

ТІСТЕЧОК С. І., ДАЦЮК Ю. Р., ФЕДОРЕНКО В. О., ГРОМИКО О. М.✉

Львівський національний університет імені Івана Франка,

Україна, 79005, м. Львів, вул. Грушевського, 4

✉ oleksandr.gromyko@lnu.edu.ua, (063) 394-11-25**ШТАМ АКТИНОМІЦЕТІВ *STREPTOMYCES* sp. Je 1-42: ФІЛОГЕНЕТИЧНИЙ АНАЛІЗ, БІОЛОГІЧНІ ВЛАСТИВОСТІ ТА СПЕКТР ВТОРИННИХ МЕТАБОЛІТІВ**

Мета. Одним з ефективних підходів у боротьбі з мультирезистентними формами патогенних мікроорганізмів та пухлинних клітин є скринінг нових біоактивних речовин природного походження. Метою роботи було визначення таксономічного положення актиноміцетного ізоляту з ризосфери *Juniperus excelsa* Vieb., вивчення його біологічних властивостей та оцінка спектра вторинних метаболітів. **Методи.** У роботі використано мікробіологічні, молекулярно-генетичні, методи сканувальної мікроскопії та високоефективної рідинної хроматографії з мас-спектрометрією. **Результати.** За результатами мікробіологічних та фізіологічних характеристик, а також філогенетичного аналізу послідовностей генів 16S рРНК та *gyrB*, ізолят Je 1-42 афілійований до роду *Streptomyces*. Культура виявила широкий спектр антимікробної дії. В результаті дереплікації в базі даних DNP серед вторинних метаболітів в екстракті Je 1-42, виявлено антибіотики десертomicин А, канханаміцин А, бутилциклогептилпродигіозин, спектинабілін, для яких описані антибактеріальна, антифунгальна, протималярійна та інші активності. **Висновки.** Штам актиноміцетів *Streptomyces* sp. Je 1-42 є антагоністом грам-позитивних, грам-негативних бактерій, а також грибів і продукує антибіотики десертomicин А, канханаміцин А, бутилциклогептилпродигіозин, спектинабілін, яким властивий широкий спектр антимікробної дії. Продукція цих сполук, очевидно, зумовлює здатність Je 1-42 пригнічувати ріст широкого кола бактерій та грибів. Штам *Streptomyces* sp. Je 1-42 депоновано в Колекції культур мікроорганізмів – продуцентів антибіотиків Львівського національного університету імені Івана Франка (колекційний номер Lv 1-042).

Ключові слова: *Streptomyces*, вторинні метаболіти, антибактерійна активність, філогенетичний аналіз.

Порядок *Actinomycetales* входить до складу типу і класу *Actinobacteria* і налічує сотні родів [1]. Актиноміцети здебільшого ґрунтові бактерії, багато представників яких утворюють розгалужений міцелій. Утім ця група мікроорганізмів населяє й водні екосистеми, а також екстремальні біотопи, зокрема такі, як геотермальні вулканічні [2], засолені ґрунти [3], біотопи з низькими температурами зовнішнього середовища [4], території, які піддаються підвищеному радіаційному опроміненню [5] тощо. Високий рівень пристосування актиноміцетів до різноманітних умов зовнішнього середовища і широка розповсюдженість зумовлена їхньою здатністю до синтезу широкого спектра біоактивних сполук. Із більш ніж 20 тис. мікробних метаболітів майже половина продукується актиноміцетами [6]. В свою чергу приблизно 75 % актиноміцетних метаболітів є продуктами ферментації видів роду *Streptomyces* [7]. Синтез ферментів зумовлює здатність актиноміцетів розщеплювати складні природні і синтетичні субстрати, солюбілізувати нерозчинні мінеральні сполуки. Продукція антифризних білків сприяє їхньому виживанню в умовах екстремально низьких температур зовнішнього середовища. Продукція антибіотиків є одним із механізмів боротьби з конкурентними видами мікроорганізмів. Все це, особливо здатність продукувати широкий спектр антибіотичних сполук, зумовлює великий інтерес людства до актиноміцетів уже тривалий час. За останні майже 80 років із моменту виділення перших антибіотиків актиноміцетного походження було розроблено і введено в медичну практику сотні фармацевтичних препаратів із протибактерійною, антифунгальною, протипаразитарною, протипухлинною дією тощо. Однак, незважаючи на великий арсенал хімотерапевтичних засобів боротьби з багатьма хворобами, людство і далі потерпає від постійного виникнення і швидкого поширення мультирезистентних штамів клінічно значущих мікроорганізмів і пухлинних клітин. Одним з

ефективних підходів вирішення проблеми резистентності є скринінг нових біологічно активних речовин природного походження, зокрема серед вторинних метаболітів актиноміцетів.

Метою цієї роботи було визначення таксономічного положення ґрунтового актиноміцета *Streptomyces* sp. Je 1-42, вивчення його біологічних властивостей та оцінка спектра вторинних метаболітів, які він продукує.

Матеріали і методи

Об'єктом дослідження був ґрунтовий актиноміцет Ja 1-42, виділений із ризосфери *Juniperus excelsa* Vieb. Ізолят підтримували на агаризованому вівсяному середовищі. Для вивчення морфологічних і культуральних особливостей (форма ланцюжків спор, характер поверхні оболонки спор, колір повітряного і субстратного міцелію, продукція розчинних пігментів) ізолят Ja 1-42 вирощували на середовищах ISP2, ISP3, ISP4, ISP5, ISP6, ISP7 [8] протягом 7–21 доби за температури повітря 28 °С в термостаті. Утворення меланоїдних пігментів визначали на середовищах ISP6, ISP7. Форму ланцюжків спор, характер поверхні оболонки спор вивчали за допомогою сканувального мікроскопа Jeol T-220 (Японія). Визначення відношення досліджуваного штаму актиноміцетів до температури повітря, рН середовища, лізоциму, NaCl, засвоєння джерел вуглецю, гідроліз желатину, амілолітичну, пектинолітичну, ліполітичну, казеїнолітичну активності вивчали згідно [9]. Чутливість до антибіотиків вивчали методом дифузії в агарі з використанням стандартних дисків з антибіотиками.

Для проведення філогенетичного аналізу ізолят Je 1-42 вирощували у 10 мл середовища TSB за 28 °С та 180 об/хв протягом 3 днів. Хромосому ДНК виділяли методом, як описано раніше [10]. Ампліфікацію гена 16S рРНК проводили, використовуючи такі праймери: 8F (5'-AGAGTTTGATYMTGGCTCAG-3') та 1510R (5'-TACGGYTACCTTGTTACGACTT-3'). Для ампліфікації гена *gyrB* використали праймери *gyrBPF* та *gyrBPR* [11]. Отримані ампліфіковані фрагменти очищали, використовуючи QIAquick Gel Extraction Kit (Qiagen, Нідерланди), та секвенували за методом Сенджера в компанії GATC (Німеччина). Філогенетичний аналіз нуклеотидної послідовності гена 16S рРНК здійснений у програмі RDP Classifier Release 11 [12]. Пошук найспорідненіших видів серед актиноміцетів здійснювали з використанням програми

BLAST бази NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). Філогенетичні дерева будували за алгоритмом з'єднання сусідів [13], який базується на 2-параметровій моделі Кімури [14], в програмі MEGA X [15].

Антимікробні властивості ізоляту Je 1-42 вивчали, як описано в [16]. Для цього використали такі тест-культури: референтні штами грам-позитивних бактерій *Bacillus subtilis* ATCC 31324, *Staphylococcus aureus* ATCC 25923, грам-негативних бактерій *Escherichia coli* ATCC 25922, *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 9027, *Klebsiella pneumoniae* ATCC 13883 та дріжджів – *Candida albicans* ATCC 885-653; фітопатогенні бактерії з колекції Інституту мікробіології і вірусології імені Д. К. Заболотного НАН України *P. syringae* IMB 8511, *P. savastanoi* pv. *phaseolicola* IMB 4012, *Xantomonas campestris* pv. *campestris* IMB 8003, *Agrobacterium tumefaciens* IMB 8628 *Erwinia amylovora* Mi2; плісняві гриби з колекції цієї ж установи *Fusarium oxysporum* IMB 54201, *Botrytis cinerea* IMB 2306, *Aspergillus niger* IMB 16706, *Alternaria alternata* DSM 1102. Бактерії вирощували на LA [10], дріжджі та плісняві гриби – на середовищі Сабуро [10]. Тести здійснювали в трикратній повторності.

Продукцію вторинних метаболітів визначали, використовуючи такі рідкі середовища: SG (глюкоза – 20 г/л; соєвий пептон – 10 г/л; CaCO₃ – 2 г/л; рН 7.2) та DNPM (соєвий пептон – 7,5 г/л; пекарські дріжджі – 5 г/л; MOPS – 21 г/л; декстрин – 40 г/л; рН 7,2). Вторинні метаболіти екстрагували з культуральної рідини рівним об'ємом етилацетату, з біомаси – сумішшю ацетон : метанол у співвідношенні 1:1. Аналіз екстрактів проводили за використання системи Thermo Dionex Ultimate 3000 RSLC (Waters, Німеччина) з допомогою мас-спектрометра Thermo LTQ Orbitrap XL, використовуючи колонку BEH C18 (100 × 2.1 mm, 1.7 μm d_p). В якості мобільної фази використовували воду з 0,1 % мурашиною кислотою та ацетонітрил з 0,1% мурашиною кислотою і швидкість потоку 0,6 мл/хв протягом 18 хв. Детекцію маси здійснювали в позитивному режимі з діапазоном 200–2000 m/z. Дані збирали та аналізували за допомогою програмного забезпечення Thermo Xcalibur, версія 3.0. Моноізотопні маси порівнювали в базі даних природних сполук (DNP – Dictionary of Natural Products, CRC Press, Boca Raton, United States) за такими параметрами: точна молекулярна маса, спектр поглинання, джерело виділення, фрагментація та

фізичні характеристики сполук [17]. Сполуки вважали подібними, коли різниця між точними масами була меншою від 0,005 Да, а також спектр поглинання та фрагментація були ідентичними.

Результати та обговорення

Ізолят Je 1-42 виділено у 2009 році з ризосфери *Juniperus excelsa* Vieb. біля підніжжя г. Кішка на території Кримського п-ва (GPS: N 44° 24'02.07 «E 33° 59'32.96»). На агаризованих поживних середовищах культура утворює колонії, вкриті повітряним міцелієм помаранчево-цегляного кольору з хвилястими краями, після 14 діб росту на середовищі ISP3 субстратний міцелій утворює тріщини. Діаметр колоній 3–5 мм. Спори овальної форми, гладкі, утворюють довгі прямі ланцюжки 1,1–1,5 мкм в діаметрі (рис. 1).

Вивчення фізіолого-біохімічних властивостей виявило, що Je 1-42 добре засвоює ксилону, інозитол, манозу, рамнозу, рафінозу; помірно росте на середовищі з глюкозою, арабінозою, фруктозою; не засвоює сахарозу і целюлозу. Ізолят зріджує желатин, не гідролізує казеїн, не виявляє пектинолітичної, лецитазної, целюлозолітичної активностей, але виявляє амілолітичну та ліполітичну активності. Досліджувана культура не продукує меланоїдні пігменти. Je 1-42 добре росте на середовищі за наявності 10–25 мкг/мл лізоциму, а також на середовищі з 5 % NaCl. Культура добре росте на агаризованих середовищах за температури 10–37°C та рН від 6,0 до 12,0.

Ізолят Je 1-42 виявив високий рівень чутливості до стрептоміцину, канаміцину, тобраміцину, моксифлоксацину, цефоперазону, ампіциліну/сульбактаму, карбеніциліну (зони пригнічення росту 30–52 мм); помірно чутливий до амоксилаву, еритроміцину, азитроміцину, імипенему, гентаміцину, хлорамфеніколу, олеандоміцину, ітраконазолу (зони пригнічення росту

18–26 мм); виявляє стійкість до ністатину, амфотерицину В, клотримазолу, фуразидину, лінкоміцину, ванкоміцину, тейкопланіну, оксациліну, метициліну, пеніциліну, тетрацикліну, новобіоцину, рифампіцину, метронідазолу.

У результаті філогенетичного аналізу за послідовністю гена 16S рРНК (1397 пн), що включав дев'ять штамів стрептоміцетів, нуклеотидна ідентичність яких перевищувала 99 %, та кількох репрезентативних типових штамів стрептоміцетів, Je 1-42 з високою імовірністю виявив належність до роду *Streptomyces* (рис. 2). Ізолят продемонстрував найвищу гомологію з штамом *S. sclerogranulatus* IHBB 4104 (ідентичність 99,64 %). Створене філогенетичне дерево демонструє, що Je 1-42 утворює окрему гілку від своїх найближчих родичів. Однак вище зазначене часто є недостатнім для вивчення філогенетичних зв'язків між тісно пов'язаними видами *Streptomyces* [18]. Отримані дані були доповнені аналізом гена В субодиноці ДНК гірази (*gyrB*), який є консервативнішим, ніж ген 16S рРНК, та містить більше варіабельних сайтів [19]. BLAST аналіз послідовності гена *gyrB* ізолята Je 1-42 показав найвищу гомологію із штамом *S. scabiei* NRRL B-1715 (ідентичність 96,63 %). Таким чином, ізолят Je 1-42 афілійований до роду *Streptomyces*.

Streptomyces sp. Je 1-42 продемонстрував високий рівень антибіотичної активності проти широкого кола бактерій та грибів. Зокрема, ізолят затримував ріст типових штамів грам-позитивних бактерій *B. subtilis*, *S. aureus*, дріжджів *C. albicans*, фітопатогенних грам-негативних паличок *P. savanstanovi* pv. *phazeolica*, *X. campestris* pv. *campestris*, *E. amylovora* та пліснявих грибів *A. alternata*, *B. cinerea*, *F. oxysporum*, *A. niger*. Такий спектр антимікробної дії, очевидно, зумовлений здатністю Je 1-42 продукувати біологічно активні речовини з антибактерійною та антифунгальною дією.

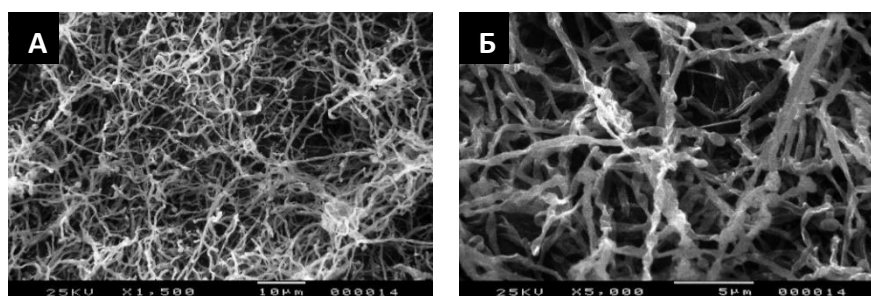


Рис. 1. Сканувальні електронні мікрофотографії ізоляту Je 1-42, вирощеного на середовищі ISP3 протягом 14 діб при 28 °C, збільшення 1500 (А) і 5000 (Б).

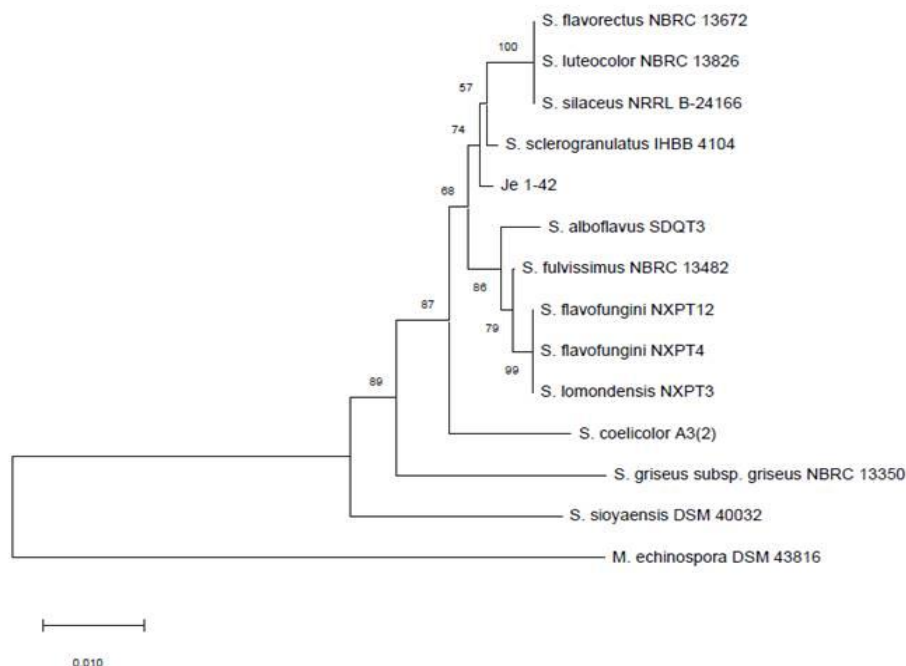


Рис. 2. Філогенетичне дерево на основі послідовностей гена 16S рНК, яке показує еволюційні взаємодії (алгоритм з'єднання сусідів) між Je 1-42 та 9 найближчими сусідами із репрезентативними типовими штамми *Streptomyces*. Для закорінення дерева використали послідовність гена 16S рНК *Micromonospora echinospora* DSM 43816.

За результатами високоефективної рідинної хроматографії в комбінації з високоточною мас-спектрометрією в екстрактах Je 1-42 ідентифіковано 4 основних (мажорних) піки (рис. 3). Ці піки виявляли в екстрактах як з біомаси, так і культуральної рідини. Сполуки, які утворювали ці піки, були анотовані в базі даних DNP та визначені як десертomicин А (m/z 1197,7547 $[M + H]^+$), канханаміцин А (m/z 1055,6248 $[M + H]^+$), бутилциклогептилпродигіозин (m/z 392,2699 $[M + H]^+$) та спектинабілін (m/z 478,2223 $[M + H]^+$) (рис. 4).

Антибіотики десертomicин А та канханаміцин А були раніше виділені з штамів стрептоміцетів та демонструють активність проти грам-позитивних, грам-негативних бактерій, дріжджів та грибів [20, 21]. Бутилциклогептилпродигіозин відноситься до групи продигіозинів, які виявляють широкий спектр біологічних активностей, у тому числі антибактерійну, анатифунгальну та протималарійну [22]. В екстракті Je 1-42 також виявлено нітрофеніл, вмісний полікетидний антибіотик спектинабілін.

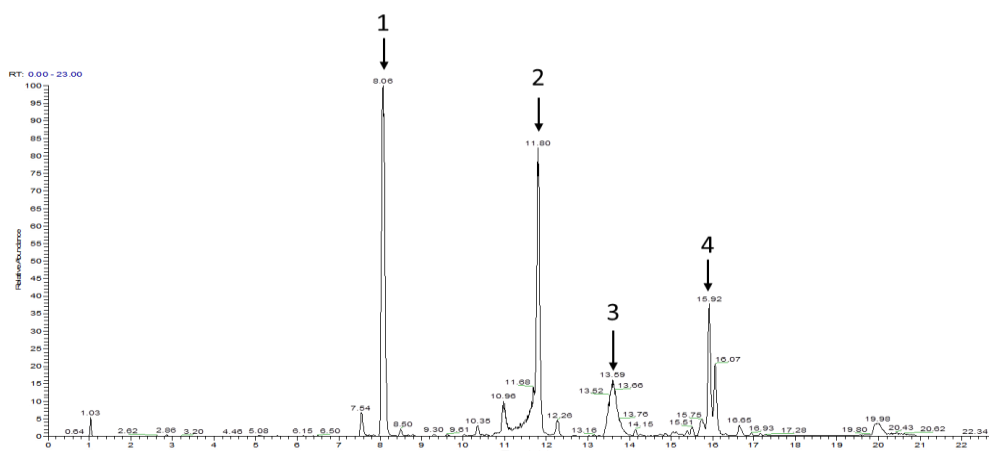


Рис. 3. Хроматограма екстракту штаму *Streptomyces* sp. Je 1-42. Ідентифіковані піки: 1 – десертomicин А; 2 – канханаміцин А; 3 – бутилциклогептилпродигіозин; 4 – спектинабілін.

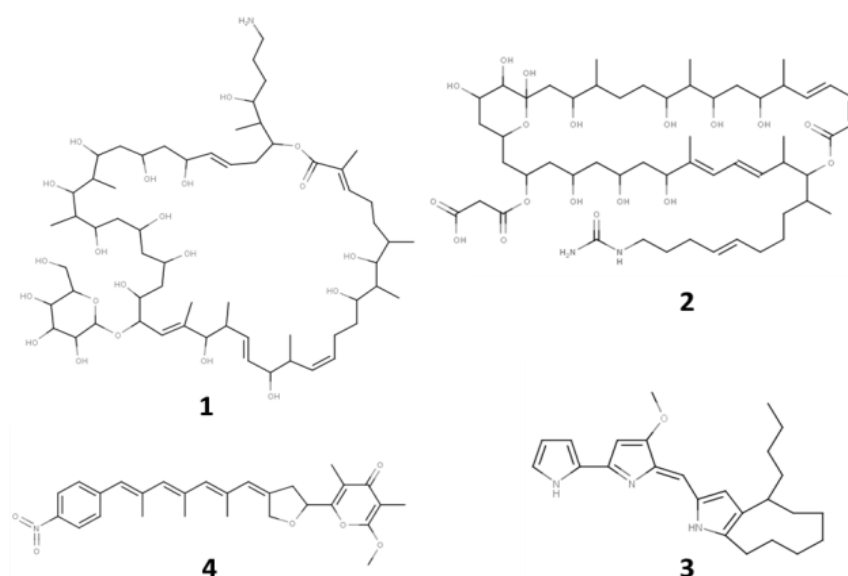


Рис. 4. Структурні формули десертоміцину А (1), канханаміцину А (2), бутилциклогептилпродигіозину (3), спектинабіліну (4), які продукує *Streptomyces* Je 1-42.

Ця сполука входить до групи відносно рідкісних антибіотиків, у структурі яких присутній азот. Цей антибіотик виявляє протівірусну та проти-малярійну активності [23].

Висновки

Таким чином, за результатами філогенетичного аналізу досліджуваний ізолят Je 1-42 афілійовано до роду *Streptomyces*. У результаті дереплікації сполук у базі даних DNP визначено, що *Streptomyces* sp. Je 1-42 з високою імовірністю продукує десертоміцин А, канханаміцин А, бутилциклогептилпродигіозин, спектинабілін, для яких описаний широкий спектр антимікробної дії. Продукція цих сполук, очевидно, зумовлює здатність *Streptomyces* sp. Je 1-42 пригнічувати ріст широкого кола бактерій та грибів.

Штам *Streptomyces* sp. Je 1-42 депоновано в Колекції культур мікроорганізмів – продуцентів антибіотиків Львівського національного університету імені Івана Франка (колекційний номер Lv 1-042). Результати цього та попередніх наших досліджень вказують на перспективність метаболічного профілювання актиноміцетів, раніше виділених із природних біотопів Кримського п-ва, як продуцентів сполук із широким спектром біологічної дії. Формування вітчизняної колекції продуцентів природних продуктів з антибактерійними, антифунгальними, антивірусними, протипухлинними та іншими властивостями, а також бази даних про їхні хімічні структури і біологічні активності має важливе наукове, практичне та стратегічне значення для України.

References

- Lilburn, T.G., Garrity, G.M. Exploring prokaryotic diversity. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2004. Vol. 54. P. 7–13.
- Zhou, E., Tang, S., Sjöholm, C. et al. *Thermoactinospora rubra* gen. nov., sp. nov., a thermophilic actinomycete isolated from Tengchong, Yunnan province, south-west China. *Antonie van Leeuwenhoek.* 2012. Vol. 102. P. 177–185. doi: 10.1007/s10482-012-9725-z.
- Hamed J., Mohammadipana F., Ventosa A. Systematic and biotechnological aspects of halophilic and halotolerant actinomycetes. *Extremophiles.* 2013. Vol. 17. P. 1–13. doi: 10.1007/s00792-012-0493-5.
- Silva, T.R., Duarte, A.W.F., Passarini, M.R.Z. et al. Bacteria from Antarctic environments: diversity and detection of antimicrobial, antiproliferative, and antiparasitic activities. *Polar Biol.* 2018. Vol. 41. P. 1505–1519. doi:10.1007/s00300-018-2300-y.
- Phillips R.W., Wiegel J., Berry C.J. et al. *Kineococcus radiotolerans* sp. nov., a radiationresistant, gram-positive bacterium. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2002. Vol. 52 (Pt 3). P. 933–938. doi: 10.1099/00207713-52-3-933.
- Demain A.L., Sanchez S. Microbial drug discovery: 80 years of progress. *J. Antibiot.* 2009. Vol. 62. P. 5–16. doi: 10.1038/ja.2008.16.

7. Lam K.S. New aspects of natural products in drug discovery. *Trends in Microbiol.* 2007. Vol. 15. P. 279–289. doi: 10.1016/j.tim.2007.04.001.
8. Shirling E.B., Gottlieb D. Methods for characterization of *Streptomyces* species. *Int J Syst Bacteriol.* 1996. Vol. 16. P. 313–340. doi: 10.1099/00207713-16-3-313
9. Williams S.T., Goodfellow M., Alderson G. et al. Numerical Classification of *Streptomyces* and Related Genera. *Journal of General Microbiology.* 1983. Vol. 129. P. 1743–1813. doi: 10.1099/00221287-129-6-1743.
10. Kieser B.M., Buttner M.J., Charter K.F., Hopwood D. Practical *Streptomyces* Genetics. John Innes Foundation, Norwich, United Kingdom. 2000. 613 p.
11. Guo Y., Zheng W., Rong X., Huang Y. A multilocus phylogeny of the *Streptomyces griseus* 16S rRNA gene clade: use of multilocus sequence analysis for streptomycete systematics. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2008. Vol. 58. P. 149–159. doi: 10.1099/ijss.0.65224-058/1/149.
12. Wang Q., Garrity G.M., Tiedje J.M., Cole J.R. Naive bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy. *Appl Environ Microbiol.* 2007. Vol. 73 (16). P. 5261–5267. doi: 10.1128/AEM.00062-07.
13. Saitou N., Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol.* 1987. Vol. 4. P. 406–425. doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454
14. Kimura M. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J. Mol. Evol.* 1980. Vol. 16. P. 111–120. doi: 10.1007/bf01731581.
15. Kumar S., Stecher G., Li M. et al. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution.* 2018. Vol. 35. P. 1547–1549. doi: 10.1093/molbev/msy096.
16. Tistechok S.I., Mytsyk Y.Y., Fedorenko V.O., Gromyko O.M. Biosynthetic potential of actinomycetes From *helianthemum stevenii* rupr. Ex juz. & pozd. Rhizosphere. *Innov Biosynt Bioeng.* 2019. Vol. 3, No. 2. P. 105–113. doi: 10.20535/ibb.2019.3.2.170129.
17. Running W. Computer software reviews. Chapman and hall dictionary of natural products on CD-ROM. *J. Chem. Inf. Model.* 1993. Vol. 33. P. 934–935. doi: 10.1021/ci00016a60.
18. Rong X., Huang Y. Taxonomic evaluation of the *Streptomyces hygroscopicus* clade using multilocus sequence analysis and DNA–DNA hybridization, validating the MLSA scheme for systematics of the whole genus. *Syst Appl Microbiol.* 2012. Vol. 35. P. 7–18. doi: 10.1016/j.syapm.2011.10.004.
19. Yamamoto S., Bouvet P.J.M., Harayama S. Phylogenetic structures of the genus *Acinetobacter* based on *gyrB* sequences: comparison with the grouping by DNA–DNA hybridization. *Int J Syst Bacteriol.* 1999. Vol. 49. P. 87–95. doi: 10.1099/00207713-49-1-87.
20. Uri J., Bognár R., Békési I., Varga B. Desertomycin, a new crystalline antibiotic with antibacterial and cytostatic action. *Nature.* 1958. Vol. 182 (4632). P. 401–401. doi: 10.1038/182401a0.
21. Stephan H., Kempter C., Metzger J. W. Et al. Kanchanamycins, new polyol macrolide antibiotics produced by *Streptomyces olivaceus* Tu 4018. II. Structure Elucidation. *The Journal of Antibiotics.* 1996. Vol. 49 (8). P. 765–769. doi: 10.7164/antibiotics.49.765.
22. Bennett J.W., Bentley R. Seeing red: The story of prodigiosin. *Adv Appl Microbiol.* 2008. Vol. 47. P. 1–32. doi: 10.1016/S0065-2164(00)47000-0.
23. Kakinuma K., Hanson C.A., Rinehart K.L. Spectinabilin, a new nitro-containing metabolite isolated from streptomyces spectabilis. *Tetrahedron.* 1976. Vol. 32 (2). P. 217–222. doi: 10.1016/0040-4020(76)87004-4).

TISTECHOK S., DATSYUK Ju., FEDORENKO V., GROMYKO O.

Ivan Franko National University of Lviv,

Ukraine, 79005, Lviv, Hrushevskoho str., 4, e-mail: oleksandr.gromyko@lnu.edu.ua

ACTINOMYCETES STRAIN *STREPTOMYCES* sp. Je 1-42: PHYLOGENETIC ANALYSIS, BIOLOGICAL ACTIVITY AND SECONDARY METABOLITE PROFILE

Aim. Screening of new natural bioactive molecules is one of the effective approach in combating multidrug-resistant pathogens and tumor cells. The aim of this work was to study the taxonomic characteristic, biological activity and secondary metabolites production of isolate Je 1-42 from the rhizosphere of *Juniperus excelsa* Bieb. **Methods.** Microbiological, molecular genetic, high performance liquid chromatography mass spectrometry and scanning electron microscopy methods were used in this work. **Results.** Based on a phylogenetic analysis of the 16S rRNA and *gyrB* gene sequences, microbiological and physiological characterization the isolate Je 1-42 has been affiliated to the genus *Streptomyces*. The isolate Je 1-42 showed a wide range of antibacterial activity. The antibiotics desertomycin A, kanchanamycin A, butylcycloheptylprodigiosine and spectinabilin were annotated in the Je 1-42 extract using dereplication analysis in the database DNP. **Conclusions.** Actinomycetes strain *Streptomyces* sp. Je 1-42 is an antagonist of gram-positive, gram-negative bacteria, fungi and produces antibiotics desertomycin A, kanchanamycin A, butylcycloheptylprodigiosin, spectinabilin, which has a broad spectrum of antimicrobial activity. The production of these compounds obviously determines the ability of Je 1-42 to inhibit the growth of a wide range of bacteria and fungi. The strain of *Streptomyces* sp. Je 1-42 was deposited in the Microbial Culture Collection of Antibiotics Producers at Ivan Franko National University of Lviv (collection number Lv 1-042).

Keywords: *Streptomyces*, secondary metabolites, antibacterial activity, phylogenetic analysis.