

Дополнительные материалы

(Таблица S1, Рисунки S1–S14)

Антимикробные метаболиты из назальной микробиоты свиней

А. А. Баранова*, Ю. В. Закалюкина**,****, А. П. Тюрин*, В. А. Коршун*, О. А. Белозерова*,
М. В. Бирюков***,****, А. В. Моисеенко*,***, С. С. Терехов*, В. А. Алферова*,*

*ФГБУН “Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова” РАН,
Россия, 117997 Москва, ул. Миклухо-Маклая, 16/10

**Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, факультет почвоведения,
Россия, 119991 Москва, Ленинские горы, 1, стр. 12

***Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, биологический факультет,
Россия, 119234 Москва, Ленинские горы, 1, стр. 12

****Научный центр трансляционной медицины НТУ “Сириус”,
Россия, 354340 Краснодарский край, пгт. Сириус, Олимпийский просп., 1

СОДЕРЖАНИЕ

Таблица S1. Утилизация субстратов с помощью бумажных индикаторов	3
Рисунок S1. SEM штамма <i>Nocardiosis alba</i> SM-1.	7
Рисунок S2. SEM штамма <i>Rhodotorula frigidialcoholis</i> SM-6.	8
Рисунок S3. SEM штамма <i>Pseudomonas aeruginosa</i> SM-11.	8
Рисунок S4. SEM штамма <i>Chaetomium anastomosans</i> SM-20.	9
Рисунок S5. ESEM штамма <i>Nocardiosis alba</i> SM-1.	10
Рисунок S6. ESEM штамма <i>Chaetomium anastomosans</i> SM-20.	11
Рисунок S7. Филограмма, показывающая положение выделенных штаммов бактерий на основании сравнения нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК, построенная методом максимального подобия (maximum likelihood).....	12
Рисунок S8. Филограмма, построенная на основании сравнения гена β -тубулина у выделенного штамма SM-20 и типовых грибов <i>Chaetomium</i> spp. методом присоединения соседей (neighbor joining).....	13
Рисунок S9. Филограмма, построенная на основании сравнения последовательностей внутреннего транскрибируемого спейсера (ITS) у выделенного штамма SM-6 и типовых <i>Rhodotorula</i> spp. и <i>Sporobolomyces</i> spp. методом присоединения соседей (neighbor joining).....	14
Рисунок S10. Филограмма, показывающая положение штаммов SM-1, SM-2 и наиболее близких типовых актиномицетов (помечены знаком T), на основании сравнения нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК, построенная методом присоединения соседей (neighbor joining).	15
Рисунок S11. Сравнение фрагментации иона $[M + H]^+$ пиохелина с данными из GNPS (GNPS-LIBRARY:accession: CCMSLIB00005724305).	16
Рисунок S12. Сравнение фрагментации иона $[M + H]^+$ пиоцианина с данными из GNPS (GNPS-LIBRARY:accession: CCMSLIB00000531524).	17
Рисунок S13. Сравнение фрагментации иона $[M - H]^-$ пиолотеорина с данными из GNPS (GNPS-LIBRARY:accession: CCMSLIB00004679385).	18
Рисунок S14. Сравнение фрагментации иона $[M + H]^+$ RhaC10C10 с данными из GNPS (GNPS-LIBRARY:accession: CCMSLIB00004684329).	19

Таблица S1. Утилизация субстратов с помощью бумажных индикаторов

Реагенты для идентификации вибрионов	Сахароза	Лизин	Инозитол	Манноза	Арабиноза	Лактоза
	Глюкоза	Уреаза	Орнитин	Маннит	Аргинин	
Реагенты для идентификации энтеробактерий	Цитрат натрия	Лизин	Инозитол	Фенилаланин	β -галактозидаза	Малонат натрия
	Уреаза	Орнитин	Сорбит	Реакция Фогеса-Проскурава	Образование сероводорода	

SM-1 <i>Nocardiosis alba</i>	SM-2 <i>Nocardiosis alba</i>
	
SM-3 <i>Moraxella porci</i>	SM-4 <i>Moraxella porci</i>
	
SM-5 <i>Moraxella porci</i>	SM-6 <i>Rhodotorula frigidialcoholis</i>
	

SM-7 *Weissella cibaria*



SM-8 *Weissella cibaria*



SM-9 *Enterococcus italicus*



SM-10 *Citrobacter freundii*



SM-11 *Pseudomonas aeruginosa*



SM-12 *Lactococcus lactis* subsp. *lactis*



SM-13 *Glaesserella parasuis*

SM-14 *Proteus cibi*



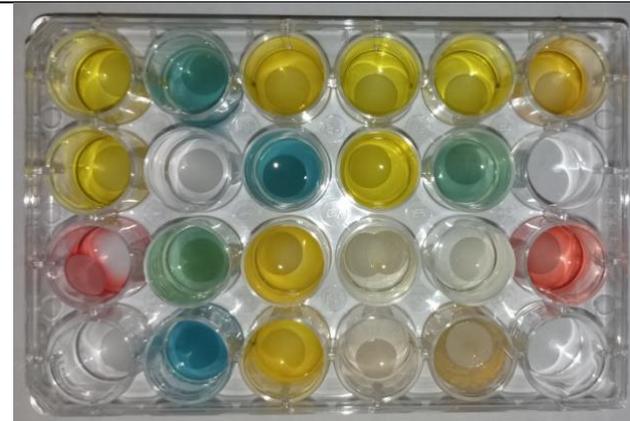
SM-15 *Serratia marcescens* subsp. *marcescens*



SM-16 *Serratia marcescens* subsp. *marcescens*



SM-17 *Serratia marcescens* subsp. *marcescens*



SM-18 *Bacillus subtilis*



SM-19 *Arthrobacter psychrochitiniphilus*



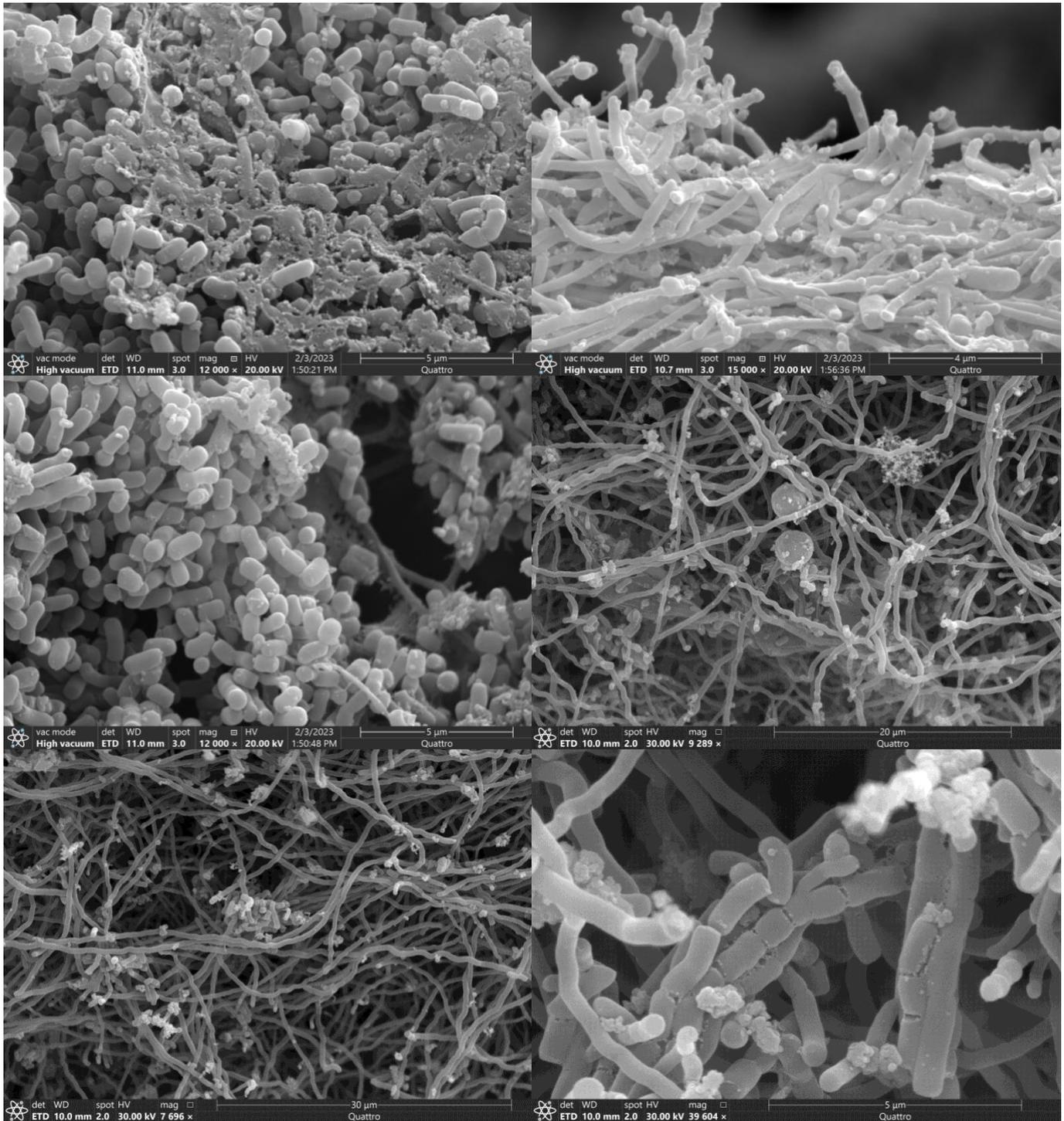
SM-20 *Chaetomium anastomosans*



Control



Рисунок S1. SEM штамма *Nocardioopsis alba* SM-1.



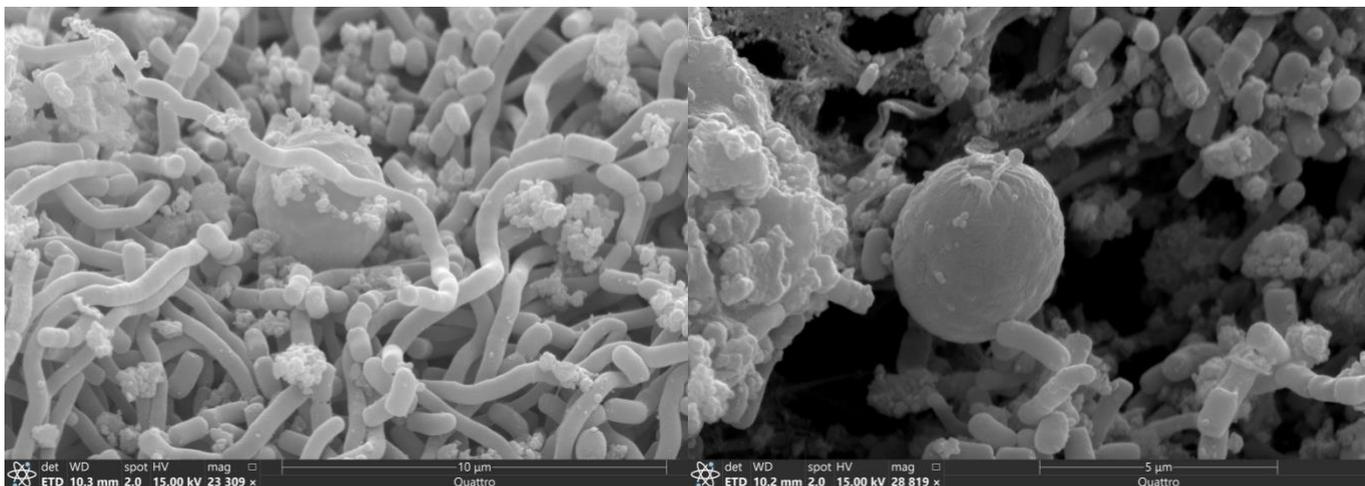


Рисунок S2. SEM штамма *Rhodotorula frigidialcoholis* SM-6.

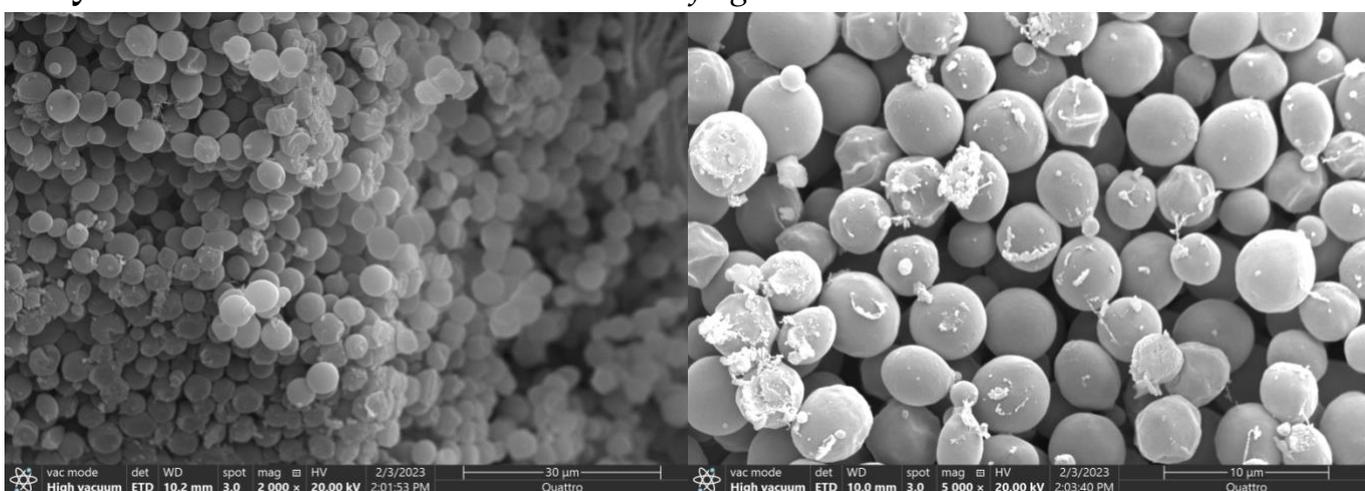


Рисунок S3. SEM штамма *Pseudomonas aeruginosa* SM-11.

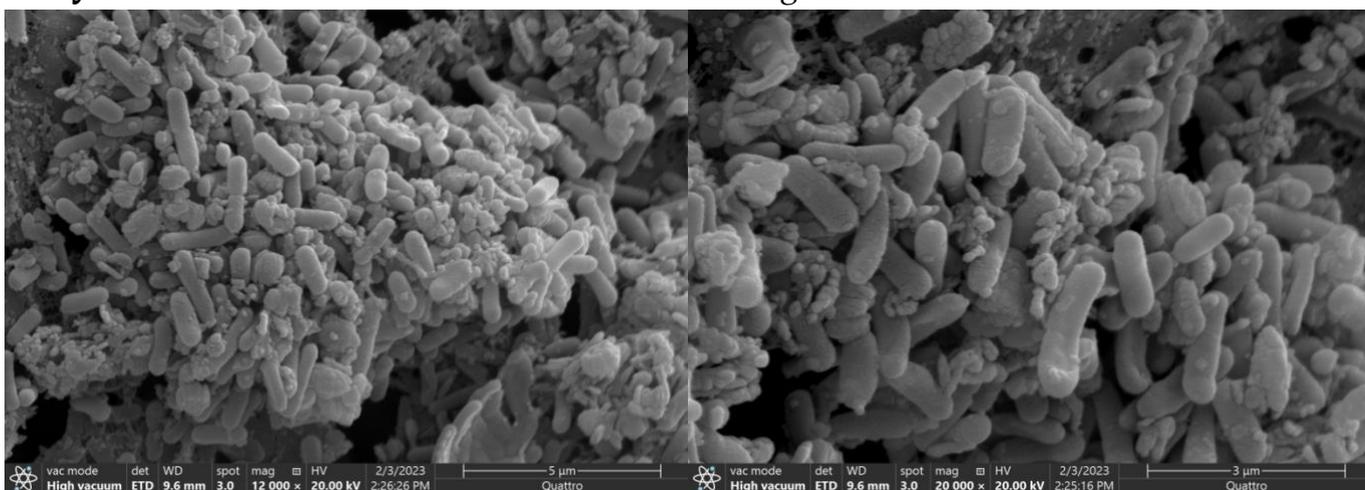


Рисунок S4. SEM штамма *Chaetomium anastomosans* SM-20.

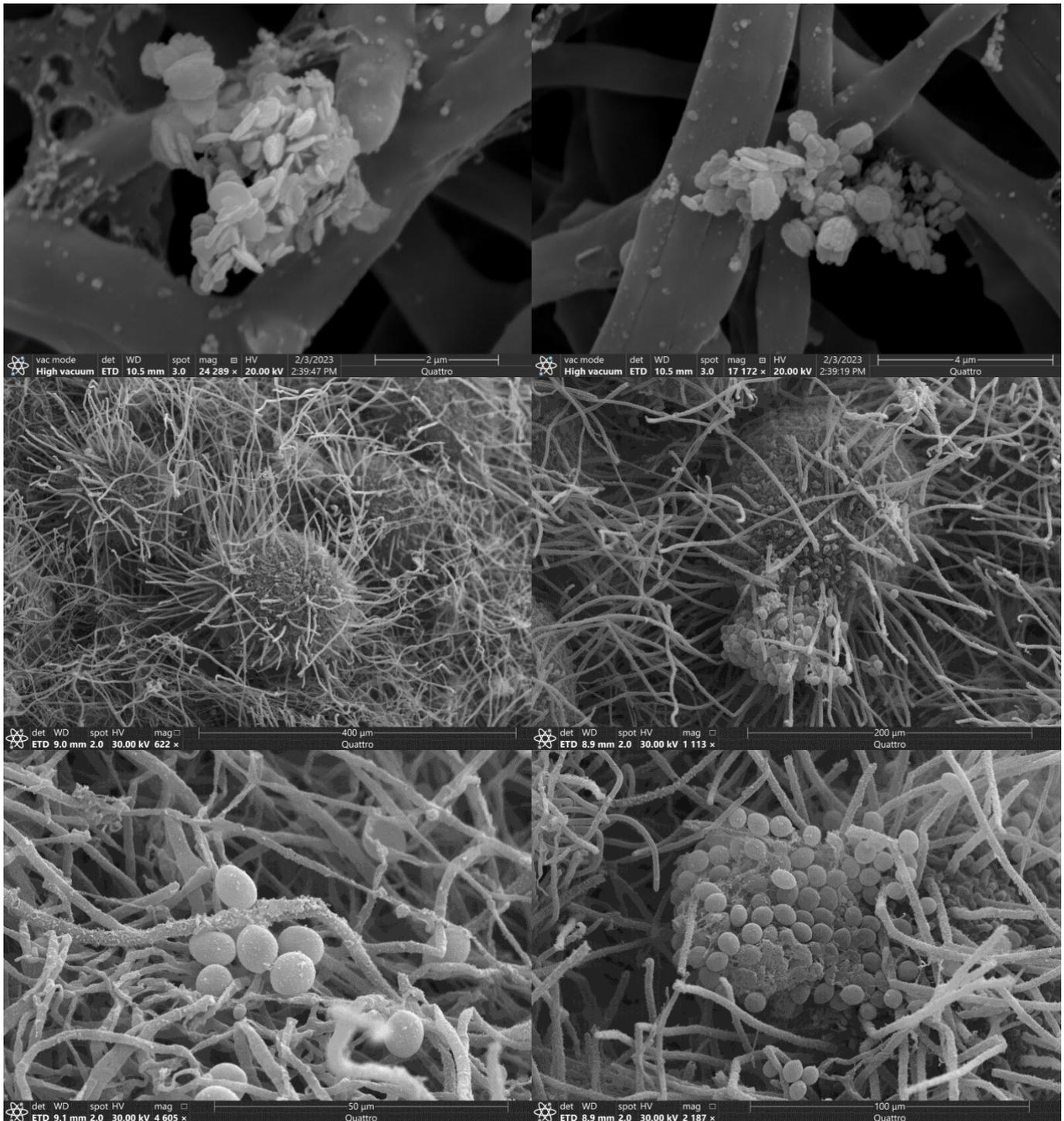


Рисунок S5. ESEM штамма *Nocardioopsis alba* SM-1.

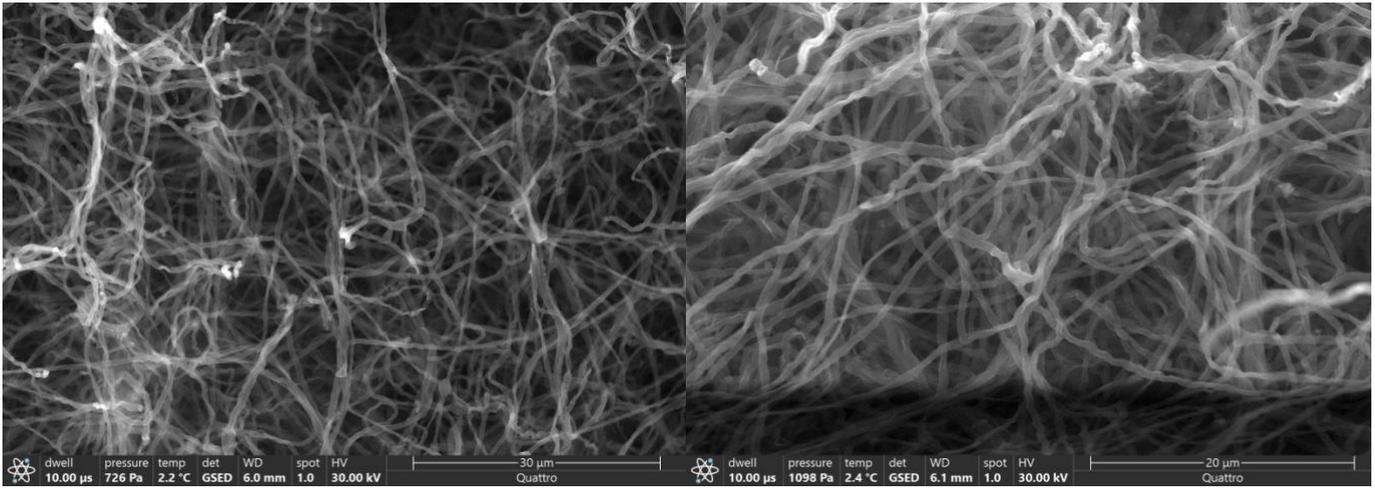


Рисунок S6. ESEM штамма *Chaetomium anastomosans* SM-20.

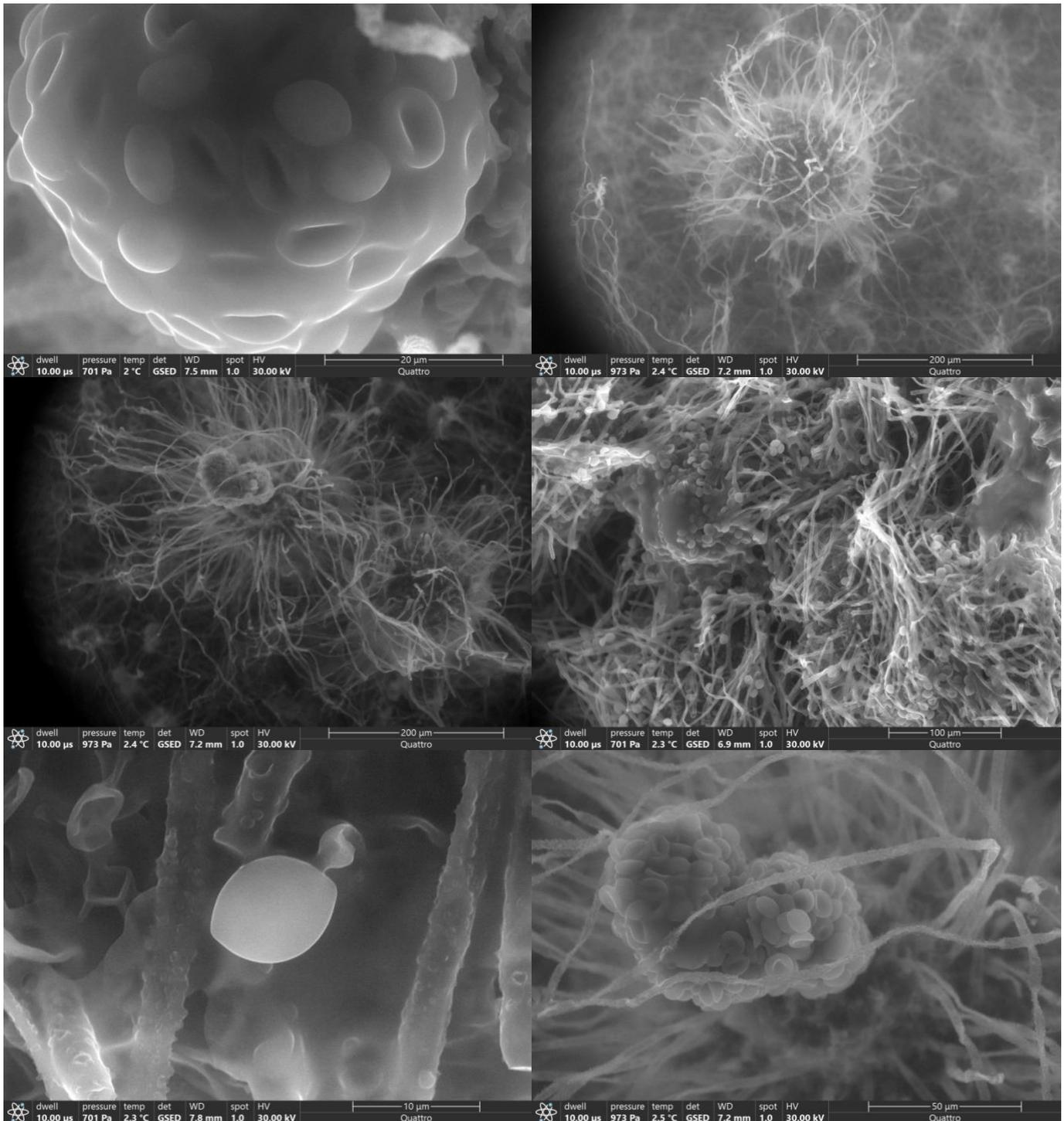
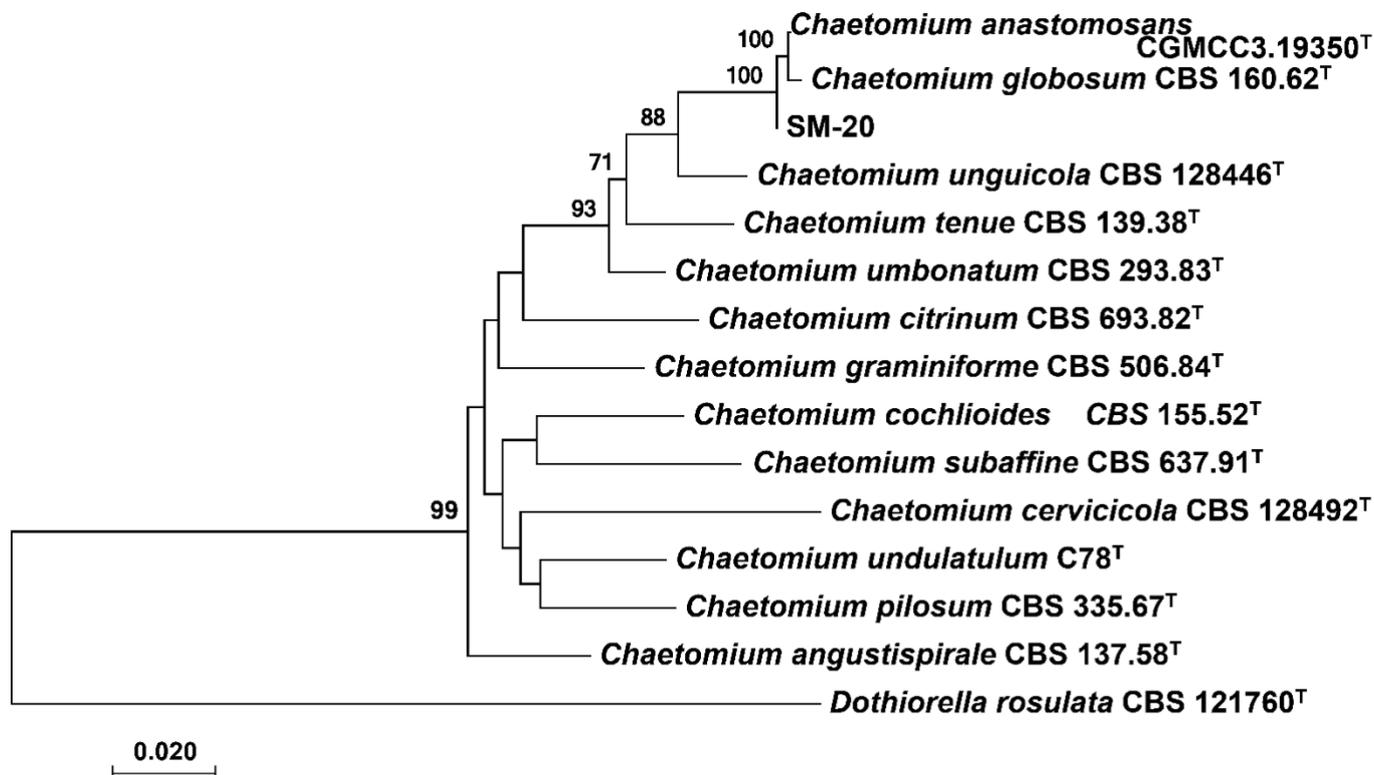


Рисунок S7. Филограмма, показывающая положение выделенных штаммов бактерий на основании сравнения нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК, построенная методом максимального подобия (maximum likelihood)



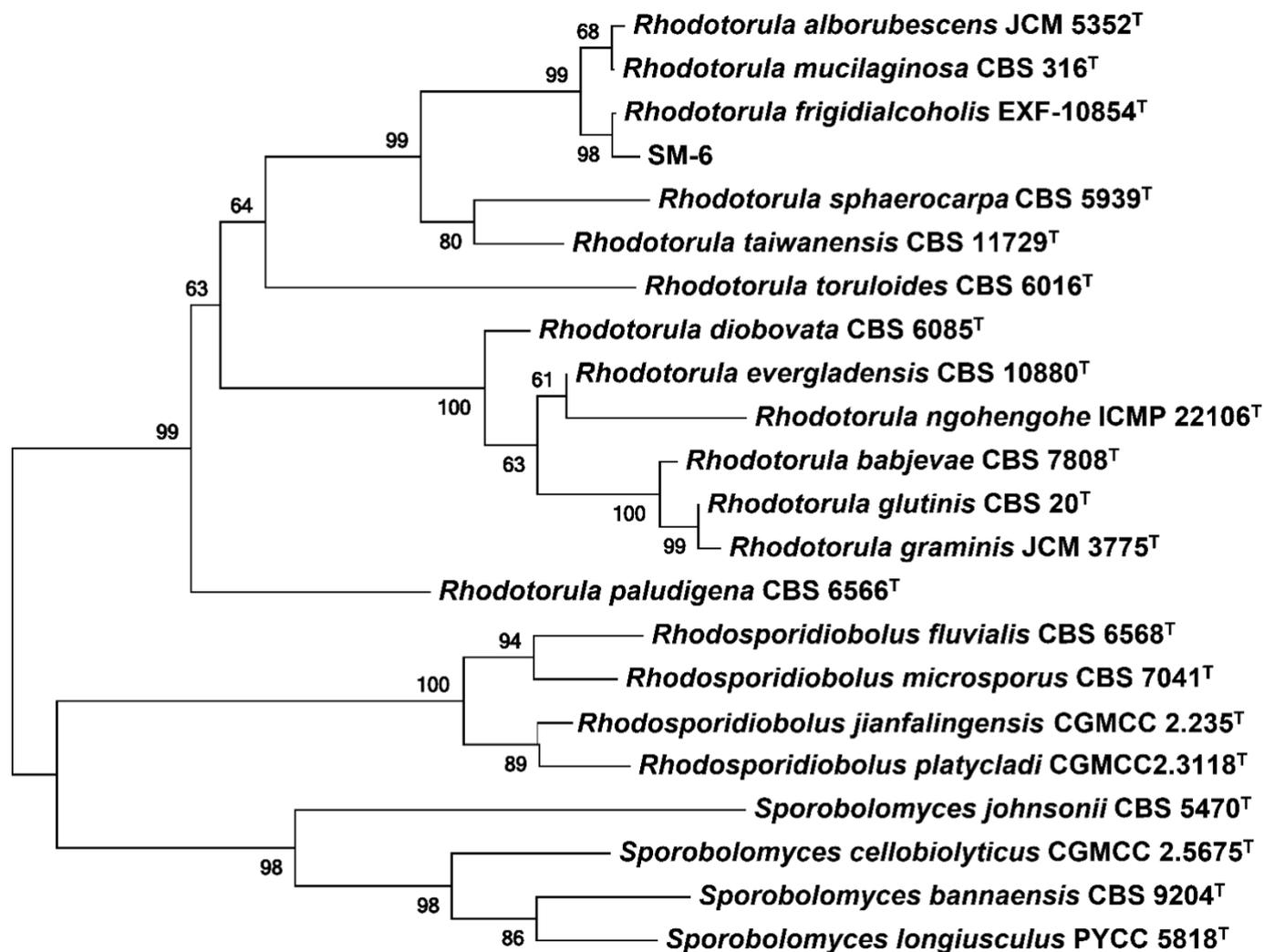
Для анализа были использованы выровненные последовательности (всего 1250 п.н.) выделенных и типовых штаммов бактерий (отмечены знаком T). Цифрами показана статистическая достоверность порядка ветвления (значения выше 50%), определенная с помощью «bootstrap»- анализа 1000 альтернативных деревьев. Масштаб соответствует двадцати заменам на каждые 100 нуклеотидов. Филогенетический анализ выполнен в программе MEGA 7 (<https://www.megasoftware.net/mega7/>).

Рисунок S8. Филограмма, построенная на основании сравнения гена β -тубулина у выделенного штамма SM-20 и типовых грибов *Chaetomium* spp. методом присоединения соседей (neighbor joining)



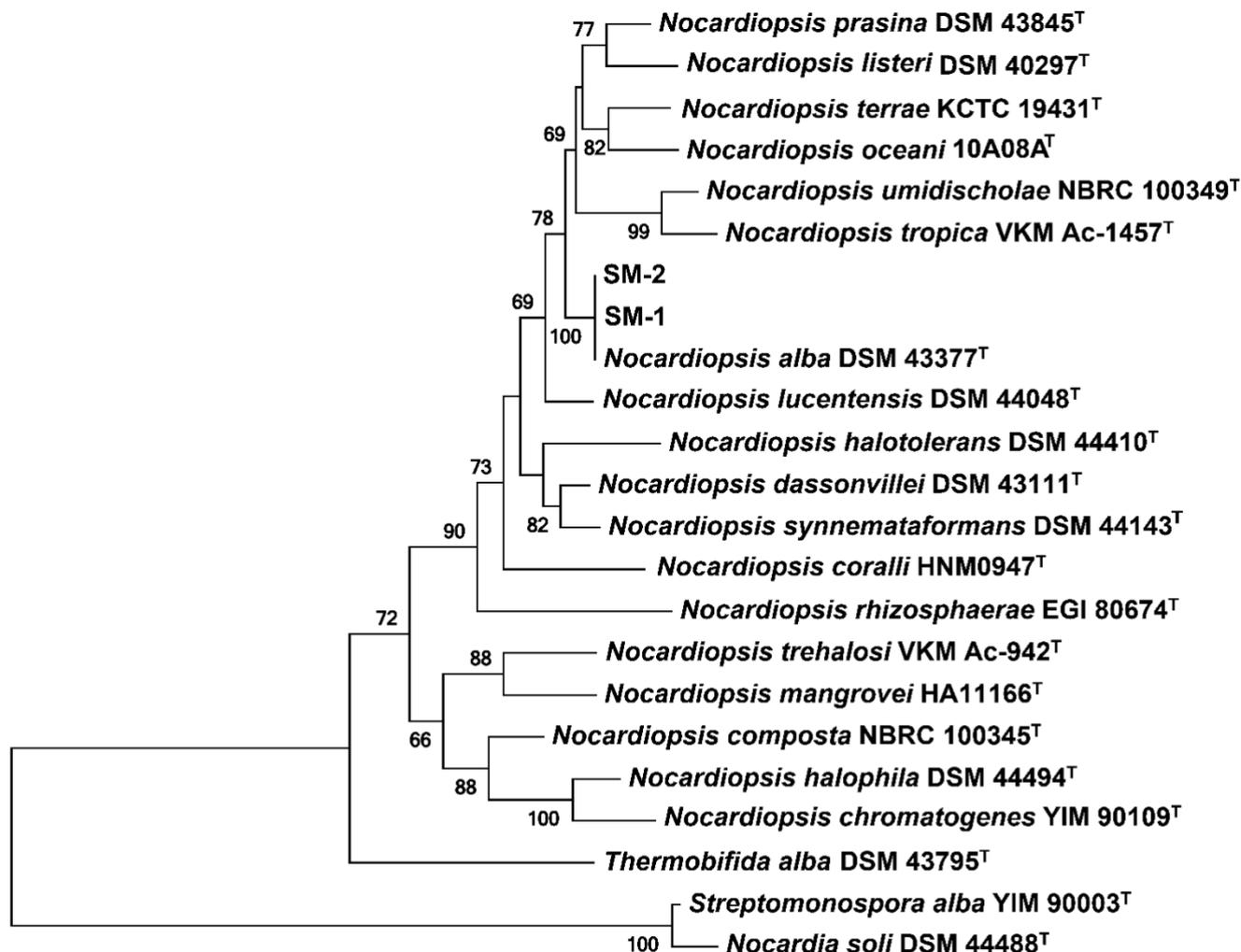
Для расчета эволюционного расстояния методом Таймуры-Ней (Tamura-Nei method) были использованы выровненные последовательности (всего 406 п.н.) выделенного и типовых штаммов грибов (отмечены знаком T). Цифрами показана статистическая достоверность порядка ветвления (значения выше 80%), определенная с помощью «bootstrap»- анализа 1000 альтернативных деревьев. Масштаб соответствует двум заменам на каждые 100 нуклеотидов. Филогенетический анализ выполнен в программе MEGA 7 (<https://www.megasoftware.net/mega7/>).

Рисунок S9. Филограмма, построенная на основании сравнения последовательностей внутреннего транскрибируемого спейсера (ITS) у выделенного штамма SM-6 и типовых *Rhodotorula* spp. и *Sporobolomyces* spp. методом присоединения соседей (neighbor joining)



Для расчета эволюционного расстояния методом Таймуры-Ней (Tamura-Nei method) были использованы выровненные последовательности (всего 55 п.н.) штамма SM-6 и типовых штаммов дрожжевых грибов (отмечены знаком T). Цифрами показана статистическая достоверность порядка ветвления (значения выше 80%), определенная с помощью «bootstrap»- анализа 1000 альтернативных деревьев. Филогенетический анализ выполнен в программе MEGA 7 (<https://www.megasoftware.net/mega7/>).

Рисунок S10. Филограмма, показывающая положение штаммов SM-1, SM-2 и наиболее близких типовых актиномицетов (помечены знаком T), на основании сравнения нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК, построенная методом присоединения соседей (neighbor joining).



Для расчета эволюционного расстояния методом Таймуры-Ней (Tamura-Nei method) были использованы выровненные последовательности (всего 1332 п.н.) Цифрами показана статистическая достоверность порядка ветвления (значения выше 60%), определенная с помощью «bootstrap»- анализа 1000 альтернативных деревьев. Штаммы *Nocardia soli* DSM 44488^T и *Streptomonospora alba* YIM 90003^T, образующие корневой кластер, выбраны как референсные организмы, не принадлежащие к роду *Nocardioopsis*. Филогенетический анализ выполнен в программе MEGA 7 (<https://www.megasoftware.net/mega7/>).

Рисунок S11. Сравнение фрагментации иона $[M + H]^+$ пиохелина с данными из GNPS (GNPS-LIBRARY:accession: CCMSLIB00005724305).

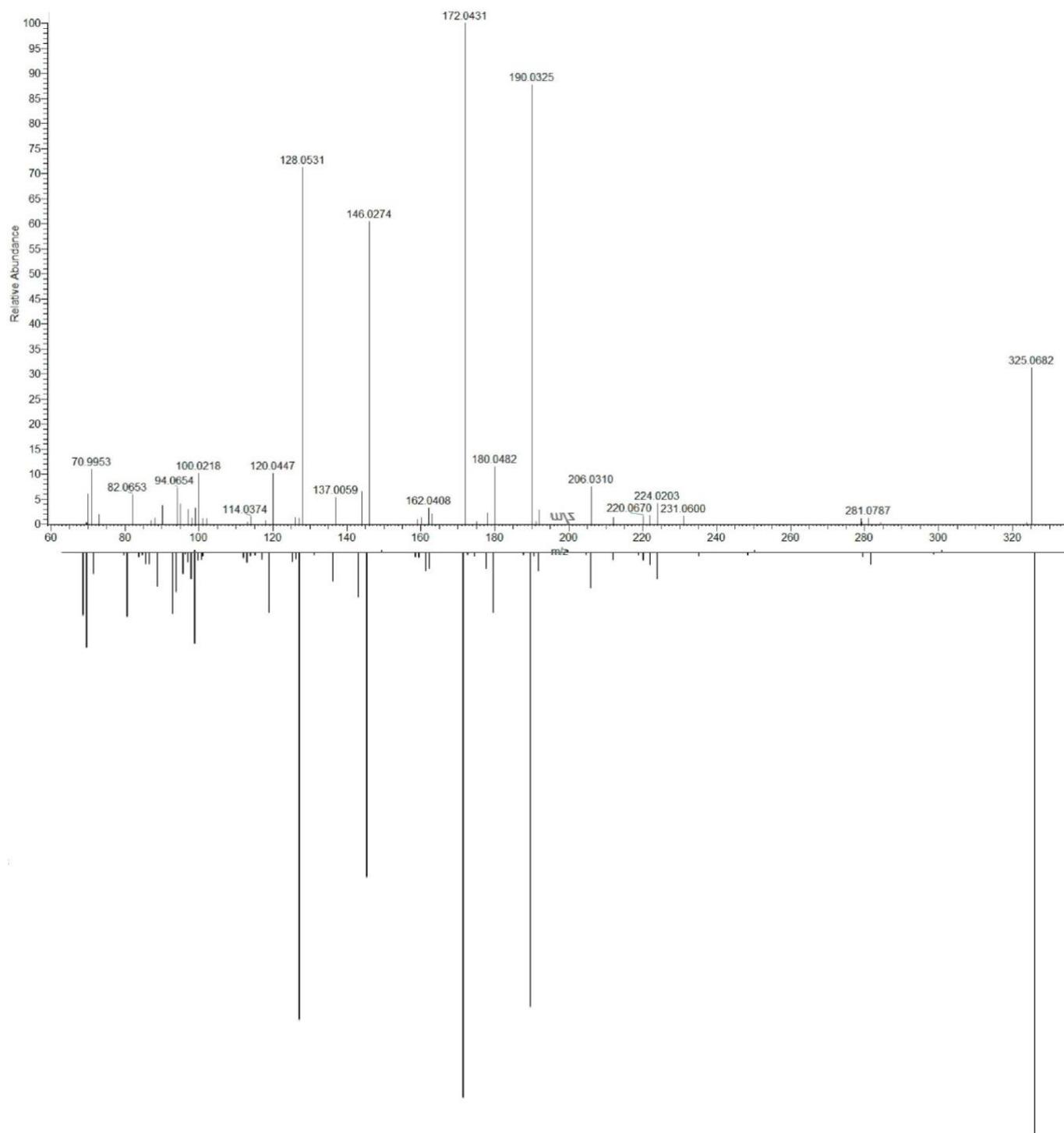


Рисунок S12. Сравнение фрагментации иона $[M + H]^+$ пиоцианина с данными из GNPS (GNPS-LIBRARY:accession: CCMSLIB00000531524).

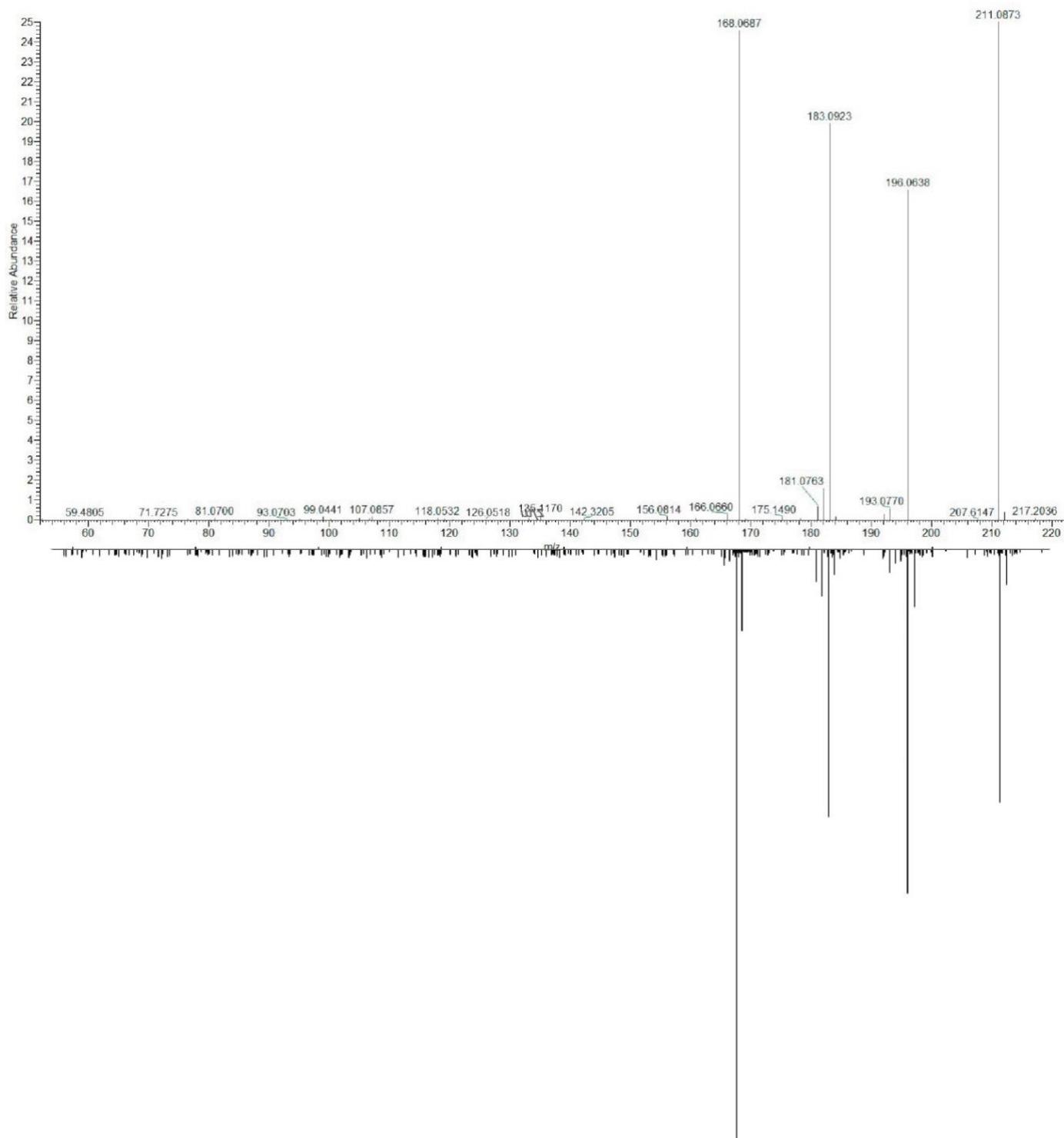


Рисунок S13. Сравнение фрагментации иона $[M - H]^-$ пиолютеорина с данными из GNPS (GNPS-LIBRARY:accession: CCMSLIB00004679385).

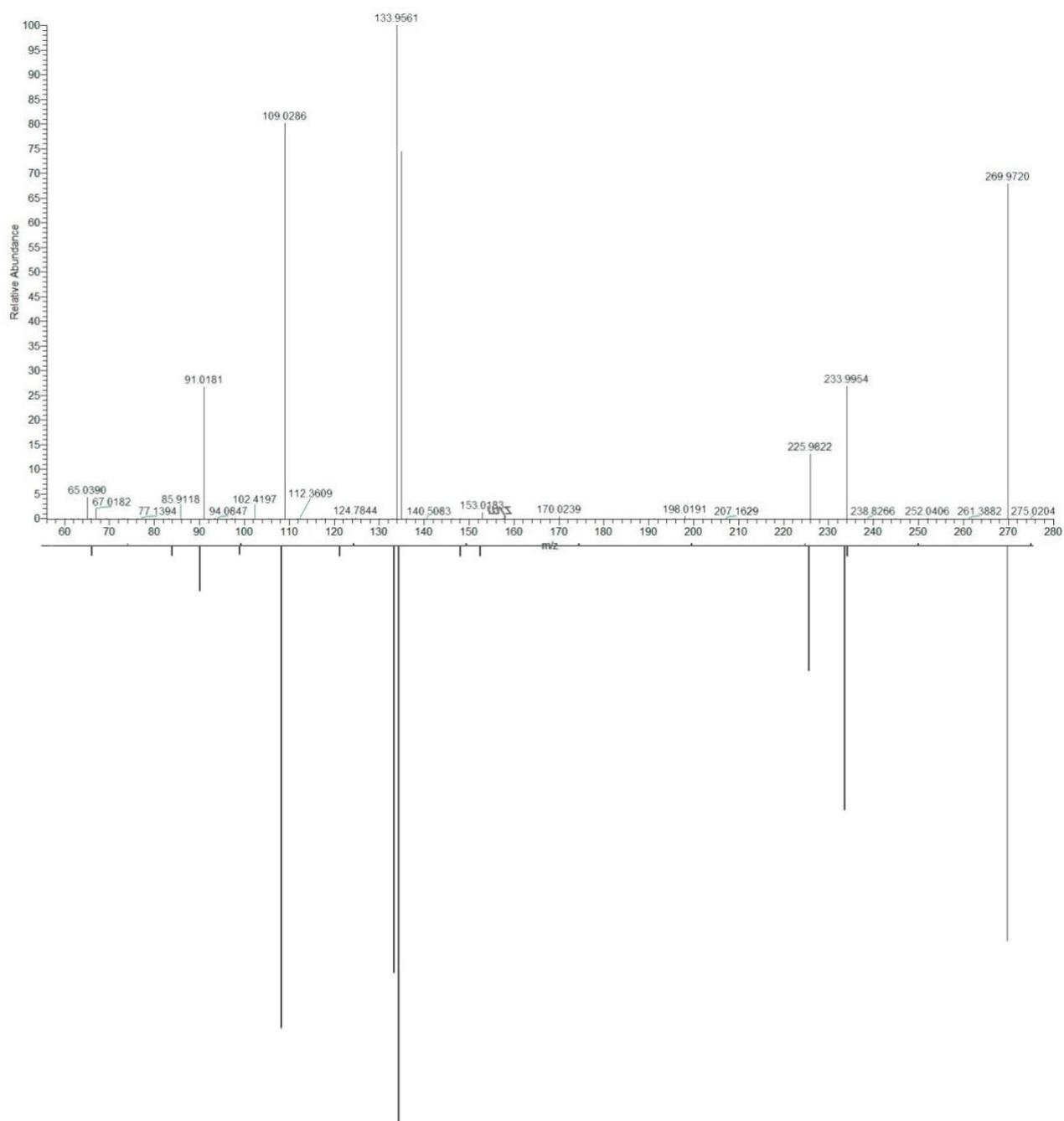


Рисунок S14. Сравнение фрагментации иона $[M + H]^+$ RhaC10C10 с данными из GNPS (GNPS-LIBRARY:accession: CCMSLIB00004684329).

