



## Перспективные бактерии-продуценты биологически активных веществ для сельского хозяйства и пищевой промышленности\*

Тюрина Д.Г., Лаптев Г.Ю., Новикова Н.И., Ильина Л.А., Филиппова В.А., Йылдырым Е.А.,

Пономарева Е.С., Бражник Е.А., Заикин В.А., Савичева А.А., Патюкова Н.С.

Общество с ограниченной ответственностью «БИОТРОФ+» (ул. Малиновская, д.8, лит. А, пом. 7-Н, г. Пушкин, Санкт-Петербург, 196602, Россия)

**Для цитирования:** Тюрина Д.Г., Лаптев Г.Ю., Новикова Н.И., Ильина Л.А., Филиппова В.А., Йылдырым Е.А., Пономарева Е.С., Бражник Е.А., Заикин В.А., Савичева А.А., Патюкова Н.С. Перспективные бактерии-продуценты биологически активных веществ для сельского хозяйства и пищевой промышленности. Экспериментальная и клиническая гастроэнтерология. 2025;(7): 117–125 doi: 10.31146/1682-8658-ecg-239-7-117-125



Для переписки:

Ильина

Лариса

Александровна

ilina@biotrof.ru

Тюрина Дарья Георгиевна, к.э.н., финансовый директор

Лаптев Георгий Юрьевич, д.б.н., директор

Новикова Наталья Ивановна, к.б.н. финансовый директор

Ильина Лариса Александровна, д.б.н., начальник молекулярно-генетической лаборатории

Филиппова Валентина Анатольевна, биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории

Йылдырым Елена Александровна, главный биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории

Пономарева Екатерина Сергеевна, биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории

Бражник Евгений Александрович, специалист отдела контроля качества

Заикин Василий Александрович, биотехнолог молекулярно-генетической лаборатории

Савичева Алекса Анисовна, биотехнолог

Патюкова Наталия Сергеевна, биотехнолог

## Резюме

\* Рисунок 1  
к статье –  
на цветной  
вклейке в журнал  
(стр. I).

**Цель.** Изучение биотехнологического потенциала штаммов коллекции компании «БИОТРОФ» с использованием полногеномного NGS-секвенирования.

**Материал и методы.** Был проанализирован геном 6 бактериальных штаммов родов *Bacillus*, *Lactobacillus* и *Streptococcus* из коллекции ООО «БИОТРОФ» (г. Санкт-Петербург). Биоинформационный анализ данных включал обработку в программных комплексах инструментов и базах данных RAST, KEGG Pathway, antiSMASH 6.0, Norine, CAZy, PHASTER, VirulenceFinder и ResFinder.

**Результаты.** Проведенный анализ показал, что исследуемые штаммы имели гены, ассоциированные с синтезом большого числа антимикробных веществ различной природы и спектра действия, ферментов, витаминов, аминокислот, генов устойчивости к агрессивным факторам внешней среды и другими свойствами, обуславливающими высокий потенциал их применения в различных отраслях. Использование штаммов рода *Bacillus* и *Enterococcus* может оказаться более предпочтительным для производства биопрепаратов для растениеводства (стимуляция роста и защита растений, биоремедиация) и животноводства (регуляция микробиома ЖКТ, повышение иммунитета, детоксикация, повышение доступности питательных веществ) из-за большего спектра генов, связанных с адаптацией, ферментативной активностью, антимикробной защитой, синтезом витаминов и аминокислот. *Lactobacillus plantarum* 600, *Bacillus subtilis* 111, *Bacillus mucilaginosus* 159 в составе генома имеют детерминанты осмотолерантности и синтеза антимикробных соединений, что обуславливает их потенциал в качестве консервантов для кормов, а *Streptococcus thermophilus* L – гены синтеза экзополисахаридов, необходимых для производства кисломолочной продукции. В геноме всех исследуемых штаммов отсутствовали элементы, способствующие формированию токсичных и вирулентных свойств штаммов.

**Заключение.** Установлен высокий потенциал исследованных штаммов для использования в растениеводстве, животноводстве и пищевой промышленности.

EDN: PXDYXH



**Ключевые слова:** биопрепарат, бактериальные штаммы, коллекция биотехнологических штаммов, полногеномное секвенирование, метаболический потенциал

**Конфликт интересов.** Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**Финансирование:** исследование выполнено при поддержке гранта РНФ № 22-16-00128-П «Изучение токсического действия глифосатов на функциональное состояние микробного сообщества кишечника птиц, их рост и развитие и разработка биопрепарата на основе штамма-деструктора глифосата».



<https://doi.org/10.31146/1682-8658-ecg-239-7-117-125>

## Promising bacteria-producers of biologically active substances for agriculture and food industry\*

D.G. Tyurina, G.Yu. Laptev, N.I. Novikova, L.A. Ilina, V.A. Filippova, E.A. Yildirim,

E.S. Ponomareva, E.A. Brazhnik, V.A. Zaikin, A.A. Savicheva, N.S. Patyukova

Limited Liability Company "BIOTROF+", (bldg. 8, lit. A, pom. 7-N, Malinovskaya st., Pushkin, St. Petersburg, 196602, Russia)

**For citation:** Tyurina D.G., Laptev G.Yu., Novikova N.I., Ilina L.A., Filippova V.A., Yildirim E.A., Ponomareva E.S., Brazhnik E.A., Zaikin V.A., Savicheva A.A., Patyukova N.S. Promising bacteria-producers of biologically active substances for agriculture and food industry. *Experimental and Clinical Gastroenterology*. 2025;(7): 117–125. (In Russ.) doi: 10.31146/1682-8658-ecg-239-7-117-125

✉ Corresponding author:

**Larisa A. Ilina**

ilina@biotrof.ru

Darya G. Tyurina, Financial Director, PhD; ORCID: 0000-0001-9001-2432

Georgy Yu. Laptev, Director, PhD; ORCID: 0000-0002-8795-6659, Scopus Author ID: 54414368800

Natalya I. Novikova, Financial Director, PhD; ORCID: 0000-0002-9647-4184

Larisa A. Ilina, Head of Molecular-Genetic Laboratory, PhD; ORCID: 0000-0003-2789-4844, Scopus Author ID: 57060452100

Valentina A. Filippova, Biotechnologist of Molecular-Genetic Laboratory; ORCID: 0000-0001-8789-9837

Elena A. Yildirim, Main Biotechnologist of Molecular-Genetic Laboratory, PhD; ORCID: 0000-0002-5846-5105

Ekaterina S. Ponomareva, Biotechnologist of Molecular-Genetic Laboratory; ORCID: 0000-0002-4336-8273

Evgeny A. Brazhnik, Quality control specialist, PhD; ORCID: 0000-0003-2178-9330

Vasily A. Zaikin, Biotechnologist of Molecular-Genetic Laboratory; ORCID: 0009-0006-8029-9955

Alesya A. Savicheva, Biotechnologist

Natalya S. Patyukova, Biotechnologist

### Summary

\* Illustration 1 to the article is on the colored inset of the Journal (p. I).

**Purpose.** Study of biotechnological potential of strains of the BIOTROF company collection using whole-genome NGS sequencing.

**Material and methods.** The genome of 6 bacterial strains of the genera *Bacillus*, *Lactobacillus* and *Streptococcus* from the collection of BIOTROF LLC (St. Petersburg) was analyzed. Bioinformatics data analysis included processing in software packages of tools and databases RAST, KEGG Pathway, antiSMASH 6.0, Norine, CAZy, PHASTER, VirulenceFinder and ResFinder.

**Results.** The analysis showed that the studied strains had genes associated with the synthesis of a large number of antimicrobial substances of various natures and spectrums of action, enzymes, vitamins, amino acids, genes of resistance to aggressive environmental factors and other properties that determine the high potential of their application in various industries. The use of strains of the genus *Bacillus* and *Enterococcus* may be more preferable for the production of biopreparations for plant growing (stimulation of plant growth and protection, bioremediation) and animal husbandry (regulation of the gastrointestinal microbiome, increased immunity, detoxification, increased availability of nutrients) due to a wider range of genes associated with adaptation, enzymatic activity, antimicrobial protection, synthesis of vitamins and amino acids. *Lactobacillus plantarum* 600, *Bacillus subtilis* 111, *Bacillus mucilaginosus* 159 in the genome have determinants of osmotolerance and synthesis of antimicrobial compounds, which determines their potential as preservatives for feed, and *Streptococcus thermophilus* L has genes for the synthesis of exopolysaccharides necessary for the production of fermented milk products. The genome of all the studied strains did not contain elements that contribute to the formation of toxic and virulent properties of the strains.

**Conclusion.** The studied strains have been shown to have high potential for use in crop production, livestock farming and the food industry.

**Keywords:** biopreparation, bacterial strains, collection of biotechnological strains, whole genome sequencing, metabolic potential

**Conflict of interests.** The authors declare no conflict of interest.

**Funding:** the study was supported by the Russian Science Foundation grant No. 22-16-00128-P "Study of the toxic effect of glyphosates on the functional state of the microbial community of the intestines of birds, their growth and development and the development of a biopreparation based on a glyphosate-degrading strain"

**В** настоящее время востребованность в микроорганизмах-продуцентах различных биологически-активных веществ в мире существенно возрастает в связи с переходом к экологичным технологиям в сельском хозяйстве, медицине, пищевой и других отраслях промышленности. К частности, интерес у специалистов вызывает замена различных агрохимикатов в растениеводстве, кормовых антибиотиков в животноводстве на перспективные в биотехнологическом аспекте продуценты различных антимикробных соединений, ферментов, витаминов и других БАВ [1]. Повышается спрос на ферментативные, пробиотические, пребиотические и комбинированные биопрепараты, способствующие повышению эффективности выращивания животных, их неспецифического иммунитета, стимуляции роста растений, качества заготовки кормов, а также продукции питания для человека [1, 2, 3].

К наиболее используемым в качестве биопрепаратов микроорганизмам для сельского хозяйства и пищевой промышленности относят лактобациллы, бифидобактерии, бациллы, энтерококки [1]. Так, сообщалось, что представители рода *Bacillus* имеют целый ряд перспективных биотехнологических свойств, связанных с их высокой ферментативной активностью, стабильностью при хранении, антагонистическими свойствами к широкому перечню условно-патогенных и патогенных видов [4, 5, 6].

## Материал и методы

### 2.1. Сведения об испытуемых штаммах

В исследовании были проанализированы гены 6 бактериальных штаммов *Bacillus subtilis* 111, *Bacillus mucilaginosus* 159, *Bacillus megaterium* B-4801,

В настоящее время высока потребность эффективных микроорганизмов для пищевой промышленности, в частности штаммов бактерий родов *Streptococcus*, *Lactobacillus*, *Enterococcus*, *Pediococcus* для производства качественной и безопасной кисломолочной продукции, сыра, колбас и других продуктов питания.

Среди проблем, связанных с созданием микробиологических препаратов отмечают наличие у штаммов неизвестных свойств, которые могут быть положительными (биосинтез антимикробных веществ, ферментов, витаминов), так и отрицательными (образование нежелательных веществ, наличие факторов патогенности). В связи с этим широкую актуальность приобретает исследование геномов перспективных штаммов с применением NGS-секвенирования (next generation sequencing). Это позволяет изучить потенциальные свойства перспективных штаммов, в т.ч. охарактеризовать генетические детерминанты, связанные с биосинтезом разнообразных БАВ (биологически активных веществ), имеющих ценность для сельского хозяйства и пищевой промышленности, а также подтвердить отсутствие факторов патогенности и вирулентности, то есть определить биологическую безопасность микроорганизмов.

Цель настоящего исследования состояла в изучении биотехнологического потенциала штаммов коллекции компании «БИОТРОФ» с использованием полногеномного NGS-секвенирования.

### 2.2 Полногеномное секвенирование штаммов

Полногеномное секвенирование штаммов проводили на базе молекулярно-генетической лаборатории компании «БИОТРОФ». ДНК для исследования выделяли по стандартным методикам с использованием набора Genomic DNA Purification Kit («Thermo Fisher Scientific, Inc.», США).

*Enterococcus faecium* 1-35, *Streptococcus thermophilus* L, *Lactobacillus plantarum* 600 из коллекции ООО «БИОТРОФ» (г. Санкт-Петербург).

Библиотеку ДНК для полногеномного секвенирования готовили с использованием набора Nextera DNA Flex (Illumina, Inc., США). Нуклеотидные последовательности определяли с помощью прибора MiSeq (Illumina, Inc., США), с использованием комплекта реактивов MiSeq Reagent Kit v3 (300-cycle; Illumina, США).

### 2.3. Биоинформационический и математический анализ данных

Оценку качества последовательностей выполняли с применением специализированного программного обеспечения FastQC [7]. Недостоверные последовательности и адаптеры удаляли с помощью программы Trimmomatic-0.38 [8]. Отфильтрованные по длине не менее 50 пар нуклеотидов (п.н.) парноконцевые последовательности собирали *de novo* при помощи геномного сборщика SPAdes-3.11.1 [9]. Полученные контиги использовали для последующего анализа. Функциональную аннотацию геномных последовательностей выполняли с помощью веб-сервера RAST 2.0 (RAST, rapid annotations using subsystems technology) [10] и базы данных KEGG Pathway (<http://www.genome.jp/kegg/>). Для поиска генных кластеров,

вовлеченных в синтез вторичных метаболитов, использовали веб-сервис antiSMASH 6.0 [11] с последующими уточнениями в базе NCBI протеин. Для идентификации нерибосомных пептидов (NRP) использовали базу данных Norine [12]. Для поиска в геномах углеводно-активных ферментов использован алгоритм аннотации bCAN (CAZy). Поиск профаговых последовательностей выполняли с использованием веб-сервера PHASTER [13]. Вирулентность геномов анализировали при помощи программы VirulenceFinder [14] при поддержке веб-сервиса Дании «Центр геномной эпидемиологии». Поиск и оценку детерминант устойчивости к антибиотикам выполняли при помощи программы ResFinder [15].

## Результаты и обсуждение

С применением метода полногеномного секвенирования был подробно описан геном и метаболический потенциал штаммов коллекции перспективных микроорганизмов коллекции компании «БИОТРОФ» (Санкт-Петербург), которые используются в качестве биопрепаратов для сельского хозяйства (консерванты кормов, кормовые добавки) и пищевой промышленности (закваски для производства кисломолочной продукции и др.). Геномы штаммов были аннотированы с применением комплекса инструментов и баз данных: RAST, KEGG Pathway, antiSMASH 6.0, Norine, CAZy, PHASTER, VirulenceFinder и ResFinder.

В геноме исследованных штаммов нами были выявлены все основные группы генов для белков, которые совместно реализуют определенный

биологический процесс, вовлеченных в функции транспорта и метаболизма аминокислот, транскрипции, трансляции, транспорта и метаболизма углеводов, белков (рис. 1). Штаммы обладали генами для функционирования полного набора метаболических путей, включая гликолиз, цикл трикарбоновых кислот и пентозофосфатный путь.

Потенциальные метаболические свойства штаммов бактерий в рамках проведенного исследования были охарактеризованы в аспекте их потенциала в защите животных и растений от патогенов, синтеза различных биологически-активных соединений, в т.ч. антимикробных веществ, ферментов, витаминов, оказывающих влияние на рост и развитие, иммунитет и метаболизм растений, животных, а также для производства продуктов питания для человека.

### Антибиотические соединения

В настоящее время способность к синтезу антибиотиков, бактериоцинов, циклических липопептидов и липидных ферментов с антимикробной активностью, обеспечивающих, например, пробиотические свойства, показана для многих микроорганизмов, например, для бактерий рода *Bacillus*, *Lactobacillus* и др. [16]. Присутствие в геноме микроорганизмов локусов, определяющих синтез антибиотических соединений, является одним из самых важных функциональных свойств, учитываемых при выборе микроорганизмов для создания препаратов. Широкое применение биопрепараты с антагонистическими свойствами имеют в качестве кормовых добавок, средств защиты растений, консервантов для объемистых кормов, заквасок для кисломолочной промышленности.

Анализ результатов секвенирования генома исследованных штаммов рода *Bacillus* с использованием базы данных Kegg Pathway показал наличие у них кластера генов (*FabD*, *FabF*, *FabG*, *FabI*, *FabZ* и др.), отвечающих за синтез ферментов, принимающих участие в образовании алифатических ненасыщенных карбоновых кислот с 3–18 атомами углерода (масляной, лауриновой, капроновой, каприновой, каприловой, пальмитиновой, миристиновой, стеариновой и олеиновой). Это позволяет предположить широкий спектр антимикробной активности данных микроорганизмов.

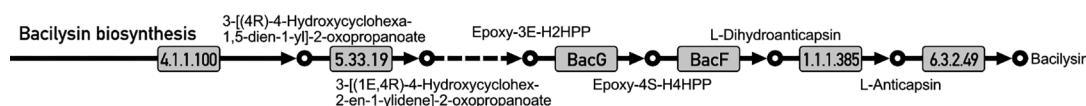
В ходе анализа генетических локусов, кодирующих синтез антибиотических метаболитов, выяснилось, что в геноме исследованных нами коллекционных штаммов детектированы кластеры, отвечающие за биосинтез таких вторичных метаболитов, как бактериоцины, сидерофоры и лантипептиды (рис. 2). Наибольшее разнообразие таких метаболических путей и генов выявлено в геноме исследованных штаммов бацилл. Так, в геноме

штамма *B. mucilaginosus* 159 выявлены гены синтеза одновременно нескольких антибиотических веществ различной природы и спектра действия. В частности, у них обнаружены гены синтеза макролактина Н – антибиотика из группы поликетидов, лантипептида второго класса – мерсацидина, а также бацилизина. У штамма бактерии *B. megaterium* B-4801 выявлены гены, связанные с синтезом каносамина из группы аминогликозидов и поликетидных ансамициновых бактериоцинов из группы макролидов. Геном штамма *B. subtilis* 111 содержит гены синтеза лантипептида класса 3 – андалусицина, бацилизина, поликетидного антибиотика макролактина Н, диффицидина, бациллаена – полиенового антибиотика, а также липопептидов – фенгицина с высокой антифунгальной активностью и сурфактина.

Полученные результаты, с одной стороны, объясняют высокий антибиотический потенциал бацилл в отношении различных бактерий, микроскопических токсикообразующих грибов, актиномицетов, а с другой – уникальность свойств различных штаммов. Так, некоторые обнаруженные в геноме штамма гены, связанные с синтезом бактериоцина каносамина, выявлены нами впервые, тогда как ранее они выявлялись у других представителей рода *Bacillus*, в т.ч. *B. cereus*, *B. pumilus* и *B. subtilis* [18]. О синтезе штаммами бацилл лантипептидов также не сообщалось ранее, имеются лишь данные о синтезе цитолизина А бактериями *Escherichia coli* [19] и другими бактериями семейства *Enterobacteriaceae* [20]. Так же имеются данные о биосинтезе *B. subtilis* других лантипептидов – бакулицина, действие которого направлено против таких пищевых патогенов как *Listeria monocytogenes* [21].

Исследованные геномы штаммов молочнокислых бактерий также обладали широким перечнем

**Рисунок 2.**  
Биосинтез антибиотика бацилизина штаммом *B. subtilis* 111 и *B. mucilaginosus* 159 согласно базе данных KEGG Pathway (<http://www.genome.jp/kegg/>)



генов, ассоциированных с антимикробными свойствами. У штамма *E. faecium* 1-35 выявлен ген лихенизин А синтетазы (LicA), который участвует в синтезе высокоактивного биосурфактана – лихенизина А, имеющего структурные сходства с липопептидом сурфактин. Сурфактин, как и многие небольшие пептиды у прокариот и низших эукариот, синтезируется нерибосомально мультиферментным комплексом пептидсинтетазы. В геноме штамма бактерии *Streptococcus thermophilus* L выявлены гены синтеза макроциклического пептида – стрептина, казукамицина и лантипептидов. Антимикробная активность стрептина против бактерий пока охарактеризована недостаточно, но известно, что рибосомально синтезированные и посттрансляционно модифицированные пептиды (RiPP) участвуют в системе кворум-сенсорики, общей для многих стрептококков, а также способны регулировать синтез бактериоцинов. Казукамицин,

член семейства метаболитов манумицинов, является противомикробным и потенциальным противоопухолевым средством, выделенным из *Streptomyces nodosus subsp. Asukaensis* [22].

В целом, способность к синтезу антибиотиков, бактериоцинов, циклических липопептидов и лических ферментов с антимикробной активностью обеспечивают пробиотическую активность бактерий, возможность их использования в качестве регуляторов микробиоты растений и животных (Sorokulova, 2013). Высокий антагонистический потенциал штаммов является также важным критерием их отбора для производства продуктов питания и обеспечения стабильности готового продукта, сдерживая рост нежелательной микробиоты порчи продукции, в т.ч. *Micrococcus luteus*, *Brochotrich thermophaga*, *Clostridium butyricum*, *S. aureus*, *Listeria innocua*, *L. monocytogenes*, *Escherichia coli* и др. [23].

### Сидерофоры

В геноме исследованных нами бацилл выявлены вторичные метаболиты сидерофоры, представляющие низкомолекулярные молекулы, связывающие железо ( $Fe^{3+}$ ), образуя внеклеточные железо-сидерофоровые комплексы, которые транспортируются в цитозоль бактерий. Сидерофоры – продукты бактерий, нередко применяются для стимулирования роста и развития растений, а также для экологической биоремедиации. Известно, что сидерофоры способны к увеличению роста микроорганизмов в естественных или искусственных средах и к модификации микробного сообщества [24]. Так, образование сидерофоров

у штамма *B. megaterium* B-4801 с участием установленного нами генного кластера (последовательность длиной 15 889 п.н.), выполняется при непосредственном участии белка из семейства IucA/IucC с вовлечением генов комплекса данного кластера. Предполагаемый сидерофор исследованного нами штамма – шизокинен, процесс синтеза которого сходен с таковым у цианобактерий рода *Leptolyngbya* РСС 7376 [25]. Ранее биосинтез сидерофоров выявляли у некоторых штаммов бацилл, в частности шизокинен – цитратсодержащий дигидроксамат, является сидерофором, продуктируемым *B. megaterium* и *Anabaena* sp. [24, 25].

### Деградация ксенобиотиков

По мнению некоторых авторов, микроорганизмы могут вносить значимый вклад в процессы деградации пестицидов и других ксенобиотиков, тем самым позитивно влияя, с одной стороны, на рост растений и плодородие почвы, а с другой – на качество и безопасность продукции животноводства и растениеводства [26]. Наиболее перспективными в данном отношении считаются бациллы. Данные бактерии традиционно относят к почвенным, однако их выявляют в самых различных местах обитания – морской воде, пчелином мёде, высушенных продуктах питания [26]. Так, например, биодеградация пентахлорфенола, относящегося к токсичным соединениям, может осуществляться *B. mucilaginosus* [27]. Культура *B. megaterium* 501rif снижала фитотоксичность гербицидов, разлагая их в ризосфере овса и кукурузы, оказывая положительное влияние и на рост растений [28].

В нашем исследовании у некоторых штаммов были выявлены широкие потенциальные возможности к метаболизму токсических соединений,

включая глифосат. В частности, у штамма *B. megaterium* B-4801 выявлены гены таоA, OH, HPAD, HPADO, feaB и ряд других детерминант, связанных с разложением ароматических аминов и других подобных соединений. Ранее сообщалось об участии у *E. coli* гена feaB, кодирующего фенилацетальдегидрогеназу в детоксикации фенилацетальдегида. Токсичного промежуточного продукта при разложении стирола. При участии гена FeaB фенилацетальдегид преобразуется в фенилацетат, менее токсичное соединение, используя НАД<sup>+</sup> в качестве коубстрата. Детоксикация имеет важное значение для защиты организма растений, животных и человека от таких ксенобиотиков, таких как микотоксины, бактериальные токсины и др. [29]. В частности, ферментативные системы исследованного нами штамма *B. megaterium* B-4801 участвуют в деградации гербицида глифосат, который широко используется в растениеводстве, распространяясь затем по пищевой цепи, и вызывая риски для здоровья человека [30].

### Гены адаптации

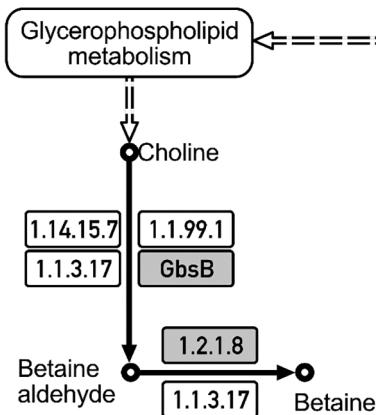
В составе генома штаммов выявлен целый спектр детерминант, отвечающих за различные адаптивные механизмы, обуславливающие устойчивость к окислительному, холодовому, токсическому и кислотному стрессу, осмотическому давлению, тепловому шоку (табл. 1). Способность бактерий

адаптироваться, выживать и сохранять свою активность в неблагоприятных условиях существенно повышает их конкурентные преимущества в окружающей среде и, соответственно, эффективность их использования в качестве различных биопрепараторов, в т.ч. для стимуляции роста растений,

**Таблица 1.**  
Сравнительный анализ результатов анализа генов некоторых штаммов бактерий, отвечающих за различные адаптационные механизмы

Тип воздействия	Гены бактерий, отвечающие за устойчивость		
	<i>Bacillus mucilaginosus</i> 159	<i>Enterococcus faecium</i> 1-35	<i>Bacillus megaterium</i> B-4801
Окислительный стресс	Sod A, B, C, HPII, GloB	Sod A, GloA, B	Sod A, B, C, HPII, GloB
Холодовой шок	Csp A, D, G	Csp A, B, D	Csp A, D, G
Высокое осмотическое давление	BetB, C, OpuA, B, ProU, ChA	BetT, OpuA, C, ProU	BetB, C, OpuA, B, ProU, ChA
Тепловой шок	RdgB, LepA, RsmE, HrcA, DnaK, GrpE	-	RdgB, LepA, RsmE, HrcA, DnaK, GrpE
Токсический стресс	CysA	-	CysA
Кислотный стресс	ArgR, RocF, D, A, R, E, SpeA, B, ArcA, D, F	ArgR, RocF, D, A, R, E, SpeA, B, ArcA, C, D, F, R	ArgR, RocF, D, A, R, E, SpeA, B, ArcA, D, F

**Рисунок 3.**  
Синтез глицин-бетамина согласно базе данных KEGG Pathway (<http://www.genome.jp/kegg/>).



консервирования кормов, в качестве кормовых добавок, улучшающих здоровье и продуктивность животных. Например, ранее сообщалось о повышении урожайности различных сельскохозяйственных культур на фоне совместного применения *Bacillus megaterium* вместе с *Rhizobius irregularis* при исследовании в засушливых климатических условиях и высокотемпературного стресса [31].

Ранее было показано, что бактерии рода *Bacillus* обладают более высокими адаптационными механизмами, что было подтверждено и в нашем исследовании. Это связано со способностью бацилл к образованию эндоспор, позволяющих им сохранять жизнеспособность в экстремальных условиях: при высоких или низких температурах, радиации, неоптимальных pH, давлении и в присутствии токсичных химических веществ, которые повреждают вегетативные клетки [32]. В геноме исследованных нами штаммов бацилл детектировано значительное количество (на примере штамма 1-35 *B. megaterium* B-4801 – более 20%) генов, реализующих взаимодействия с окружающей средой: связанных с формированием клеточной оболочки и капсулированием, моторикой и хемотаксисом, клеточным сингалингом, реакцией на стресс и т.д., что указывает на высокий потенциал пробиотической активности. Вероятно, этот набор генов может способствовать выживанию штамма в условиях агрессивной среды

желудочно-кишечного тракта, а также адгезии к клеткам эпителия хозяина.

Высокий интерес вызывает также широкое разнообразие генов адаптации к кислотному, окислительному стрессу, осмотическому давлению и холодовому шоку у штамма *E. faecium* 1-35, что обуславливает его высокий потенциал для выживания и роста в почве, на растениях, в пищеварительном тракте. Другие исследованные нами штаммы молочнокислых бактерий, обладали меньшими адаптационными свойствами, преимущественно обладая генами устойчивости к осмотическому и окислительному стрессу. Детерминант устойчивости к антибиотикам в геномах всех исследованных штаммов по данным оценки ResFinder и факторов вирулентности согласно VirulenceFinder обнаружено не было.

Интересной особенностью некоторых бацилл (*B. subtilis* 111, *B. mucilaginosus* 159) и молочнокислых бактерий *Lactobacillus plantarum* 600 являлось наличие в геноме уникального пути внутриклеточного синтеза осмопротектора глицин-бетамина при участии бетаин альдегиддегидрогеназы BetB (рис. 3), который, в частности, не обладает широкой представленностью у бактерий рода *Bacillus*. Эти свойства повышают осмотическую устойчивость штаммов микроорганизмов, что может оказаться определяющим для создания биологических заквасок для заготовки силоса, когда увеличение осмотического давления в растительных клетках, приводит к угнетению развития большинства молочнокислых бактерий, обуславливая замедление подкисления массы и ухудшения качества готового корма [33]. Ранее считалось, что бациллы в основном способны синтезировать внутри себя только одно осмопротекторное вещество – пролин. Но также одним из механизмов адаптации, который был выявлен у обоих исследованных штаммов оказался механизм синтеза глицин бетамина, являющегося очень эффективным осмопротектором, который накапливается в высоких концентрациях в ответ на повышение осмотического давления из холина под действием ферментов холин дегидрогеназы (BetA(GbsB)) и бетаин альдегид дегидрогеназы (BetB) [34].

### Ферментативные свойства

Бактерии, особенно представители рода *Bacillus*, интересны своей способностью к синтезу необычных и полезных ферментов. Такие микроорганизмы имеют высокий потенциал в животноводстве и растениеводстве, обеспечивая более высокую доступность различных питательных соединений,

а также в производстве продуктов питания, формируя структурные и вкусо-ароматические свойства готового продукта.

Для идентификации генов, участвующих в деградации углеводов, в том числе сложных полисахаридов, в геноме штаммов был использован

алгоритм аннотации углеводно-активных ферментов bCAN (CAZy), который позволил выявить нам целый ряд семейств ферментов, отвечающих за разложение углеводов: гликозилгидролаз, гликозилтранфераз, углевод-связывающих белковых модулей (CBM).

Интересно, что в геномах штаммов различных родов выявлены как уникальные особенности, так и сходство углеводно-активных ферментов. В частности, у штаммов *B. megaterium* B-4801, *B. subtilis* 111 и *E. faecium* 1-35 выявлено присутствие генов, кодирующих синтез хитиназ семейства GH 18, участвующих в разложении полисахарида хитина, дополнительно у *B. megaterium* B-4801 – GH 19, у *B. subtilis* 111 – GH 23. Отличия между штаммами наблюдались и по генам синтеза других углеводно-активных ферментов. В частности у *E. faecium* 1-35 обнаружены ксиланазы семейств GH 1, 4, и 43, у *B. subtilis* 111 – GH 3, 17, 30 и 43. Известно, что ксилан является вторым наиболее распространенным полисахаридом и основным компонентом растительной клеточной стенки. Детектированные в геноме штаммов бацилл *B. megaterium* B-4801 гены целлюлаз, относились к семейству GH 6, у *B. subtilis* 111 – GH 5, 6 и 51. Среди амилаз в геноме

штамма *B. subtilis* 111 и *E. faecium* 1-35 обнаружены амилазы, относящиеся к семейству GH 13, которые, как известно, принимают участие в разложении крахмала. В других обнаруженных семействах гликозилгидролаз присутствуют ферменты, связанные с гидролизом простых углеводов –  $\beta$ -глюкозидазы,  $\beta$ -галактозидазы,  $\beta$ -глюкуронидазы,  $\beta$ -маннозидазы и пр.

В геноме некоторых штаммов обнаружены углевод связывающие белки семейства CBM: у *E. faecium* 1-35 обнаружены семейства CBM 5, 34 и 50, у *B. megaterium* B-4801 – CBM 5, 35, 41, 48, 50, 68, у *B. subtilis* 111 – CBM 5 и 50. Эти ферменты необходимы для образования целлюлосом – мультиферментных внеклеточных комплексов, связанных с поверхностью клетки и опосредующих прикрепление клеток к нерастворимым субстратам, разлагающих их до растворимых продуктов, которые затем абсорбируются. Наличие у штаммов целлюлозосвязывающих модулей, свидетельствует о способности штамма эффективно прикрепляться к молекулам целлюлозы и других полисахаридов. Таким образом, установлено, что штаммы обладают целым рядом генетических отличий, связанных с разложением сложных полисахаридов.

### Экзополисахариды

Способность бактерий синтезировать различные экзополисахариды, определяет их возможность для использования в производстве продуктов питания, прежде всего кисломолочных, таких как йогурты, сметана, творожки и др. Наиболее перспективными для производства кисломолочной продукции использования считаются молочнокислые бактерии, такие как бактерии родов *Leuconostoc*, *Lactococcus*, *Bifidobacterium*, *Lacticaseibacillus*, *Propionibacterium*, *Streptococcus* и др. Данные микроорганизмы благодаря своим свойствам обеспечивают такие свойства готовой продукции, как кислотообразование, газо- и аромаобразование, влагоудерживающие свойства, формирование сгустка, вязкость, вкусовые качества [35]. Известно, что бактерии вида *S. thermophilus* оказывают влияние на такие показатели кисломолочной продукции, как вкус, кислотность, вязкость и влагоудерживающее действие. Некоторые гены, влияющие на данные

свойства, связаны с синтезом глутаматдекарбоксилазы, ацетилтрансферазы, гликозилтрансферазы, биосинтеза полисахаридов и экзополисахаридов (EPS). Подобно другим молочным бактериям, вид *S. thermophilus* способен синтезировать экзополисахариды (EPS), которые способствуют улучшению вязкости и текстуры йогурта [36]. Эти свойства обусловлены генами *epsA*, *epsB*, *epsC* и *epsD*, которые участвуют в регуляции, полимеризации, формировании длины цепи и транспорте из клеток. В частности, у штамма *S. thermophilus* LS нами детектированы гены образования гликозилтрансфераз, играющих ключевую роль в биосинтезе сложных углеводов и участвующих в образовании экзополисахаридов, влияющих на структуру и реологические свойства продукта. Некоторые гены, ассоциированные с синтезом экзополисахаридов, могут быть уникальными для штаммов, определяя их потенциал в получении готового кисломолочного продукта.

### Витамины и аминокислоты

Другие перспективные свойства молочнокислых бактерий, используемых в производстве пищевой продукции, связаны с их высоким метаболическим потенциалом, в т.ч. с синтезом аминокислот и витаминов. Аннотирование генов в базе данных KEGG показало, что в геноме штамма бактерии *S. thermophilus* LS 76 генов относились к метаболизму витаминов и коферментов, *L. plantarum* 600–84 гена. У обоих штаммов выявлены пути производства ряда аминокислот, в т.ч. ароматических. Гены биосинтеза витаминов и кофакторов *S. thermophilus* LS ассоциированы с синтезом биотина, пиридоксина, коэнзима А, фолиевой кислоты, рибофлавина и др., *L. plantarum* 600 – тиамина, биотина, пиридоксина, коэнзима А, фолиевой кислоты, рибофлавина.

Исследованные нами штаммы бацилл, прежде всего, составляющие основу кормовых добавок для животных, также обладали широким спектром генов биосинтеза витаминов. В частности, штамм *B. subtilis* 111 обладает генами биосинтеза витаминов группы В (тиамина, рибофлавина, пантотеновой кислоты, B12), биотина, тетрагидрофолата, липоевой кислоты, а штамм 159 – к биосинтезу рибофлавина, тиамина.

Известно, что большинство витаминов и кофакторов, продуцируемых микроорганизмами, являются также единственным их источником для животных и растений. В частности, известно, что коэнзим А является одним из важнейших метаболитов, необходимых для обеспечения многих жизненно-важных процессов, включая

обеспечение антиоксидантной защиты, иммунных реакций, транспортных функций и метаболизма. Кроме того, имеются данные, что некоторые витамины, в частности, рибофлавин повышает сопротивляемость растений, которые становятся менее чувствительными к грибкам, паразитам, а также устойчивость растений к условиям абиотического стресса [37].

Многие аминокислоты также являются жизненно-важными для организма животных, растений и человека. Так, широкий интерес представляет собой исследование механизмов стимуляции роста растений под влиянием микроорганизмов-продуцентов аминокислоты триптофана. Установлено, что штамм *B. subtilis* 111 и *S. thermophilus* LS, имеют в геноме гены биосинтеза фитогормонов – ауксинов, в т.ч. их важнейшего предшественника триптофана. Биосинтез ауксинов микроорганизмами является одним из наиболее важных механизмов стимуляции роста и развития растений [38]. Гетероауксин – индолил-3-уксусная кислота (ИУК), является наиболее распространенным ауксином, предшественником образования

которой является триптофан, выявленный в метаболических путях штаммов. Ранее было показано, что к бактериям PGPB (Plant Growth-Promoting Bacteria), стимулирующим рост растений, помимо *B. subtilis*, относят также такие виды, как *Azotobacter chroococcum*, *Pseudomonas fluorescens*, родов *Serratia* и пр. [39].

Другие аминокислоты – аспарагиновая и глутаминовая – играют важную роль в стимуляции роста растений и повышении их стрессоустойчивости. Было показано, что инокуляция растений консорциумами PGPR-бактерий, улучшает поступление питательных веществ из почвы и повышает устойчивость ячменя и нута к засухе, при этом важную роль играет аспарагиновая кислота, продуцируемая бактериями [37]. Глутаминовая кислота может действовать как внешний сигнал, вызывающий сложные изменения в росте и развитии корней, а также повышает термоустойчивость растений [40]. В связи с этим, биосинтез данных аминокислот микроорганизмами, является важным фактором обеспечения жизнедеятельности организма растений, животных и человека.

## Заключение

С применением метода полногеномного секвенирования были подробно описаны потенциальные метаболические свойства штаммов коллекции ООО «БИОТРОФ» (г. Санкт-Петербург).

По результатам исследований сделаны выводы о том, что исследованные штаммы обладают высоким биотехнологическим потенциалом для использования в практике растениеводства, животноводства и пищевой промышленности. Штаммы являются безопасными для использования в качестве микроорганизмов-пробиотиков,

использоваться в заквасках для получения консервированных кормов и продуктов питания. Штамм *Streptococcus* имеет широкие перспективы использования для получения безопасной и качественной кисломолочной продукции. Использование штаммов рода *Bacillus* и *Enterococcus* может оказаться более предпочтительным для производства кормовых добавок для животных и растениеводства из-за большего спектра синтезируемых антимикробных веществ и витаминов.

## Литература | References

1. Seo J.K., Kim M., Kim S. Ha Direct-fed Microbials for Ruminant Animals Asian-Aust. *J Anim Sci.* 2010; 23 (12): 1657–1667. doi: 10.5713/ajas.2010.r.08.
2. Tarakanov B.V., Nikolicheva T.A., Aleshin V.V. Probiotics. Achievements and prospects of use in animal husbandry. *Past, present and future of zootechnical science.* 2004; 62: 69–73. (in Russ.)  
Тараканов Б.В., Николичева Т.А., Алешин В.В. Пробиотики. Достижения и перспективы использования в животноводстве и пищевой промышленности. Штаммы являются безопасными для использования в качестве микроорганизмов-пробиотиков, 2004;(62):69–73.
3. Tikhonovich I.A. Kozhemyakov A.P., Chebotar V.K. Bio pharmaceuticals in agriculture. Methodology and practice of application of microorganisms in plant breeding and fodder production. – M.: Rosselkhozakademiya, 2005. (in Russ.)  
Тихонович И.А. Кожемяков А.П., Чеботарь В.К. Биопрепараты в сельском хозяйстве. Методология и практика применения микроорганизмов в растениеводстве и кормопроизводстве. – М.: Россельхозакадемия, 2005.
4. Lefevre M., Racedo S.M., Ripert G., Housez B. et al. Probiotic strain *Bacillus subtilis* CU1 stimulates immune system of elderly during common infectious disease period: a randomized, doubleblind placebo-controlled study. *Immun. Ageing.* 2015; V.12 (1): 24. doi: 10.1186/s12979-015-0051-y.
5. Kapsea N.G., Engineera A.S., Gowdamana V. et al. Functional annotation of the genome unravels probiotic potential of *Bacillus coagulans* HS243. *Genomics.* 2018; 111 (4): 921–929. doi: 10.1016/j.ygeno.2018.05.022.
6. Sulthana A. Lakshmi S.G., Madempudi R.S. Genome Sequencing and Annotation of *Bacillus subtilis* UBBS-14 to Ensure Probiotic Safety. *J. Genomics.* 2019; 29 (7):14–17. doi: 10.7150/jgen.31170.
7. Andrews S. FastQC: a quality control tool for high throughput sequence data [Electronic resource]. 2010. <http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc> (Accessed: 25.09.2023)
8. Bolger A.M., Lohse M., Usadel B. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics.* 2014; 30 (15): 2114–2120. doi: 10.1093/bioinformatics/btu170.
9. Nurk S., Bankevich A., Antipov D. et al. Assembling genomes and mini-metagenomes from highly chimeric reads. *Research in Computational Molecular Biology: 17th Annual International Conference.* Beijing, China: Springer Berlin Heidelberg. 2013. 7821: 158–170.

10. Aziz R.K., Bartels D., Best A.A., DeJongh M. et al. The RAST Server: rapid annotations using subsystems technology. *BMC genomics*. 2008; 9 (75): 1–15. doi: 10.1186/1471–2164–9–75.
11. Blin K., Shaw S., Kloosterman A.M., Charlop-Powers Z. et al. antiSMASH 6.0: improving cluster detection and comparison capabilities. *Nucleic acids research*. 2021; 49 (W1): W29–W35. doi: 10.1093/nar/gkab335.
12. Flissi A., Dufresne Y., Michalik J., Tonon L. Norine, the knowledgebase dedicated to non-ribosomal peptides, is now open to crowdsourcing. *Nucleic acids research*. 2015; 44 (D1): D1113–D1118. doi: 10.1093/nar/gkv1143.
13. Arndt D., Grant J.R., Marcu A., Sajed T. et al. PHASTER: a better, faster version of the PHAST phage search tool. *Nucleic acids research*. 2016; 44 (W1): W16–W21. doi: 10.1093/nar/gkw387.
14. Kleinheinz K.A., Joensen K.G., Larsen M. Applying the ResFinder and VirulenceFinder web-services for easy identification of acquired antibiotic resistance and *E. coli* virulence genes in bacteriophage and prophage nucleotide sequences. *Bacteriophage*. 2014; 4 (2): e27943. doi: 10.4161/bact.27943.
15. Bortolai V., Kaas R.S., Ruppe E. et al. ResFinder 4.0 for predictions of phenotypes from genotypes. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*. 2020; 75 (12): 3491–3500. doi: 10.1093/jac/dkaa345.
16. Sorokulova I. Modern status and perspectives of *Bacillus* bacteria as probiotics. *Prob. Health*. 2013; 1 (4): 1–5. doi: 10.4172/2329–8901.1000e106.
17. Milner J.L., Silo-Suh L., Lee J.C. et al. Production of kanosamine by *Bacillus cereus* UW85. *Applied and Environmental Microbiology*. 1996; 62(8): 3061–3065. doi: 10.1128/aem.62.8.3061–3065.1996.
18. Vetter N.D., Langill D.M., Anjum S., Boisvert-Martel J. et al. A previously unrecognized kanosamine biosynthesis pathway in *Bacillus subtilis*. *Journal of the American Chemical Society*. 2013; 135(16): 5970–5973. doi: 10.1021/ja4010255.
19. Ludwig A., von Rhein C., Bauer S., Hüttinger C. et al. Molecular analysis of cytolyisin A (ClyA) in pathogenic *Escherichia coli* strains. *Journal of Bacteriology*. 2004; 186(16): 5311–5320. doi: 10.1128/JB.186.16.5311–5320.2004.
20. Murase K. Cytolyisin A (ClyA): A bacterial virulence factor with potential applications in nanopore technology, vaccine development, and tumor therapy. *Toxins (Basel)*. 2022; 14(2): 78. doi: 10.3390/toxins14020078.
21. Fu Y., Zhou L., Kuipers O.P. Discovery, biosynthesis, and characterization of a lanthipeptide from *Bacillus subtilis* EH11 with a unique lanthionine ring pattern. *Cell Reports Physical Science*. 2023; 4(8), 101524. doi: 10.1016/j.xcrp.2023.101524.
22. Nes I.F., Diep D.B., Holo H. Bacteriocin diversity in *Streptococcus* and *Enterococcus*. *J. Bacteriol*. 2007; 189 (4): 1189–98. doi: 10.1128/JB.01254–06.
23. Wei Y., Wang J., Liu Z., Pei J. et al. Isolation and Characterization of Bacteriocin-Producing *Lacticaseibacillus rhamnosus* XN2 from Yak Yoghurt and Its Bacteriocin. *Molecules*. 2022; 27(7): 2066. doi: 10.3390/molecules27072066.
24. Chuljerm H., Deedumon M., Fucharoen S., Mazzacuva F. et al. Characterization of two siderophores produced by *Bacillus megaterium*: A preliminary investigation into their potential as therapeutic agents. *Biochim Biophys Acta Gen Subj*. 2020; 1864(10): 129670. doi: 10.1016/j.bbagen.2020.129670.
25. Plowman J.E., Loehr T.M., Goldman S.J., Sanders-Loehr J. Structure and siderophore activity of ferric schizokinen. *Journal of Inorganic Biochemistry*. 1984; 20: 183–197.
26. Platonov A.V., Rassokhina I.I., Laptev G.Yu., Bolshakov V.N. Preparations use based on bacteria of the genus *Bacillus* to increase the yield of oats (*Avena sativa* L.). *AGRIVITA Journal of Agricultural Science*. 2023; 45(1): 48–55.
27. Khalil O.A.A., Omara M.A. Optimizing rapid pentachlorophenol biodegradation using response surface methodology. *Bioremediation Journal*. 2022; 27(1): 1–20. doi: 10.1080/10889868.2022.2086528.
28. Wołejko E., Łozowicka B., Kaczyński P., Jankowska M. et al. The influence of effective microorganisms (EM) and yeast on the degradation of strobilurins and carboxamides in leafy vegetables monitored by LCMS/MS and health risk assessment. *Environmental Monitoring and Assessment*. 2016; 188: 1–14. doi: 10.1007/s10661–015–5022–4.
29. Yildirim E.A., Grozina A.A., Ilina L.A., Filippova V.A. et al. Gene expression in farm poultry under the influence of T-2 toxin and the use of biological preparations. *Acta Biomedica Scientifica*. 2022; 7(3): 180–189. doi: 10.29413/ABS.2022–7.3.19.
30. Tiurina D.G., Melikidi V.K., Okolelova T.M., Ylydyrym E.A. et al. Glyphosate in diets for poultry. *Ptitsevodstvo*. 2021; 3: 27–30. doi: 10.33845/0033–3239–2021–70–3–27–30.
31. Romero-Munar A., Aroca R., Zamarreño A.M., García-Mina J.M. et al. Dual Inoculation with *Rhizophagus irregularis* and *Bacillus megaterium* Improves Maize Tolerance to Combined Drought and High Temperature Stress by Enhancing Root Hydraulics, Photosynthesis and Hormonal Responses. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023; 24 (6): 5193. doi: 10.3390/ijms24065193.
32. Bernardeau M., Lehtinen M.J., Forssten S.D., Nurminen P. Importance of the gastrointestinal life cycle of *Bacillus* for probiotic functionality. *J. Food Sci. Technol.* 2017; 54: 2570–2584. doi: 10.1007/s13197–017–2688–3.
33. Pobednov Yu. A., Kosolapov V.M. Biological bases of silage and haylage of grasses (review). *Agricultural Biology*. 2014; 2: 31–41. doi: 10.15389/agrobiology.2014.2.31eng. (in Russ.)  
Победнов Ю.А., Косолапов В.М. Биологические основы силосования и сенажирования трав (обзор). Agricultural Biology. 2014; 2: 31–41. doi: 10.15389/agrobiology.2014.2.31eng.
34. Nau-Wagner G., Opper D., Rolbetski A., Boch J. et al. Genetic control of osmoadaptive glycine betaine synthesis in *Bacillus subtilis* through the choline-sensing and glycine betaine-responsive GbsR repressor. *J. Bacteriol*. 2012; 194: 2703–2714. doi: 10.1128/JB.06642–11.
35. Sun Z., Chen X., Wang J. et al. Complete genome sequence of *Streptococcus thermophilus* strain ND03. *J Bacteriol*. 2011; 193 (3): 793–4. doi: 10.1128/JB.01374–10.
36. Duboc, P., Mollet B. Applications of exopolysaccharides in the dairy industry. *Int. Dairy J.* 200111: 759–768. doi: 10.1016/S0958–6946(01)00119–4.
37. Khan N., Bano A., Rahman M.A. et al. Comparative physiological and metabolic analysis reveals a complex mechanism involved in drought tolerance in chickpea (*Cicer arietinum* L.) induced by PGPR and PGRs. *Scientific Reports*. 2019; 9 (1): 2097. doi: 10.1038/s41598–019–38702–8.
38. Tewari S., Arora N.K. Role of salicylic acid from *Pseudomonas aeruginosa* PF23EPS+ ingrowth promotion of sunflower in saline soils infested with phytopathogen *Macrophomina phaseolina*. *Environ. Sustain.* 2018; 1: 49–59. doi: 10.1007/s42398–018–0002–6.
39. Majeed A., Muhammad Z., Ahmad H. Plant growth promoting bacteria: Role in soil improvement, abiotic and biotic stress management of crops. *Plant Cell Rep*. 2018; 37: 1599–1609. doi: 10.1007/s00299–018–2341–2.
40. Quan J., Zheng W., Tan J., Li Z. et al. Glutamic acid and poly- $\gamma$ -glutamic acid enhanced the heat resistance of chinese cabbage (*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*) by improving carotenoid biosynthesis, photosynthesis, and ROS signaling. *International Journal of Molecular Sciences*. 2022; 23 (19): 11671. doi: 10.3390/ijms231911671.

## К статье

Перспективные бактерии-продуценты биологически активных веществ для сельского хозяйства и пищевой промышленности (стр. 117–125)

To article

Promising bacteria-producers of biologically active substances for agriculture and food industry (p. 117–125)

**Рисунок 1.**  
Результаты анализа генома штамма (на примере штамма *Enterococcus faecium* 1–35) в программном обеспечении RAST

