

© Коллектив авторов, 2014

УДК 575.113.1

А.В. Яковчиц, И.А. Липко, В.Б. Ицкович, О.В. Калюжная

МОЛЕКУЛЯРНАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ И БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ШТАММОВ, ИЗОЛИРОВАННЫХ ИЗ СИМБИОТИЧЕСКОГО СООБЩЕСТВА ЭНДЕМИЧНОЙ ГУБКИ *LUBOMIRSKIA BAICALENSIS*

Лимнологический институт СО РАН, Иркутск, Россия

Цель. Идентифицировать бактериальные штаммы, выделенные из микробного сообщества губки *Lubomirskia baicalensis* и провести ПЦР-скрининг на наличие в их геномах генов синтеза биоактивных метаболитов.

Материалы и методы. Проведено секвенирование 16S рРНК исследуемых штаммов, их идентификация по базе данных EMBL и ПЦР-скрининг с вырожденными праймерами на наличие генов синтеза поликетидсинтаз (PKS).

Результаты. Идентифицировано 30 культур, определена их принадлежность к филумам *Firmicutes*, *Actinobacteria* и *Proteobacteria*; в 15 штаммах обнаружены продукты ПЦР, соответствующие по размеру фрагменту кетосинтазного домена генного кластера PKS.

Заключение. Работа вносит вклад в изучение таксономического разнообразия культивируемых микроорганизмов байкальских губок. Показано, что метод ПЦР-скрининга генов PKS применим для исследования потенциальной способности микроорганизмов разных таксономических групп вырабатывать вторичные метаболиты.

Ключевые слова: бактериальные штаммы, симбиотическое сообщество *Lubomirskia baicalensis*, гены 16S рРНК, гены поликетидсинтаз (PKS), ПЦР-скрининг, секвенирование

A.V. Yakovchits, I.A. Lipko, V.B. Itskovich, O.V. Kaluzhnaya

MOLECULAR IDENTIFICATION AND BIOTECHNOLOGICAL POTENTIAL OF BACTERIAL STRAINS ISOLATED FROM SYMBIOTIC COMMUNITY OF ENDEMIC SPONGE *LUBOMIRSKIA BAICALENSIS*

Limnological Institute, SB RAS, Irkutsk, Russia

Objective. Identify the bacterial strains, isolated from a microbial community of sponge *Lubomirskia baicalensis* and hold the PCR-screening for the presence of bioactive metabolites gene synthesis in their genomes.

Materials and methods. Sequencing of the 16S rRNA of the investigated strains was made and their identification by EMBL database and PCR-screening with degenerate primers for the presence of genes polyketide synthesis (PKS) was fulfilled.

Results. It is determined that 30 strains belong to bacterial phyla *Firmicutes*, *Actinobacteria* and *Proteobacteria*; in 15 strains the PCR-products corresponding to the size of ketosynthase domain of PKS gene cluster were found.

Conclusions. This work made a contribution to the taxonomic diversity of cultivated microorganisms community from Baikal sponge. It is shown that the method of PCR screening of PKS genes applicable to investigate the potential ability of microorganisms of different taxonomic groups to produce secondary metabolites.

Key words: bacterial strains, symbiotic community of *Lubomirskia baicalensis*, 16S rRNA genes, polyketidesynthase (PKS) genes, PCR- screening, sequencing