



Újonnan vizsgált Trichoderma fajok peptaibol-profiljainak mennyiségi és minőségi vizsgálata HPLC-HRMS technikával

BALÁZS Dóra, ROZSNYÓI Ákos, MARIK Tamás, TYAGI Chetna, SZEKERES András, VÁGVÖLGYI Csaba, KREDICS László

Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Biológia Intézet, Mikrobiológiai Tanszék

dora.balazs91@gmail.com

Kulcsszavak: Trichoderma, peptaibol, HPLC-MS, MIC, filogram

A Trichoderma nemzetség ma már több mint 350 leírt gombafajt foglal magába, melyek közül számos törzset alkalmaznak kedvező tulajdonságaiknak köszönhetően a mezőgazdaságban és a biotechnológiában. A nemzetség számos képviselője más gomba- és baktériumfajokkal szembeni antagonisták hatás kifejtésére képes, ennek köszönhetően a növénypatogén mikroorganizmusok kizorításával biológiai növényvédelmet biztosít. A Trichoderma fajok által termelt számos másodlagos metabolit nagy részét a peptaibiotikumok alkotják, melyek közé tartozik az általunk vizsgált peptaibolok csoportja is. A peptaibolok biológiailag aktív, lineáris, 6-20 aminosav hosszúságú oligopeptidek, nagy számban tartalmazhatnak nem-fehérjealkotó aminosavakat, mint például α -aminoizovajsavat (Aib) vagy izovalint (Iva). Szintézisükért nem-riboszomális peptid-szintetázok (NRPS) felelősek, melyek moduláris felépítése szerepet játszik a szekvenciákra jellemző nagymértékű mikroheterogenitás kialakulásában.

Kutatásunkban 6, korábban peptaibol-termelésre nem vizsgált Trichoderma törzs (T. cerebriforme comb. nov., T. estonicum, T. camerunense, T. tomentosum, és a T. rossicum 2 törzse) peptaibol-termelését vizsgáltuk kvalitatív és szemikvantitatív módszerekkel, továbbá peptaibol-extraktumokat állítottunk elő további vizsgálatukhoz.

A kiválasztott Trichoderma törzsek peptaibol-profiljainak vizsgálatához HPLC-HRMS módszert alkalmaztunk, melynek segítségével meghatároztuk az egyes törzsek által termelt peptaibol-szekvenciák aminosavsorrendjét, mennyiségi és minőségi összetételét, továbbá filogenetikai és bioaktivitás-vizsgálatokat is végeztünk peptaibol-extraktumok felhasználásával. Kutatásunk során összesen 103 peptaibolt határoztunk meg, melyek közül 96 szekvencia bizonyult teljesen újnak. A T. cerebriforme comb. nov. TUCIM 1657, T. estonicum TUCIM 1518, T. tomentosum TUCIM 2696, T. camerunense TUCIM 1720 és a T. rossicum TUCIM 3235 törzsek esetében 18 aminosav hosszúságú peptaibol-szekvenciákat, a T. rossicum TUCIM 889 törzs esetében pedig 19 aminosav hosszúságú peptaibol-szekvenciákat azonosítottunk.

A vizsgált Trichoderma törzsek által termelt, újonnan meghatározott, illetve a korábban már leírt, szakirodalomból letöltött peptaibolok általános szekvenciái alapján filogramot készítettünk, melyeket a termelő törzsek tef1 α -szekvenciái alapján készült filogramokkal vetettünk össze. Eredményeink alapján, az egyes törzsek jellegzetes peptaibolprofiljával rendelkeznek, melyek segítségével, a tef1 α által kialakított kládokhoz hasonlóan csoportokba sorolhatók.

Meghatároztuk az egyes peptaibol-kivonatok minimális gátló koncentrációját (MIC), eredményeink alapján az egyes szekvenciák aminosav-összetétele és szerkezete is befolyásolja a Gram-negatív és Gram-pozitív baktériumokkal szemben kifejtett gátló hatásukat.



MISKOLCI
E G Y E T E M

XXIV. Tavaszi Szél Konferencia

2021. május 28-30.



Az eddig nem vizsgált *Trichoderma* törzsek peptaibol-termelésének meghatározásával új lehetőségek nyílhatnak az ipari és mezőgazdasági alkalmazásukban. A szerkezeti sajátosságok és más mikroorganizmusokkal szemben kifejtett gátló hatás ismerete elősegítheti a növénypatogénnal szembeni hatásos védekezést. Az egyes fajokra, illetve törzsekre jellemző peptaibol-profil meghatározása segítheti a rokonsági-kapcsolati viszonyok feltérképezését.