

## Секция «Биоинженерия и биоинформатика»

### Обнаружение CRISPR последовательностей в геномах молочнокислых бактерий

*Райский А.П.<sup>1</sup>, Дмитриева О.В.<sup>2</sup>*

*1 - Белорусский государственный технологический университет, Факультет технологии органических веществ, 2 - Белорусский государственный технологический университет, Факультет технологии органических веществ, Минск, Беларусь  
E-mail: bt00-05@rambler.ru*

Потери сырья, а также понижение качества кисломолочных продуктов обусловлены снижением активности ферментационных процессов в результате поражения заквасочной микробиоты бактериофагами. Действенным подходом для борьбы с фаговой инфекцией считается использование в технологических процессах фагорезистентных бактерий. Однако используемые на сегодняшний день механизмы защиты бактерий эту проблему полностью не решают [1]. Последние несколько лет активно изучается механизм иммунитета бактерий на основе коротких палиндромных повторов, регулярно расположенных группами (CRISPR). При инфицировании фаговой ДНК клетка изменяет последовательность CRISPR, достраивая к концу старой последовательности еще одну или несколько единиц «повтор/спейсер». Добавленные спейсеры были аналогичны участкам фагового генома. При этом бактерии приобретают устойчивость к данному фагу. Эти локусы состоят из очень консервативных повторов около 21-48 пар оснований, которые отделены от переменной последовательности постоянных и такой же длины, называемых спейсеров примерно 20-58 пар оснований [3].

Для поиска таких последовательностей использовали полные последовательности геномов из GenBank National Center for Biotechnology Information (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) Черновые последовательности геномов энтерококков и лактококков были получены из базы данных проекта «Микробиом человека» (<http://hmpdacc.org/>). CRISPR локусы в геномах анализировали с помощью программы CRISPRFinder (<http://crispr.u-psud.fr/Server/>) [2] и CRISPI (<http://crispi.genouest.org/>).

CRISPR последовательности обнаружены в молочнокислых бактериях рода *Lactobacillus* (12 из 21), *Streptococcus* (22 из 49), *Enterococcus* (3 из 4). Таким образом, впервые обнаружены CRISPR последовательности в геномах бактерий рода *Enterococcus*. CRISPR последовательности обнаруживаются примерно в 54% бактериальных геномов, однако среди бактерий рода *Lactococcus*, самых промышленно значимых молочнокислых бактерий, CRISPR последовательностей не обнаружено ни в одном из 6 проанализированных штаммов.

### Литература

1. Forde, A., Fitzgerald, G.F. Bacteriophage defence systems in lactic acid bacteria // *Antonie Van Leeuwenhoek*. 1999. V. 76. P. 89-113.
2. Grissa, I., Vergnaud, G., Pourcel, C. CRISPRFinder: a web tool to identify clustered regularly interspaced short palindromic repeats // *Nucleic Acids Research*. 2007. V. 35. W52-57.

3. Horvath, P., Barrangou, R. CRISPR/Cas, the immune system of bacteria and archaea  
// Science. 2010. V. 327. P. 167–170.