с микробиологическим синтезом с использованием фермента L-цис-эпоксисукцинатгидролазы, но для применения на производственном уровне необходим поиск стабильных ферментов [1].

Целью данной работы являлось выявление предположительных ортологов L-цис-эпоксисукцинатгидролазы из термофильных бактерий и их анализ по аминокислотному составу активного домена.

В ходе работы были проведены множественное выравнивание и анализ по составу активного домена найденных с помощью BLAST предположительных гомологов известных L-цис-эпоксисукцинатгидролаз. Для определения филогенетического родства использовались деревья, построенные с помощью алгоритмов maximum-likelihood и neighbor joining [2].

Для поиска термофильных гомологов использовались последовательности белков микроорганизмов метагенома двух горячих источников кальдеры Узон на Камчатке [3]. Последовательности ортогруппы, полученной с помощью Orthofinder, были выравнены, и также был проведён сравнительный анализ по составу активного домена [4].

По результатам исследования была подтверждена высокая консервативность аминокислотного состава активного домена у цис-эпоксисукцинатгидролаз и наиболее близких к ним белков. Полученные из метагенома горячего источника предположительные гомологи существенно отличались по составу активного домена, в том числе, и по аминокислотам, определяющим механизм реакции гидролиза. Был найден фермент, принадлежащий с цис-эпоксисукцинатгидролазой к одному семейству белков, с единственной аминокислотной заменой на участке, распознающем субстрат. Все бактерии, к которым относятся дегазогеназы, наиболее близкие к исследуемому ферменту, мезофильны, но были обнаружены и термотолерантные организмы.

Источники и литература

- 1) Xuan J., Feng Y. Enantiomeric tartaric acid production using cis-epoxysuccinate hydrolase: history and perspectives //Molecules. – 2019. – Т. 24. – №. 5. – С. 903.
- 2) Price M. N., Dehal P. S., Arkin A. P. FastTree 2—approximately maximum-likelihood trees for large alignments //PloS one. – 2010. – Т. 5. – №. 3. – С. e9490.
- 3) Wilkins L. G. E. et al. Metagenome-assembled genomes provide new insight into the microbial diversity of two thermal pools in Kamchatka, Russia //Scientific reports. – 2019. – Т. 9. – №. 1. – С. 1-15.
- 4) Emms D. M., Kelly S. OrthoFinder: solving fundamental biases in whole genome comparisons dramatically improves orthogroup inference accuracy //Genome biology. – 2015. – Т. 16. – №. 1. – С. 157.