



# РОССИЙСКИЙ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЙ КОНГРЕСС

24-29 сентября 2023  
Томск



## ТЕЗИСЫ

[microbiology-congress.ru](http://microbiology-congress.ru)

## СОДЕРЖАНИЕ

1. ПОЛУЧЕНИЕ И СВОЙСТВА НОВОГО МОДИФИЦИРОВАННОГО ЭНДОЛИЗИНА LYSAM24-SMAP, АКТИВНОГО В ОТНОШЕНИИ СПЕКТРА ГРАМОТРИЦАТЕЛЬНЫХ ПАТОГЕНОВ .....	25
<i>Н.П. Антонова, Д.В. Васина, И.В. Григорьев, В.А. Гуцин</i>	
2. СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ СТРУКТУРНЫХ КОМПОНЕТОВ МАТРИКСА БИОПЛЕНОК <i>S. AUREUS</i> И <i>K. PNEUMONIAE</i> И ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ, АССОЦИИРОВАННЫХ С ОБРАЗОВАНИЕМ БИОПЛЕНКИ В МОНО- И СМЕШАННЫХ КУЛЬТУРАХ .....	25
<i>Миронова А.В., Каримова А.В., Закарова Н.Д., Каюмов А.Р., Тризна Е.Ю.</i>	
3. ПРЕДСКАЗАНИЕ ПОТЕНЦИАЛЬНЫХ ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ И ИХ ГЕНОВ-МИШЕНЕЙ УМЕТАНОТРОФНЫХ БАКТЕРИЙ <i>METHYLOTUVIMICROBIUM ALCALIPHILUM 20ZR</i> НА ОСНОВЕ МАССОВОГО АНАЛИЗА ТРАНСКРИПТОМНЫХ ДАННЫХ .....	26
<i>Колмыков Семён Константинович, Куляшов М.А., Гамильтон Р., Хлебодарова Т.М., Калюжная М.Г., Акбердин И.Р.</i>	
4. ИЗУЧЕНИЕ ПРОКАРИОТИЧЕСКИХ А-АТФ-СИНТАЗ .....	27
<i>А.В. Литвин, Б.А. Фенюк</i>	
5. АРКТИЧЕСКИЕ КЛУБЕНЬКОВЫЕ БАКТЕРИИ И ИХ РОЛЬ ПРИ СОЗДАНИИ ВЫСОКОПРОДУКТИВНЫХ ПАСТБИЩНЫХ ФИТОЦЕНОЗОВ В СЕВЕРНЫХ РЕГИОНАХ РОССИИ. ....	27
<i>Д.С. КАРЛОВ, П.В. ГУРО, А.Л. САЗАНОВА, И.Г. КУЗНЕЦОВА, Н.Н. ЛАЦИНСКИЙ, А.А. БЕЛИМОВ, В.И. САФРОНОВА.</i>	
6. ПРОФИЛЬ АВАНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ НОЗОКОМИАЛЬНЫХ АГЕНТОВ ДО И ПОСЛЕ НАЧАЛА ПАНДЕМИИ COVID-19 .....	28
<i>Тикунова Н.В., Бардашева А.В., Жираковская Е.В., Соколова Л.М., Каверина Г.Б., Якубовский В.И., Морозова В.В.</i>	
7. МИНОРНЫЕ КОМПОНЕНТЫ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ НЕФТЯНЫХ ПЛАСТОВ И ИХ ВОЗМОЖНОЕ УЧАСТИЕ В ПРОЦЕССАХ БИОДЕГРАДАЦИИ НЕФТИ И СУЛЬФИДОГЕНЕЗА .....	29
<i>Семенова Е.М., Биджиева С.Х., Соколова Д.Ш., Бабич Т.Л., Еришов А.П., Кадников В.В., Шишина П.Н., Гавура М.А., Назина Т.Н.</i>	
8. СТРУКТУРА БАКТЕРИАЛЬНОГО КОМПЛЕКСА РИЗОСФЕРЫ ГЕНЕТИЧЕСКИ МОДИФИЦИРОВАННЫХ РАСТЕНИЙ ТОМАТА ( <i>SOLANUM LYCOPERSICUM L.</i> ) .....	29
<i>Антонов А.А., Ванькова А.А., Баранова Е.Н., Платонова Е.В.</i>	
9. ТЕХНОЛОГИИ ПОЛУЧЕНИЯ ФЕРМЕНТОВ КЛАССА ОКСИДОРЕДУКТАЗ, ИСПОЛЪЗУЕМЫХ В КЛИНИЧЕСКОЙ ДИАГНОСТИКЕ .....	30
<i>Семашко Т.В.</i>	
10. Т1М-91 — НОВЫЙ БАКТЕРИОФАГ ДЛЯ БОРЬБЫ С БАКТЕРИОЗАМИ СЕМЕЙСТВА <i>FABACEAE</i> .....	30
<i>Токмакова А.Д., Лукьянова А.А., Мирошников К.А.</i>	
11. ПРОДУКЦИОННЫЙ ПОТЕНЦИАЛ СОЛОНОВОДНОЙ Р. ЧЕРНАВКА (ПРИЭЛЬТОНЬЕ) .....	31
<i>Канапацкий Т.А., Самылина О.С., Русанов И.И., Захарова Е.Е., Зинченко Т.Д., Пименов Н.В.</i>	
12. ВЫЯВЛЕНИЕ УСВОЕНИЯ ЭТАНОЛА ПРИ ФОТО- И ХЕМОГЕТЕРОТРОФНОМ СТАЦИОНАРНОМ РОСТЕ ПОЛИЭКСТРЕМОФИЛЬНОЙ КРАСНОЙ МИКРОВОДОРОСЛИ <i>GALDIERIA SULPHURARIA</i> .....	32
<i>Ю.В. Большевцева, И.Н. Стадничук</i>	

13. ИССЛЕДОВАНИЕ МИКРОБИОМА НЕФТИ И СОПУТСТВУЮЩИХ ПОРОД, ПОЛУЧЕННЫХ ИЗ НЕФТЯНЫХ СКВАЖИН.....	33
<i>Бурлаченко Анастасия Сергеевна</i>	
14. УСТОЙЧИВОСТЬ К СТРЕССАМ СНИЖАЕТСЯ НА РАННИХ СТАДИЯХ РЕПЛИКАТИВНОГО СТАРЕНИЯ <i>SACCHAROMYCES CEREVISIAE</i> .....	33
<i>Азбарова А.В., Галкина К.В., Кнорре Д.А.</i>	
15. СРАВНИТЕЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА СООБЩЕСТВ ПРОКАРИОТ В АССОЦИАЦИЯХ С ГАЛОФИЛЬНЫМИ МИКРОВОДОРОСЛЯМИ ПРИ ПЕРЕХОДЕ К ЛАБОРАТОРНОМУ КУЛЬТИВИРОВАНИЮ.....	34
<i>Селиванова Е.А., Катаев В.Я., Хлопко Ю.А., Плотников А.О.</i>	
16. ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ STX-ФАГА Ф24В С ПОВЕРХНОСТЬЮ КЛЕТОК <i>ESCHERICHIA COLI</i> .....	34
<i>Кузнецов А.С., Голомидова А.К., Моисеенко А.В., Куликов Е.Е., Летаров А.В.,</i>	
17. МИКРОБНАЯ ТЕМНАЯ МАТЕРИЯ: ИДЕНТИФИКАЦИЯ И ХАРАКТЕРИСТИКА НОВЫХ НЕКУЛЬТИВИРУЕМЫХ ЛИНИЙ БАКТЕРИЙ И АРХЕЙ В РЕЗУЛЬТАТЕ МЕТАГЕНОМНОГО АНАЛИЗА.....	35
<i>Кадников В.В., Бегматов Ш.А., Марданов А.В., Карначук О.В., Равин Н.В.</i>	
18. НОВАЯ СПОРООБРАЗУЮЩАЯ СУЛЬФАТРЕДУЦИРУЮЩАЯ БАКТЕРИЯ ИЗ КИШЕЧНИКА ВЕРБЛЮДОВ.....	36
<i>Л.С. Щетинина, И.А. Панова, М.Р. Авакян, Н.В. Равин, О.В. Карначук</i>	
19. ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ МИКОБАКТЕРИЙ.....	36
<i>Зименков Данила Вадимович, Уитанит А.И., Мачинская М.А.</i>	
20. НОВЫЙ ПРЕДСТАВИТЕЛЬ ФИЛУМА <i>VERRUCOMICROBIOTA</i> , ВЫДЕЛЕННЫЙ ИЗ БИОРЕАКТОРА С МЕТАНОКИСЛЯЮЩИМИ МИКРООРГАНИЗМАМИ.....	37
<i>Салова В.Д., Данилова О.В., Дедыш С.Н.</i>	
21. КОНЦЕПЦИЯ МНОЖЕСТВЕННОСТИ ПРОГРАММ АДАПТАЦИИ У БАКТЕРИИ <i>PESTOVACTERIUM ATROSEPTICUM</i> .....	37
<i>Петрова О.Е. *, Парфирова О.И., Даминаева А.Г., Горшков В.Ю.</i>	
22. ГЕННЫЙ ПОТЕНЦИАЛ ШТАММА <i>RHODOCOCCLUS ERYTHROPOLIS</i> PAR 7 ДЛЯ ПРИМЕНЕНИЯ В БИОРЕМЕДИАЦИИ.....	38
<i>Копылова О.А., Делеган Я.А.</i>	
23. РНМ6 И РНМ7 НЕОБХОДИМЫ ДЛЯ СВЕРХНАКОПЛЕНИЯ ПОЛИФОСФАТОВ КЛЕТКАМИ ДРОЖЖЕЙ.....	39
<i>Кулаковская Е.В., Звонарев А.Н.</i>	
24. ТЕНДЕНЦИИ В ИЗМЕНЕНИИ СПЕКТРА ВИДОВ И ГЕНОТИПОВ БАКТЕРИИ ПОРЯДКА <i>BURKHOLDERIALES</i> , ВЫЯВЛЕННЫХ В 2016-2023 Г У ПАЦИЕНТОВ МОСКОВСКИХ ЦЕНТРОВ МУКОВИСЦИДОЗА.....	39
<i>Воронина О.Л., Рыжова Н.Н., Кунда М.С., Аксенова Е.И., Амелина Е.Л., Лазарева А.В., Горинова Ю.В., Жилина С.В., Семькин С.Ю., Капотина Л.Н., Гинцбург А.Л.</i>	
25. УГЛЕВОДОРОДОКИСЛЯЮЩИЕ БАКТЕРИИ ДОННЫХ ЭКОТОПОВ БАРЕНЦЕВА И ПЕЧОРСКОГО МОРЕЙ.....	40
<i>Пыркин В.О., Гавирова Л.А., Строева А.Р., Меркель А.Ю., Бонч-Осмоловская Е.А.</i>	
26. ИЗМЕНЕНИЕ МЕХАНИЗМА АВТОТРОФНОЙ ФИКСАЦИИ УГЛЕКИСЛОТЫ ТЕРМОФИЛЬНОЙ БАКТЕРИИ <i>DESULFOTHERMOBACTER ACIDIPHILUS</i> В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ВНЕШНИХ ФАКТОРОВ.....	41
<i>А.И. Мальцева, И.В. Кубланов, Е.Н. Фролов</i>	

27. ВЛИЯНИЕ ТЕМПЕРАТУРЫ И ИСТОЧНИКА УГЛЕРОДА НА БИООКИСЛЕНИЕ СУЛЬФИДНОГО КОНЦЕНТРАТА.....	41
<i>Булаев А.Г., Елкина Ю.А., Колосов А.В., Нечаева А.В., Белецкий А.В., Кадников В.В., Меламуд В.С., Марданов А.В.</i>	
28. СОСТАВ И ПРОДУКТИВНОСТЬ ФОТОТРОФНЫХ СООБЩЕСТВ ЗОНЫ ХЕМОКЛИНА КАРСТОВЫХ ОЗЕР ЧЕРНЫЙ КИЧИЕР И БОЛЬШОЙ КИЧИЕР (РЕСПУБЛИКА МАРИ ЭЛ).....	42
<i>Саввичев А.С., Горленко В.М., Кадников В.В., Русанов И.И., Белецкий А.В., Захарова Е.Е., Кострикина Н.А., Веслополова Е.Ф., Пименов Н.В.</i>	
29. ЭФФЕКТИВНОСТЬ ШТАММОВ <i>BACILLUS</i> SPP В КАЧЕСТВЕ БИОЛОГИЧЕСКОГО ДЕЗИНФЕКТАНТА.....	43
<i>Дудник Д.Е., Иркутова А.Н, Малкова А.В., Каргашилова Е.Н</i>	
30. ПРЕДСКАЗАНИЕ СТЕХИОМЕТРИИ С-КОЛЕЦ В БАКТЕРИАЛЬНЫХ АТФ-СИНТАЗАХ F-ТИПА.....	43
<i>Зубарева В.М.*, Фенюк Б.А.:</i>	
31. УСПЕШНОСТЬ БАКТЕРИАЛЬНОЙ КОЛОНИЗАЦИИ РАСТЕНИЙ ЗАВИСИТ ОТ СТРУКТУРНЫХ ОСОБЕННОСТЕЙ О-ПОЛИСАХАРИДОВ.....	44
<i>Бурыгин Г.Л.</i>	
32. ОБРАЗОВАНИЕ БИОГЕННЫХ СУЛЬФИДОВ ЖЕЛЕЗА И МЕДИ СНИЖАЕТ ИХ КОНЦЕНТРАЦИЮ В КИШЕЧНИКЕ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ И ЧЕЛОВЕКА.....	45
<i>Иккерт О.П., Панова И.А., Щетинина Л. , Ракитин А.В. , Князев Ю.В., Карначук О.В.</i>	
33. ДИНАМИКА ИЗМЕНЕНИЯ СОСТАВА МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА АКТИВНОГО ИЛА БИОРЕАКТОРА, УДАЛЯЮЩЕГО ФОСФАТ ИЗ СРЕДЫ.....	45
<i>Груздев Е.В., Белецкий А.В., Пелевина А.В., Пименов Н.В., Равин Н.В., Марданов А.В.</i>	
34. АЛКАН МОНООКСИГЕНАЗА ALKV1 ШТАММА <i>RHODOCOCCUS QINGSHENGII</i> X5 НЕ ОБЯЗАТЕЛЬНА ДЛЯ РОСТА НА АЛКАНАХ.....	46
<i>К.В. Петриков, Л.И. Режепова, И.Ю. Позднякова-Филатова</i>	
35. ПРЕДОТВРАЩЕНИЕ БИОКОРРОЗИИ ПРОМЫШЛЕННЫХ МАТЕРИАЛОВ И ИСТОРИЧЕСКИХ АРТЕФАКТОВ В ЭКСТРЕМАЛЬНЫХ УСЛОВИЯХ.....	47
<i>Г.Ю. Яковлева , Е.А. Миронская , М.П. Данилаев, О.Н. Ильинская</i>	
36. ВЛИЯНИЕ ЭКСПРЕССИИ МУТАНТНЫХ ГЕНОВ РЕПРЕССОРА KSTR НА ПОТРЕБЛЕНИЕ СТЕРИНОВ АКТИНОБАКТЕРИЯМИ <i>M. SMEGMATIS</i> .....	47
<i>Карпов М.В., Брагин Е.Ю., Сафаргалеева А.В. , Донова М.В.</i>	
37. МИКРОБИОЛОГИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ПРИБРЕЖНОЙ АКВАТОРИИ КРЫМА В ВЕСЕННЕ-ЛЕТНИЙ ПЕРИОД (ПО МАТЕРИАЛАМ 121 И 122 РЕЙСОВ НИС «ПРОФЕССОР ВОДЯНИЦКИЙ»).....	48
<i>Дорошенко Ю.В., Бурдиян Н.В.</i>	
38. ЖИЗНЬ НА ТЕРМОДИНАМИЧЕСКОМ ПРЕДЕЛЕ: СИНТРОФИЯ В МЕТАНОГЕННОМ РАЗРУШЕНИИ СУКЦИНАТА И УГЛЕВОДОРОДОВ.....	49
<i>Галушко Александр Сергеевич</i>	
39. ЛОКАЛИЗАЦИЯ АНТИМИКРОБНЫХ СОЕДИНЕНИЙ В КЛЕТКАХ <i>LACTOBACILLUS BREVIS</i> .....	49
<i>Сидорова Н.А., Савушкин А.И.</i>	

40. ИЗУЧЕНИЕ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКОГО ПОРАЖЕНИЯ ИКОНЫ «ДЕИСУС ИЗ 13 ФИГУР» ИЗ ГОСУДАРСТВЕННОЙ ТРЕТЬЯКОВСКОЙ ГАЛЕРЕИ.....	50
<i>Манагарова О.Д., Авданина Д.А., Колганова Т.В., Воробьева О.Б., Шитов М.В., Жгун А.А.</i>	
41. ФЕКАЛЬНЫЙ МИРОБИОМ АБОРИГЕННЫХ НОМАДНЫХ ЖИВОТНЫХ БАЙКАЛЬСКОГО РЕГИОНА.....	51
<i>Лаврентьева Е.В., Банзаракцаева Т.Г., Козырева Л.П., Данилова Э.В., Цыренова Д.Д., Дамбаев В.Б., Бурюхаев С.П., Абидуева Е.Ю., Бегматов Ш.А., Марданов А.В., Бархутова Д.Д.</i>	
42. ДРОЖЖЕВАЯ МИКРОФЛОРА ОСЕТИНСКИХ СЫРОВ, ПРОИЗВЕДЕННЫХ В ГОРНЫХ И ПРЕДГОРНЫХ РАЙОНАХ СЕВЕРНОЙ ОСЕТИИ.....	52
<i>А.Ю. Туаева, Г.С. Качмазов, Е.С. Наумова</i>	
43. ГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКОЙ ПРИВЛЕКАТЕЛЬНОСТИ РИЗОСФЕРНОГО ШТАММА <i>ACHROMOBACTER INSOLITUS</i> LCU2.....	52
<i>Е.В. Крючкова, А.А. Нешко, Н.Е. Гоголева, А.С. Балкин, В.И. Сафронова, К.Ю. Каргополова, Е.И. Шагимарданова, Ю.В. Гоголев, Г.Л. Бурьгин</i>	
44. PARASALMO MYKISS, КАК БИОТИЧЕСКИЙ РЕЗУРВУАР ВОЗБУДИТЕЛЕЙ БАКТЕРИОЗОВ И МЕТОДЫ ИХ ЭКСПРЕСС-ДИАГНОСТИКИ.....	53
<i>Риккинен Андрей Дмитриевич</i>	
45. ИССЛЕДОВАНИЕ АРХЕЙ ГЛУБОКИХ ЛИНИЙ, ДОМИНИРУЮЩИХ В КИСЛЫХ ГОРЯЧИХ ИСТОЧНИКАХ.....	54
<i>Кочеткова Т.В., Карасева А.И., Прокофьева М.И., Туленков А.С., Кубланов И.В., Клюкина А.А., Ельченинов А.Г.</i>	
46. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ РАЗЛИЧНЫХ ИСТОЧНИКОВ УГЛЕРОДА ФОСФАТ-АККУМУЛИРУЮЩИМ МИКРОБНЫМ СООБЩЕСТВОМ ЛАБОРАТОРНОГО РЕАКТОРА.....	54
<i>А.В. Пелевина, Ю.Ю. Берестовская, В.А. Грачёв, А.Г. Дорофеев, Е.В. Груздев, Н.В. Равин, Н.В. Пименов, А.В. Марданов</i>	
47. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ СИСТЕМЫ CRISPR/CAS9 ДЛЯ ИССЛЕДОВАНИЯ ФАКТОРОВ ТРАНСЛЯЦИИ У ДРОЖЖЕЙ <i>SACCHAROMYCES CEREVISIAE</i> .....	55
<i>А.Г. Матвеевко, А.С. Михайличенко, Г.А. Журавлева</i>	
48. ВЫДЕЛЕНИЕ НОВЫХ ТЕРМОФИЛЬНЫХ ЦЕЛЛЮЛОЛИТИКОВ, ПОТЕНЦИАЛЬНЫХ СОСТАВЛЯЮЩИХ БИОПРЕПАРАТОВ ДЛЯ КОМПОСТИРОВАНИЯ НАВОЗА.....	56
<i>А.В. Ракитин, А.П. Лукина, И.А. Панова, Л.Б. Глухова, М.Р. Авакян, О.В. Карначук</i>	
49. РАЗНООБРАЗИЕ ГРИБОВ ДОННЫХ ГРУНТОВ ГЛУБОКОВОДНОЙ ЗОНЫ ОЗЕРА БАЙКАЛ.....	56
<i>Кураков А.В., Федорова М.Ф.</i>	
50. ПОЛУЧЕНИЕ ЭНДОЛИЗИНОВ СТАФИЛОКОККОВЫХ БАКТЕРИОФАГОВ SA120 И STE134 И ИЗУЧЕНИЯ ИХ АКТИВНОСТИ.....	57
<i>Голосова Н.Н., Козлова Ю.Н., Матвеев А.Л., Морозова В.В., Тикунов А.Ю.</i>	
51. ПРОЦЕСС АНАЭРОБНОГО ОКИСЛЕНИЯ ДВУХВАЛЕНТНОГО ЖЕЛЕЗА В ВОДОНОСНЫХ ГОРИЗОНТАХ ЕССЕНТУКСКОГО МЕСТОРОЖДЕНИЯ МИНЕРАЛЬНЫХ ВОД.....	58
<i>В.А. Пихтерева*, С.Н. Гаврилов<sup>1</sup>, А.А. Клюкина<sup>1</sup>, А.Ю. Меркель<sup>1</sup>, Н.Ю. Чистякова<sup>3</sup>, Д.И. Комлева<sup>3</sup>, Д.Г. Заварзина<sup>1</sup></i>	
52. АРКТИЧЕСКИЙ ПЛАВУЧИЙ УНИВЕРСИТЕТ – НОВАЯ ПЛОЩАДКА ДЛЯ МОНИТОРИНГА И КОМПЛЕКСНОГО ИЗУЧЕНИЯ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ.....	58
<i>Кашин А.С., Аксёнов А.С., Гончаров А.Е., Назаров П.А., Намсараев З.Б., Сабуров А.А.</i>	

53. CAR1 КАК НОВЫЙ СЕЛЕКТИВНЫЙ МАРКЕР ДЛЯ ГЕННОЙ ИНЖЕНЕРИИ ВИННЫХ ДРОЖЖЕЙ.....	59
<i>Ураков В.Н., Марданов А.В., Ружицкий А.О., Александров А.И., Равин Н.В., Кушириров В.В.</i>	
54. УЧАСТИЕ НУКЛЕОИД-АССОЦИИРОВАННОГО БЕЛКА DPS В ПРОТЕКЦИИ БАКТЕРИАЛЬНЫХ КЛЕТОК ПРИ СТРЕССЕ МЕДЛЕННОГО ВЫСУШИВАНИЯ .....	60
<i>Лойко Н.Г., Терешкина К.Б., Коваленко В.В., Моисеенко А.В., Терешкин Э.В., Соколова О.С., Крупянский Ю.Ф.</i>	
55. МИКРОБИОМЫ ЛИШАЙНИКОВ РОДА <i>CLADONIA</i> ИМЕЮТ СХОДНЫЙ ТАКСОНОМИЧЕСКИЙ СОСТАВ, КОТОРЫЙ НЕ ЗАВИСИТ ОТ ГЕОГРАФИЧЕСКОГО ПОЛОЖЕНИЯ ЭКОСИСТЕМЫ .....	61
<i>Панкратов Т.А., Мелехин А.В., Самылина О.С.</i>	
56. РАЗЛОЖЕНИЕ ПЛАСТИКОВ ТЕРМОФИЛЬНЫМИ МИКРООРГАНИЗМАМИ.....	61
<i>Соколова Т.Г., Провоторова Е.А., Шапагин А.В., Панова Т.В., Миронов В.В., Клюкина А.А., Дукач А.М., Бонч-Осмоловская Е.А.:</i>	
57. АНАЛИЗ БИОФАРМАЦЕВТИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА ЭКСТРЕОФИЛЬНЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ ОЗЕРА БАЙКАЛ.....	62
<i>В.Н. Шелковникова, М.Е. Дмитриева, А.Ю. Бельшенко, Е.В. Малыгина, Н.А. Имидоева, Тельнова Т.Ю., Д.В. Аксёнов-Грибанов</i>	
58. «АНАЛИЗ БИОРАЗНООБРАЗИЯ ГРИБНЫХ СИМБИОНТОВ ТРЮФЕЛЕВЫХ ГРИБОВ».....	63
<i>Имидоева Н.А., Малыгина Е.В., Дмитриева М.Е., Бельшенко А.Ю., Шелковникова В.Н., Аксёнов-Грибанов Д.В.</i>	
59. РАЗНООБРАЗИЕ МИКРООРГАНИЗМОВ НАЗЕМНЫХ ГРЯЗЕВЫХ ВУЛКАНОВ .....	63
<i>Слободкин А.И., Меркель А.Ю., Хомякова М.А., Слободкина Г.Б., Ратникова Н.М., Русанов И.И., Караевская Е.С., Фролова А.А., Строева А.Р., Черных Н.А.</i>	
60. МАРИЯ ГЕОРГИЕВНА БРАЖНИКОВА (1913-1998) (К 110-ЛЕТНЕМУ ЮБИЛЕЮ УЧЁНОЙ).....	64
<i>Маланичева И.А.</i>	
61. БАКТЕРИИ-ДЕСТРУКТОРЫ ФТАЛАТОВ В ТЕХНОГЕННОЙ ПОЧВЕ И РИЗОСФЕРЕ РАСТЕНИЙ РАЙОНА ПРОМЫШЛЕННЫХ СОЛЕРАЗРАБОТОК.....	65
<i>Корсакова Е.С., Пьянкова А.А., Нечаева Ю.И., Назаров А.В.</i>	
62. ФОСФОНАТАЗНЫЕ ОПЕРОНЫ ПОЧВЕННЫХ БАКТЕРИЙ-ДЕСТРУКТОРОВ ОРГАНОФОСФОНАТОВ РОДА <i>ACHROMOBACTER</i> .....	65
<i>Эпиктетов Д.О., Свиридов А.В., Тарлачков С.В., Леонтьевский А.А.</i>	
63. ЭКЗООЛИГОСАХАРИДЫ <i>RHIZOBIUM LEGUMINOSARUM</i> BV. <i>VICIAE</i> С МУТАЦИЯМИ В ГЕНАХ ГЛИКОЗИЛГИДРОЛАЗ PSSW, PLYB И PLYC.....	66
<i>Канапина А.Ш., Марченков В.В., Сурин А.К., Ашина Н.П., Ивашина Т.В.</i>	
64. <i>DESULFOSPOROSINUS CUPRIRESISTENS</i> SP. NOV. УЧАСТВУЮТ В АКТИВНОМ ВОССТАНОВЛЕНИИ СУЛЬФАТОВ В ОКИСЛЕННЫХ ОСАДКАХ ХВОСТОХРАНИЛИЩА ДОБЫЧИ ВОЛЬФРАМА.....	67
<i>И.А. Панова, И.И. Русанов, Э.В. Данилова, М.Р. Авакян, Н.В. Равин, О.В. Карначук</i>	
65. СИНТРОФНОЕ РАЗЛОЖЕНИЕ АЦЕТАТА СУЛЬФИДОГЕННОЙ АССОЦИАЦИЕЙ АНАЭРОБНЫХ МЕЗОФИЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ.....	67
<i>Галушко Александр Сергеевич, Розанова Елена Петровна</i>	

66. ГЕНЕТИЧЕСКИЙ И ФУНКЦИОНАЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ХОЛОДОЧУВСТВИТЕЛЬНОГО ФЕНОТИПА БАКТЕРИОФАГА БУРКХОЛЬДЕРИЙ АМР1.....	68
<i>Мария А. Летарова, Павел А. Иванов, Мария Н. Крупская, Илья Ш. Белалов, Владислав И. Богдан, Марта Р.Д. Клуки, Эдуард Е. Галёв, Андрей В. Летаров</i>	
67. ИЗМЕНЕНИЯ КАТАБОЛИЗМА ЧИСТЫХ КУЛЬТУР И МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ В БИОЭЛЕКТРОХИМИЧЕСКИХ СИСТЕМАХ ПОД ВЛИЯНИЕМ ЭЛЕКТРИЧЕСКОЙ СТИМУЛЯЦИИ ВНЕШНЕЙ ЦЕПИ.....	69
<i>Самков А.А., Волченко Н.Н., Круглова М.Н., Беспалов А.В., Худокормов А.А.</i>	
68. УСТОЙЧИВАЯ МИТОХОНДРИАЛЬНАЯ ГЕТЕРОПЛАЗМИЯ У ДРОЖЖЕЙ.....	69
<i>Муравьёв Г.С., Кашко Н.Д., Кнорре Д.А.</i>	
69. МИКРОБНЫЕ СООБЩЕСТВА ДОННЫХ ОТЛОЖЕНИЙ В СЕВЕРНОЙ ЧАСТИ БАРЕНЦЕВО-КАРСКОГО ШЕЛЬФА И ИХ СВЯЗЬ С ЗОНАМИ ФОКУСИРОВАННОЙ РАЗГРУЗКИ УГЛЕВОДОРОДНЫХ ГАЗОВ.....	70
<i>Строева А.Р., Мельник А.Д., Клюкина А.А., Пирогова А.С., Полудеткина Е.Н., Токарев М.Ю., Ахманов Г.Г., Меркель А.Ю.</i>	
70. НОВЫЕ БИОКАТАЛИЗАТОРЫ НА ОСНОВЕ <i>RHODOCOCCUS</i> ДЛЯ ПОЛУЧЕНИЯ ВОДОРАСТВОРИМЫХ АКРИЛОВЫХ ГЕТЕРОПОЛИМЕРОВ.....	71
<i>Новиков А.Д., Лавров К.В., Шемякина А.О., Гречишников Е.Г., Герасимова Т.В., Калинина Т.И., Леонова Т.Е., Рябченко Л.Е., Яненко А.С.</i>	
71. РАЗРАБОТКА СИНБИОТИЧЕСКОГО ПРЕПАРАТА НА ОСНОВЕ ПРОБИОТИЧЕСКИХ ЛАКТОБАКТЕРИЙ И АГРОМИНЕРАЛОВ И ЕГО ОЦЕНКА НА ПЕРЕПЕЛАХ.....	72
<i>Гаврилова Е.А., Карасева О.С., Монир Я.М., Ежкова А.М., Ежков В.О., Никитина Е.В., Яруллина Д.Р., Каюмов А.Р.</i>	
72. СРАВНИТЕЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ РЕЗИСТОМА ПОЧВ КОНВЕНЦИАЛЬНОЙ И ОРГАНИЧЕСКОЙ СИСТЕМ ЗЕМЛЕДЕЛИЯ.....	72
<i>Алексей С. Васильченко, Дарья В. Пошвина, Денис С. Груздев, Евгений О. Бурлаков, Сергей В. Кравченко, Анастасия В. Васильченко</i>	
73. ИДЕНТИФИКАЦИЯ РНК-ВИРУСОВ В МЕТАТРАНСКРИПТОМАХ ИЗ ОЗ. БАЙКАЛ.....	73
<i>Потапов С.А., Бельх О.И.</i>	
74. ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ КЛИНИЧЕСКИХ ШТАММОВ <i>Mycobacterium bovis</i> /M. CAPRAE.....	74
<i>Герентьева Д.Р., Савова-Лалковска Т., Димитрова А., Боновска М., Мокроусов И.В., Вылчева В.</i>	
75. ГЕНЕТИЧЕСКИЙ И ФУНКЦИОНАЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ХОЛОДОЧУВСТВИТЕЛЬНОГО ФЕНОТИПА БАКТЕРИОФАГА БУРКХОЛЬДЕРИЙ АМР1.....	74
<i>Мария А. Летарова, Павел А. Иванов, Мария Н. Крупская, Илья Ш. Белалов, Владислав И. Богдан, Марта Р.Д. Клуки, Эдуард Е. Галёв, Андрей В. Летаров</i>	
76. БИОРЕМЕДИАЦИОННЫЙ ПОТЕНЦИАЛ РИЗОБИЙ.....	75
<i>А.Ю. Муратова, С.Н. Голубев, И.Ю. Сунгурцева, Турковская О.В.</i>	
77. СОЗДАНИЕ ПРОДУЦЕНТОВ АМИНОКИСЛОТ С РАЗВЕТВЛЁННОЙ БОКОВОЙ ЦЕПЬЮ НА ОСНОВЕ <i>Corynebacterium glutamicum</i> .....	76
<i>Шереметьева Марина Евгеньевна, Ануфриев К.Э., Розанцева В.В., Рябченко Л.Е., Леонова Т.Е., Калинина Т.И., Герасимова Т.В., Яненко А.С.</i>	

78. ВЛИЯНИЕ ЭКСПРЕССИИ ГЕНА МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК ПОЛИМЕРАЗЫ Г <i>MIP1</i> В ДРОЖЖАХ <i>SACCHAROMYCES CEREVISIAE</i> НА СУПРЕССИВНОСТЬ МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК.....	76
<i>Х.Х. Енремян., М. Касьянова, Н.Д. Кашко, Д.А.Кнорре</i>	
79. ВЛИЯНИЕ СТОКОВ ОЧИСТНЫХ СООРУЖЕНИЙ Г. ПУЩИНО НА РАСПРОСТРАНЕНИЕ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ В ВОДНОЙ СРЕДЕ.....	77
<i>Измалкова Т.Ю., Сазонова О.И., Кошелева И.А.</i>	
80. ПРОБЛЕМА АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ.РЕГИОНАЛЬНЫЕ АСПЕКТЫ.....	78
<i>Н.В. Бугеро, Ильина Н.А., Н.В. Иванова, Повторейко А.В.</i>	
81. РАНОЗАЖИВЛЯЮЩАЯ АКТИВНОСТЬ ИММОБИЛИЗОВАННОГО НА ХИТОЗАНЕ ФИЦИНА.....	79
<i>Д.Р. Байдамынина, Е.Ю. Трizza, М.Г. Холявка, М.Н. Агафонова, М.Н. Чиркова, О.С. Васильева, А.Р. Каюмов</i>	
82. ПОЛИСАХАРИДНЫЙ СУБСТРАТ ДЛЯ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ ПРОДУЦЕНТОВ ГЛИКОЗИЛ-ГИДРОЛАЗ.....	79
<i>Майорова К.А., Аксёнов А.С., Шевченко А.Р., Родичева М.А., Телицын В.Д.</i>	
83. НОВЫЕ ЛИТОТРОФНЫЕ ПРОКАРИОТЫ ИЗ НАЗЕМНЫХ ГРЯЗЕВЫХ ВУЛКАНОВ.....	80
<i>Г.Б. Слободкина, Н.М. Ратникова, А.Ю. Меркель, А.И. Слободкин</i>	
84. РОДОКОККИ КАК ОСНОВА БИОСЕНСОРОВ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ НИЗКОМОЛЕКУЛЯРНЫХ ОРГАНИЧЕСКИХ СОЕДИНЕНИЙ.....	81
<i>Кувичкина Т.Н., Капаруллина Е.Н., Доронина Н.В., Решетилов А.Н.</i>	
85. РАЗНООБРАЗИЕ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ МЕТАНОВЫХ ПОКМАРКОВ ГОТЛАНДСКОЙ ВПАДИНЫ И ФИНСКОГО ЗАЛИВА БАЛТИЙСКОГО МОРЯ.....	81
<i>Валерий Лисун Аспирант ВШЖС БФУ имени И. Канта., Богдан Ефименко, Александра Клюкина, Александр Меркель, Марина Ульянова, Виктория Скрипская, Сергей Гаврилов, Константин Попадьян</i>	
86. РЕГУЛИРУЕМАЯ ГИБЕЛЬ КЛЕТОК ДРОЖЖЕЙ КАК МЕХАНИЗМ КОЛЛЕКТИВНОЙ ЗАЩИТЫ ОТ КСЕНОБИОТИКОВ.....	82
<i>Киреева Н.А., Соколов С.С., Галкина К.В., Кнорре Д.А.</i>	
87. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ КОНТЕКСТ-ЗАВИСИМЫХ ПОТОКОВЫХ МОДЕЛЕЙ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ МЕТАБОЛИЧЕСКИХ РАЗЛИЧИЙ У МЕТАНОТРОФНЫХ БАКТЕРИЙ <i>METHYLOTUVIMICROBIUM ALCALIPHILUM</i> 20ZR В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ИСТОЧНИКА УГЛЕРОДА И СОСТАВА СРЕДЫ ДЛЯ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ.....	83
<i>Куляшов Михаил Андреевич, Колмыков С.К., Хамильтон Р., Хлебодарова Т.М., Калужная М.Г., Акбердин И.Р.</i>	
88. ОЦЕНКА ТАКСОНОМИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА ТЕРМАЛЬНОГО ИСТОЧНИКА КУЧИГЕР (БАЙКАЛЬСКАЯ РИФТОВАЯ ЗОНА).....	83
<i>Раднагуруева А.А. Лаврентьева Е.В.</i>	
89. “JUMBO” ФАГ AERS_266, СПЕЦИФИЧНЫЙ К БАКТЕРИЯМ ВИДА <i>AEROMONAS SALMONICIDA</i> : БИОЛОГИЧЕСКИЕ СВОЙСТВА И ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА.....	85
<i>Морозова В.В., Козлова Ю.Н., Тикунов А.Ю., Бардашева А.В., Жираковская Е.В., Федорец В.А., Ушакова Т.А., Тикунова Н.В.</i>	
90. СТРУКТУРА И МЕТАБОЛИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ МИКРОБИОМА ПОВЕРХНОСТНОГО СЛОЯ ДОННЫХ ОТЛОЖЕНИЙ ОЗЕРА БАЙКАЛ ПО ДАННЫМ МЕТАГЕНОМНОГО АНАЛИЗА.....	86
<i>Букин С.В., Харо-Морено Х.М., Ломакина А.В., Захаренко А.С., Шубенкова О.В., Колесников П.М., Родригес-Валера Ф., Букин Ю.С., Земская Т.И.</i>	



91. АЭРОБНАЯ И АНАЭРОБНАЯ БИОДЕГРАДАЦИЯ УГЛЕВОДОРОДОВ НЕФТИ В ДОННЫХ ОТЛОЖЕНИЯХ ЯПОНСКОГО МОРЯ И ТАТАРСКОГО ПРОЛИВА.....	86
<i>Пономарева А.Л., Еськова А.И., Полоник Н.С., Шакиров Р.Б.</i>	
92. ДНК-МЕТАБАРКОДИНГ ПРОКАРИОТНЫХ СООБЩЕСТВ МОЛЛЮСКОВ В РАЗЛИЧНЫХ РЕГИОНАХ РОССИИ.....	87
<i>А.С. Аксёнов, О.Я. Кисиль, А.В. Кропотин, О.В. Аксёнова</i>	
93. СЕРНЫЙ МЕТАБОЛИЗМ <i>THIОCAPSA BOGOROVII</i> ВВС И РОЛЬ В НЕМ HYDSL-ГИДРОГЕНАЗЫ.....	87
<i>Петушкова Е.П., Хасимов М.Х., Цыганков А.А.</i>	
94. РОЛЬ ТРАНСПОРТА СТЕРИНОВ В СПОРУЛЯЦИИ ДРОЖЖЕЙ <i>SACCHAROMYCES CEREVISIAE</i> .....	88
<i>Сурикова Е.Д., Бартыши Е.А., Гольшев С.А., Кнорре Д.А., Северин Ф.Ф., Соколов С.С.</i>	
95. ЗАРОЖДЕНИЕ МЕТАБОЛИЗМА В ПЕРВИЧНЫХ ФОРМАХ ЖИЗНИ ЗАФИКСИРОВАННОЕ В ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ВЫХОДА БАКТЕРИАЛЬНЫХ КЛЕТОК ИЗ АНАБИОЗА.....	89
<i>Компаниченко В.Н., Эль-Регистан Г.И</i>	
96. ВСЕ ЛИ РИБОСОМЫ В МИТОХОНДРИЯХ ДРОЖЖЕЙ ОДИНАКОВЫ?.....	89
<i>Чичерин Иван Владимирович</i>	
97. МИКРОБНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ ПОЛУЧЕНИЯ ФИТОСТИМУЛИРУЮЩИХ ПРЕПАРАТОВ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ БАКТЕРИАЛЬНО-ГРИБНЫХ КУЛЬТУР.....	90
<i>Цивилева О.М., Шатерников А.Н., Евсеева Н.В.</i>	
98. РАЗНООБРАЗИЕ МИКРООРГАНИЗМОВ САПРОПЕЛЯ И ИХ ИСПОЛЬЗОВАНИЕ В БИОТЕХНОЛОГИИ УВЕЛИЧЕНИЯ НЕФТЕИЗВЛЕЧЕНИЯ ИЗ КАРБОНАТНЫХ КОЛЛЕКТОРОВ.....	91
<i>Д.Ш. Соколова, М.Р. Хисаметдинов, Т.Л. Бабич, Е.М. Семенова, А.А. Миних, А.В. Марданов, Т.Н. Назина</i>	
99. РЕГУЛЯЦИЯ АТФАЗНОЙ АКТИВНОСТИ БАКТЕРИАЛЬНЫХ АТФ-СИНТАЗ В УСЛОВИЯХ МОДЕЛИРОВАНИЯ ДЕЭНЕРГИЗАЦИИ <i>IN VITRO</i> .....	91
<i>Третьяков Данила, Лапашина Анна, Фенюк Борис</i>	
100. ВЛИЯНИЕ ИСТОЧНИКОВ АЗОТА И ФОСФОРА НА СОЛЮБИЛИЗАЦИЮ ФОСФОРА БАКТЕРИЯМИ.....	92
<i>Сидоренко М.Л.</i>	
101. СПЕЦИФИЧЕСКИЙ ОТВЕТ БАКТЕРИАЛЬНЫХ КЛЕТОК НА ДЕЙСТВИЕ В-ИОНОНА.....	93
<i>Сидорова Д.Е., Мелькина О.Е., Кокшарова О.А., Вагнер Е.Н., Хмель И.А., Плюта В.А.</i>	
102. ПОИСК SPP1-ПОДОБНЫХ БАКТЕРИОФАГОВ <i>VACILLUS SUBTILIS</i> И ОПРЕДЕЛЕНИЕ ИХ ГЕНОМНОГО ПОЛИМОРФИЗМА.....	93
<i>Гнучих Е.Ю., Хегай А.А., Прозоров А.И.,</i>	
103. СРАВНЕНИЕ МЕХАНИЗМОВ АДАПТАЦИИ К ХОЛОДУ У ПСИХРОТОЛЕРАНТА <i>MUCOR SP.</i> И ПСИХРОФИЛА <i>MUCOR PSYCHROPHILUS</i> .....	94
<i>В.М. Терёшина, Е.А. Януцевич, О.А. Данилова, Г.А. Кочкина<sup>б</sup></i>	
104. ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНА И ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА НОВОЙ ГРИБНОЙ СТЕРЕОИДНОЙ 7-ГИДРОКСИЛАЗЫ ШТАММА <i>CURVULARIA SP.</i> ВКМ F-3040.....	94
<i>Коллеров В.В., Тарлачков С.В., Шутов А.А., Донова М.В.</i>	

105. ТВЕРДОФАЗНЫЙ СПОСОБ ПОЛУЧЕНИЯ ПРОБИОТИЧЕСКИХ КОРМОВЫХ ДОБАВОК ДЛЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ.....	95
<i>Н.А. Ушакова, В.Г. Правдин, И.В. Правдин, Л.З. Кравцова</i>	
106. НОВЫЕ ВИДЫ СЕМЕЙСТВА <i>GEODERMATORHILACEAE</i> ИЗ ПУСТЫНЬ ЦЕНТРАЛЬНОЙ АЗИИ.....	96
<i>С.В. Тарлачков, И.П. Стародумова, О.В. Буева, Л.В. Лысак, С.А. Субботин, Л.И. Евтушенко</i>	
107. РОЛЬ ОСМОЛИТОВ И МЕМБРАННЫХ ЛИПИДОВ В АДАПТАЦИИ АЦИДОФИЛЬНЫХ ГРИБОВ.....	97
<i>Е.А. Януцевич, О.А. Данилова, О.А. Грум-Гржимайло, В.М. Терёшина</i>	
108. ЧЕТВЕРТЬ ВЕКА «ОХОТЫ» ЗА МЕТАНОТРОФАМИ НЕКУЛЬТИВИРУЕМОЙ ГРУППЫ <i>USCALPNA</i> , ОКИСЛЯЮЩИМИ АТМОСФЕРНЫЙ МЕТАН В АВТОМОРФНЫХ ПОЧВАХ.....	98
<i>Дедыш С.Н., Данилова О.В., Белова С.Э., Ошкин И.Ю., Мирошников К.К., Иванова А.А.</i>	
109. ПОИСК БАКТЕРИОФАГОВ, СПЕЦИФИЧНЫХ В ОТНОШЕНИИ БАКТЕРИЙ РОДА <i>RHODOCOCCUS</i> .....	98
<i>Токмакова И.П., Новиков А.Д., Самарин А.А., Яненко А.С.</i>	
110. СОЗДАНИЕ ТЕХНОЛОГИЙ ПО ЗАЩИТЕ РАСТЕНИЙ НА СИТИ-ФЕРМЕ.....	99
<i>Д.А. Исупова</i>	
111. ОСОБЕННОСТИ МИКРОБНОЙ ТРАНСФОРМАЦИИ $N_2O$ В ОЛИГОТРОФНОЙ ТОРФЯНОЙ ПОЧВЕ. ....	101
<i>Степанов А.Л., Климова А.Ю., Головченко А.В.</i>	
112. ТИРОЗОЛ ИНДУЦИРУЕТ МНОЖЕСТВЕННУЮ ЛЕКАРСТВЕННУЮ УСТОЙЧИВОСТЬ В КЛЕТКАХ ДРОЖЖЕЙ <i>SACCHAROMYCES CEREVISIAE</i> .....	102
<i>Носкова Е.В., Маркова О.В., Кнорре Д.А., Галкина К.В.</i>	
113. СВОЙСТВА МОРФОЛОГИЧЕСКИХ ВАРИАНТОВ <i>BACILLUS THURINGIENSIS</i> SUBSP. <i>AIZAWAI</i> .....	103
<i>*Шелихова Е.В. ", Масленникова В.С. ", Дубовский И.М.:"</i>	
114. ПОИСК НОВЫХ ШТАММОВ <i>STREPTOMYCES</i> , ПРОДУЦИРУЮЩИХ ПРОТИВОГРИБКОВЫЕ СОЕДИНЕНИЯ.....	103
<i>Мурзина Ю.И., Бардашева А.В., Якубовский В.И., Тикунова Н.В.</i>	
115. ШУМНАЯ ТРАНСКРИПЦИЯ ГЕНОВ ФОРМИРОВАНИЯ БИОПЛЕНОК <i>ESCHERICHIA COLI</i> : ОТ ЧЕГО ОНА ЗАВИСИТ?.....	104
<i>Т.А. Бессонова, М.Н. Тутукина", О.Н. Озолин, М.С. Гельфанд</i>	
116. БИОЛОГИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ И ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ <i>PSEUDOMONAS AERUGINOSA</i> .....	105
<i>Немченко Ульяна Михайловна, Белькова Н.Л., Клименко Е.С., Воропаева Н.М., Савилов Е.Д.</i>	
117. ОБЛИГАТНЫЕ МЕТАНОТРОФЫ: НОВЫЙ ВЗГЛЯД НА МЕТАБОЛИЗМ И ЕГО ПОТЕНЦИАЛ.....	105
<i>Розова О.Н., Бут С.Ю., Егорова С.В., Мельников О.И., Хмеленина В.Н., Мустахимов И.И.</i>	
118. ИЗУЧЕНИЕ МЕХАНИЗМОВ СБОРКИ ТАТ-ФИМБРИЙ (ТАФИ) – НОВОГО ТИПА ПОВЕРХНОСТНЫХ СТРУКТУР АРХЕЙ.....	106
119. БИОЛОГИЧЕСКИЕ И ГЕНОМНЫЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ ДЖАМБО ФАГА <i>SINORHIZOBIUM MELILOTI</i> .....	107
<i>Козлова А.П., Мунтян В.С., Румянцева М.Л</i>	

120. МЕТАБАРКОДИНГОВЫЕ И ГЕНОМНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ FE-MN СЛОЕВ СЕВЕРНОГО БАЙКАЛА.....	107
<i>Ломакина А.В., Букин С.В., Шубенкова О.В., Букин Ю.С., Погодаева Т.В., Земская Т.И.</i>	
121. НОВЫЙ ПРОДУЦЕНТ ЭХИНОКАНДИНОВ ИЗ ЛИШАЙНИКА <i>STEREOCAULON PASCHALE</i> .....	108
<i>Акопджанян А.В., Щербатов Р.Е., Панкратов Т.А.</i>	
122. РАЗНООБРАЗИЕ <i>VERRUCOMICROBIOTA</i> В НИЗИННЫХ БОЛОТАХ СЕВЕРА РОССИИ.....	109
<i>Иванова А.А., Куличевская И.С., Дедыш С.Н.</i>	
123. АНТИФУНГИЦИДНАЯ АКТИВНОСТЬ МЕТАБОЛИТОВ ЭНДОЛИТНОГО ШТАММА <i>NOCARDIA MANGYAENSIS</i> NH1.....	110
<i>Т.М. Ивойлова, А.А. Елистратова, Ф.Ф. Замалиева, М.Р. Шарипова, И.В. Хиляс</i>	
124. ПРИМЕНЕНИЕ <i>THERMITIBACILLUS PLUMBIVIRIDIS AAFK</i> ДЛЯ БИОВЫЩЕЛАЧИВАНИЯ АРСЕНОПИРИТНОГО РУДНОГО СЫРЬЯ.....	110
<i>Абашина Т.Н., Шайкин А.Н., Вайнштейн М.Б.</i>	
125. ИНГИБИРОВАНИЕ РОСТА <i>ESCHERICHIA COLI</i> S17-1 ПРИ СЕЛЕКТИВНОМ ОТБОРЕ КОНЬЮГАНТОВ <i>RHODOBACTER CAPSULATUS</i> B10.....	111
<i>Майорова Е.В., Петушкова Е.П., Цыганков А.А.</i>	
126. КРИТИЧЕСКАЯ РОЛЬ КОНЦЕВЫХ ОБЛАСТЕЙ БЕЛКА У ПРИОНОВ ДРОЖЖЕЙ.....	112
<i>Галлямов Артур Альбертович, Малухина Алена Дмитриевна, Кушниров Виталий Владимирович</i>	
127. РОЛЬ ОКИСЛИТЕЛЬНОГО СТРЕССА И ДЕФИЦИТА АРОМАТИЧЕСКИХ АМИНОКИСЛОТ В МЕХАНИЗМЕ ДЕЙСТВИЯ НОВЫХ ФУНГИЦИДНЫХ НУКЛЕОЗИДОВ С ЛИПОФИЛЬНОЙ ГРУППОЙ.....	112
<i>Бидюк В.А., Макаров Д.А., Александрова Л.А., Жгун А.А., Э.Ш.М.О. Газиз, Александров А.И.</i>	
128. ИЗУЧЕНИЕ РАЗНООБРАЗИЯ СООБЩЕСТВ МИКРООРГАНИЗМОВ В ОБРАЗЦАХ ПОВЕРХНОСТНОГО СЛОЯ ВОДЫ КАРСКОГО И БАРЕНЦЕВА МОРЯ МЕТОДАМИ МЕТАГЕНОМИКИ.....	113
<i>Мишустина Екатерина, Трофимова Анна</i>	
129. РЕГУЛЯЦИЯ ЧИСЛА КОПИЙ МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК У ДРОЖЖЕЙ <i>SACCHAROMYCES CEREVISIAE</i> , СОДЕРЖАЩИХ МИТОХОНДРИАЛЬНУЮ ДНК С ОБШИРНЫМИ ДЕЛЕЦИЯМИ.....	114
<i>Потапенко Е.Ю., Кашко Н.Д., Кнорре Д.А.</i>	
130. МЕТАБОЛИЧЕСКАЯ ИНЖЕНЕРИЯ МИКРОБНЫХ ПРОДУЦЕНТОВ ДЛЯ ПРОМЫШЛЕННОЙ БИОТЕХНОЛОГИИ: ПОЛУЧЕНИЕ ИЗОПРЕНОИДОВ ДЛЯ ФАРМАЦЕВТИКИ И МЕДИЦИНЫ.....	114
<i>Донова М.В.</i>	
131. ПОЛУЧЕНИЕ И ИССЛЕДОВАНИЕ БЕЛКА ХВОСТОВОГО ШИПА GP10 БАКТЕРИОФАГА <i>CURTOBACTERIUM AYUKA</i> .....	115
<i>Головин Д.Л., Комаревцев С.К., Лукьянова А.А., Токмакова А.Д., Евсеев П.В., Шнейдер М.М., Мирошников К.А.</i>	
132. МОЛЕКУЛЯРНОЕ К-ТИПИРОВАНИЕ И ФАГОТИПИРОВАНИЕ КОЛЛЕКЦИИ <i>KLEBSIELLA PNEUMONIAE</i> : ВЫЯВЛЕНИЕ ЛИТИЧЕСКОГО ФАГА KLEVP_211 С ШИРОКОЙ СПЕЦИФИЧНОСТЬЮ.....	116
<i>Якубовский В.И., Козлова Ю.Н., Морозова В.В., Тикунов А.Ю., Бардашева А.В., Жираковская Е.В., Тикунова Н.В.</i>	
133. ВЛИЯНИЕ <i>RHODOCOCCLUS QINGSHENGII</i> VKM AC-2784D НА ЭНДОСФЕРНУЮ БАКТЕРИЮ, АССОЦИИРОВАННУЮ С <i>SOLANUM TUBEROSUM</i> СОРТА ЛУГОВСКОЙ.....	116
<i>Мориц А.С., Бельков В.И., Петрушин И.С., Маркова Ю.А.</i>	

134. НЕКОДИРУЮЩИЕ РНК КАК ФАКТОРЫ КОНТРОЛЯ ПОДВИЖНОСТИ И ОБРАЗОВАНИЯ БИОПЛЕНОК У <i>ESCHERICHIA COLI</i> .....	117
<i>М.Н. Тутукина, Т.А. Бессонова, А.Д. Казнадзей, М.С. Гельфанд, О.Н. Озолин</i>	
135. САТЕЛЛИТНАЯ МИКРОБИОТА ЗДОРОВОГО ЛЁГКОГО И ТУБЕРКУЛЁЗНОГО ОЧАГА.....	118
<i>Орлова Елизавета Андреевна</i>	
136. ФУНКЦИОНАЛЬНЫЙ ПОТЕНЦИАЛ СТРЕПТОМИЦЕТОВ ЭВТРОФНЫХ БОЛОТ.....	118
<i>Грачёва Т.А., Головченко А.В., Самигуллина С.Р.</i>	
137. КАСКАДЫ ДЕЛЕЦИЙ В МИТОХОНДРИАЛЬНЫХ ДНК ДРОЖЖЕЙ <i>SACCHAROMYCES CEREVISIAE</i> .....	119
<i>Кашко Наталья Дмитриевна, Кнорре Дмитрий Алексеевич</i>	
138. ВЛИЯНИЕ КРАТКОВРЕМЕННОЙ ПРЕДОБРАБОТКИ БРАССИНОСТЕРОИДАМИ НА УСТОЙЧИВОСТЬ РАСТЕНИЙ ЯЧМЕНЯ К ХЛОРИДНОМУ ЗАСОЛЕНИЮ .....	119
<i>Серафимович М.В., Данилова Е.В., Коломейчук Л.В., Мурган О.К., Ефимова М.В., Сергеева М.Н., Воскобоев П.Д.</i>	
139. «НОВАЯ МЕТАНОАРХЕЯ ИЗ ИСКУССТВЕННОЙ ЭКОСИСТЕМЫ ВЕЧНОЙ МЕРЗЛОТЫ».....	120
<i>Речкина В.И., Щербакова В.А., Ривкина Е.М.</i>	
140. АВТОТРОФНЫЕ СУЛЬФИДОГЕНЫ ДОННЫХ ОСАДКОВ СЕВЕРО-ВОСТОЧНОГО ИЗГИБА КУРИЛЬСКОЙ КОТЛОВИНЫ ОХОТСКОГО МОРЯ.....	121
<i>Рыжманова Я.В., Телегин Ю.А., Щербакова В.А.</i>	
141. ДЕСТРУКЦИЯ ДИБУТИЛФТАЛАТА ГАЛОТОЛЕРАНТНЫМ ШТАММОМ РОДА <i>ARTHROBACTER</i> .....	121
<i>Нечаева Ю.И., Корсакова Е.С., Ястребова О.В., Плотникова Е.Г.</i>	
142. БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ ПОЧВЕННОГО МИКРОБИОМА.....	122
<i>Манучарова Н.А.</i>	
143. ОЦЕНКА СТРУКТУРЫ И БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА АКТИНОБАКТЕРИАЛЬНЫХ СООБЩЕСТВ ЗАПОВЕДНЫХ ЗОН ВЬЕТНАМА.....	123
<i>Дорченкова Ю.А., Грачева Т.А.</i>	
144. МЕХАНИЗМЫ ПОДДЕРЖАНИЯ ЖИЗНЕСПОСОБНОСТИ НОНСЕНС-МУТАНТОВ ПО ГЕНАМ <i>SUP45</i> И <i>SUP35</i> ДРОЖЖЕЙ <i>SACCHAROMYCES CEREVISIAE</i> .....	123
<i>Журавлева Г.А.</i>	
145. ВЕНТУРИЦИДИН-ЧУВСТВИТЕЛЬНОЕ РАЗОБЩЕНИЕ МЕМБРАН <i>PARACOCCUS DENITRIFICANS</i> ПОД ДЕЙСТВИЕМ ФОСФАТАЗ.....	124
<i>Т.В. Жарова, А.В. Кареева</i>	
146. НАНОПОРОВОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ ДЛЯ DE NOVO ОПРЕДЕЛЕНИЯ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ГЕНОМОВ.....	124
<i>Хренова М.Г., Панова Т.В., Родин В.А., Сергеев А.С., Кубарева Е.А., Трефилов В.С., Цавкелова Е.А., Зверева М.Э.</i>	
147. АНАЛИЗ МИКРОБИОМА КИШЕЧНИКА БОЛЬНЫХ ТУБЕРКУЛЕЗОМ ЛЕГКИХ ДО И ПОСЛЕ ПРОХОЖДЕНИЯ ПРОТИВОТУБЕРКУЛЕЗНОЙ ТЕРАПИИ.....	125
<i>Герентьева Д.Р., Юнусбаева М.М., Бородина Л.Я., Закирова А.М., Юнусбаев Б.Б.</i>	
148. ПОИСК БЕЛКОВ КИШЕЧНЫХ БАКТЕРИЙ ЧЕЛОВЕКА, СПОСОБНЫХ ИНДУЦИРОВАТЬ АГРЕГАЦИЮ АЛЬФА-СИНУКЛЕИНА.....	126
<i>Трубицина Н.П., Землянко О.М., Журавлева Г.А., Бондарев С.А.,</i>	

149. МИКРОБИОМ СТОЧНЫХ ВОД ГОРОДА МОСКВЫ И АКТИВНЫХ ИЛОВ ОЧИСТНЫХ СООРУЖЕНИЙ: ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ РОЛЬ В ОЧИСТКЕ ВОДЫ И РАСПРОСТРАНЕНИИ ГЕНОВ РЕЗИСТЕНТНОСТИ К АНТИБИОТИКАМ.....	127
<i>Бегматов Ш.А., Дорофеев А.Г., Пименов Н.В., Марданов А.В., Равин Н.В.</i>	
150. СПЕКТР НЕЙССЕРИЙ ГЕНИТАЛЬНОГО ТРАКТА ПРИ ВОСПАЛИТЕЛЬНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЯХ.....	127
<i>Годовалов Анатолий Петрович, Оборин Денис Александрович, Карпунина Тамара Исаковна</i>	
151. ХАРАКТЕРИСТИКА И ГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ ШТАММА-ДЕСТРУКТОРА ПАУ <i>DELFTIA TSURUHATENSIS</i> ULWDIS3.....	128
<i>Вершинина Д.Д., Ветрова А.А., Иванова А.А., Сазонова О.И.</i>	
152. ВЫДЕЛЕНИЕ МИКРООРГАНИЗМОВ-ДЕСТРУКТОРОВ ИЗ ПОЧВ, ЗАГРЯЗНЕННЫХ ПЕСТИЦИДОМ ИМАЗАМОКС.....	128
<i>Е.О. Приставка, А.А. Левчук, Л.А. Беловежец</i>	
153. <i>BACILLUS CEREUS</i> В ПОЧВЕ МОСКОВСКОЙ ОБЛАСТИ.....	129
<i>Полякова А.Н., Поляков Н.Б., Карпов И.Д., Осипова П.Д., Жуховицкий В.Г., Поддубко С.В., Карпов Д.С.</i>	
154. ДЕТЕКЦИЯ S-ГЕНОТИПА <i>Mycobacterium tuberculosis</i> И ПРОЯСНЕНИЕ ПОЗИЦИИ СПОРНЫХ СПОЛИГОТИПОВ ЕВРО-АМЕРИКАНСКОЙ ЛИНИИ.....	130
<i>Мокроусов И.В., Жданова С.Н., Вылчева В., Алексеева Г.И., Винокурова М.К., Огарков О.Б.</i>	
155. РАЗРАБОТКА МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИХ ПРЕПАРАТОВ ДЛЯ АГРОБИЗНЕСА.....	130
<i>Яценко Е.С., Плотникова А.Р., Лейтес. Е.А., Петухов В.А., Функ Т.В., Базарнова Н.Г.</i>	
156. БИОХИМИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ ГЕТЕРОТРОФНОГО РОСТА МЕТИЛОТРОФА <i>METHYLOBREVIS RAMUKKALENSIS</i> PK2.....	131
<i>Мельников О.И., Розова О.Н., Хмеленина В.Н., Мустахимов И.И.</i>	
157. ЭТАПЫ РАЗВИТИЯ БИОПЛЕНКИ ГРИБОВ РОДА <i>CANDIDA SPECIES</i> .....	131
<i>О.В. Еноктаева, Д.Ю. Трушников, М.В. Николенко, Н.В. Барышникова.</i>	
158. ОЦЕНКА РАЗНООБРАЗИЯ МИКРОФЛОРЫ КИШЕЧНИКА РАДУЖНОЙ ФОРЕЛИ ДЛЯ ПОИСКА ПЕРСПЕКТИВНЫХ ВИДОВ-АУТОБИОТИКОВ.....	133
<i>Германова М.А., Сидорова Н.А.</i>	
159. НОВЫЕ МУТАНТНЫЕ ТРАНСАМИНАЗЫ <i>RUEGERIA</i> SP. TM1040 ДЛЯ СИНТЕЗА БИЦИКЛИЧНЫХ ХИРАЛЬНЫХ АМИНОВ, ПРОИЗВОДНЫХ ТРОПАНА.....	133
<i>М.А. Родионова, М.Н. Петров, Т.С. Новожилова, А.Е. Новикова, Л.Р. Птицын</i>	
160. КУЛЬТИВИРУЕМОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ МИКРОМИЦЕТОВ, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ ТВЕРДЫХ ОТХОДОВ ПРОИЗВОДСТВА ПАЛЬМОВОГО МАСЛА.....	134
<i>Герасимчук А.Л., Топилина Ю.С., Трифонов А.А., Ивасенко Д.А.</i>	
161. НОВЫЕ ПУТИ АНАЭРОБНОГО ДЫХАНИЯ БАКТЕРИЙ.....	134
<i>Богачев А.В., Берцова Ю.В.</i>	

162. ВЛИЯНИЕ ВРЕМЕНИ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ НА АКТИВНОСТЬ РЕКОМБИНАНТНОЙ ФОСФОЛИПАЗЫ С, ПОЛУЧЕННОЙ В СИСТЕМЕ *VACILLUS MOJAVENSIS* ..... 135  
*Ширманов М.В., Евдокимов И.Ю., Колосов П.В., Колосова Е.А., Иркутова А.Н., Малкова А.В., Дудник Д.Е., Каргашилова Е.Н., Щербаков Д.Н., Чиркова В.Ю.*
163. БИООБРАЗОВАНИЕ НАНОЧАСТИЦ МЕТАЛЛОВ ПОД ДЕЙСТВИЕМ ФЕРМЕНТОВ БАКТЕРИЙ ..... 136  
*Чернова А.С., Пономарева Е.Г., Ветчинкина Е.П., Купряшина М.А.*
164. ВЫЯВЛЕНИЕ УСВОЕНИЯ ЭТАНОЛА ПРИ ФОТО- И ХЕМОГЕТЕРОТРОФНОМ СТАЦИОНАРНОМ РОСТЕ ПОЛИЭКСТРЕМОФИЛЬНОЙ КРАСНОЙ МИКРОВОДОРОСЛИ *GALDIERIA SULPHURARIA* ..... 136  
*Ю.В. Большевцева, И.Н. Стадничук*
165. СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ *Mycobacterium tuberculosis*: КРАТКИЙ ОБЗОР ФАКТОРОВ ЕЕ ФОРМИРОВАНИЯ ..... 137  
*Мокроусов И.В.*
166. ПЕРЕНОСЧИКИ МНОЖЕСТВЕННОЙ ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТИ ПРИ РЕДУКЦИОННОМ ДЕЛЕНИИ ДРОЖЖЕЙ *Saccharomyces cerevisiae* ..... 138  
*Адамович А.М., Галкина К.В., Кнорре Д.А.*
167. ВЛИЯНИЕ ФЕКОТРАНСПЛАНТАЦИИ НА КИШЕЧНЫЙ МИКРОБИОМ ПАЦИЕНТОВ С ЯЗВЕННЫМ КОЛИТОМ ..... 138  
*Федорец В.А., Тикунов А.Ю., Шрайнер Е.В., Чечушков А.В., Морозов В.В., Тикунова Н.В.*
168. БАКТЕРИИ, АССОЦИИРОВАННЫЕ С КОПЕЕЧНИКОМ ЗУНДУКСКИМ (*Hedysarum zundukii*, FABACEAE), ПРОИЗРАСТАЮЩИМ НА МАЛОМОРСКОМ ПОБЕРЕЖЬЕ ОЗ. БАЙКАЛ ..... 139  
*Ю.А. Маркова, И.А. Васильев, Д.А. Кривенко, И.С. Петрушин*
169. ОЦЕНКА АНТРОПОГЕННОГО ВЛИЯНИЯ НА ЧИСЛЕННОСТЬ ГЕТЕРОТРОФНОГО ПЛАНКТОНА В МОРСКОЙ ВОДЕ ПОРТА ТАМАНЬ ..... 140  
*Моисеева Е.В., Худокормов А.А., Самков А.А., Волченко Н.Н., Карасева Э.В., Круглова М.Н.*
170. РАЗНООБРАЗИЕ И ФУНКЦИИ ПРОКАРИОТНОГО КОМПЛЕКСА ПОЧВ И СОПРЯЖЕННЫХ СУБСТРАТОВ ЗАПОВЕДНИКОВ ВЬЕТНАМА ..... 140  
*Князева А.В., Лысак Л.В.*
171. ПОИСК, ХАРАКТЕРИСТИКА И ОЦЕНКА АНТИМИКРОБНОЙ АКТИВНОСТИ БАКТЕРИОФАГОВ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* KL14 ..... 141  
*Лукьянова А.А., Шнейдер М.М., Мирошников К.А.*
172. ВЫДЕЛЕНИЕ И ХАРАКТЕРИСТИКА НОВОГО БАКТЕРИОЛИТИЧЕСКОГО ФЕРМЕНТА *SERP3* *LYSOBACTER CAPSICI* VKM В-2533Т ..... 142  
*Зеленов Д.В., Афошин А.С., Кудрякова И.В., Галемина И.Е., Леонтьевская Е.А., Леонтьевская Н.В.*
173. «ИДЕНТИФИКАЦИЯ, ХАРАКТЕРИСТИКА И ОЦЕНКА СТЕПЕНИ ПАТОГЕННОСТИ ..... 142  
*М.В. Зубашева, Т.А. Смирнова, Н.Б. Поляков, Д.С. Карпов, А.И. Соловьев, Д.Н. Щербинин, Н.В. Шевлягина, М.А. Сухина, И.В. Яминский, В.Г. Жуховицкий*
174. ВЛИЯНИЕ АНТРОПОГЕННЫХ ЗАГРЯЗНИТЕЛЕЙ НА МИКРОБНЫЕ СООБЩЕСТВА МИКРОЧАСТИЦ (ПЫЛИ) ГОРОДОВ, РАСПОЛОЖЕННЫХ В РАЗНЫХ КЛИМАТИЧЕСКИХ ПОЯСАХ ..... 143  
*Сазонова О.И., Ветрова А.А., Иванова А.А., Корнейкова М.В., Новиков А.И., Служковская М.В., Гавричкова О.В.*

175. ДОМЕСТИКАЦИЯ МОЛОЧНЫХ ДРОЖЖЕЙ <i>KLUYVEROMYCES</i> : БЕТА-ГАЛАКТОЗИДАЗНЫЕ ГЕНЫ <i>LAC</i> ФЕРМЕНТАЦИИ ЛАКТОЗЫ .....	144
<i>Е.С. Наумова, Л.В. Лютова, Г.И. Наумов</i>	
176. УЛУЧШЕНИЕ ГЕНОМНЫХ РЕДАКТОРОВ НА ОСНОВЕ <i>S. PYOGENES</i> CAS9 .....	145
<i>Давлетшин А.И., Спасская Д.С., Тютяева В.В., Матвеева А.А., Гарбуз Д.Г., Карнов Д.С.,</i>	
177. ХАРАКТЕРИСТИКА БАКТЕРИОФАГА <i>BACL_227</i> И ЕГО СПОСОБНОСТЬ ПРЕДОТВРАЩАТЬ ОБРАЗОВАНИЕ БИОПЛЕНОК <i>BACILLUS LICHENIFORMIS</i> .....	145
<i>Козлова Ю.Н., Бардашева А.В. Морозова В.В. Якубовский В.И., Тикунов А.Ю., Тикунова Н.В.</i>	
178. ГОРМОНЫ ЧЕЛОВЕКА КАК МОДУЛЯТОРЫ ДЕЙСТВИЯ АНТИБИОТИКОВ В ОТНОШЕНИИ БИОПЛЕНОК МИКРООРГАНИЗМОВ-КОММЕНСАЛОВ КОЖИ .....	146
<i>Ганнесен А.В., Дювенжи Е.В., Логинова Н.А., Мосолова А.М., Неволлина Е.Д., Овчарова М.А., Журина М.В., Мартьянов С.В., Плакунов В.К.</i>	
179. РЕГУЛЯЦИЯ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ АНТИОКСИДАНТНОЙ ЗАЩИТЫ У СТРОГО АНАЭРОБНЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ .....	147
<i>Брюханов А.Л.</i>	
180. ЛЕКАРСТВЕННАЯ УСТОЙЧИВОСТЬ РАЗЛИЧНЫХ ГЕНОТИПОВ <i>Mycobacterium tuberculosis</i> В ЗАПАДНОЙ СИБИРИ .....	147
<i>Вязовая А.А.<sup>1</sup>, Пасечник О.А.<sup>2</sup>, Костюкова И.В.<sup>3</sup>, Герасимова А.А.<sup>1</sup>, Терентьева Д.Р.<sup>1</sup>, Мокроусов И.В.<sup>1</sup></i>	
181. МЕТАНОТРОФЫ, РАСТУЩИЕ НА МОРСКОЙ ВОДЕ, В БИОТЕХНОЛОГИИ ПОЛУЧЕНИЯ КОРМОВОГО БЕЛКА .....	148
<i>Тихонова Е.Н., Конопкин А.А., Федорук Д.В., Пименов Н.В., Дедыш С.Н.</i>	
182. ПЕПТИДНЫЕ ПАТТЕРНЫ МАМП БАКТЕРИАЛЬНЫХ ФЛАГЕЛЛИНОВ И ИХ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ С РАСТИТЕЛЬНЫМИ РЕЦЕПТОРАМИ: БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ И КОЭВОЛЮЦИОННЫЙ АСПЕКТЫ .....	149
<i>С.Ю. Щеголев, Г.Л. Бурыгин, Ю.В. Красова, Л.Ю. Матора</i>	
183. ОТЛИЧИТЕЛЬНЫЕ ОСОБЕННОСТИ ВНУТРИБОЛЬНИЧНЫХ ИЗОЛЯТОВ <i>Pseudomonas aeruginosa</i> , ВЫДЕЛЕННЫХ В МОСКОВСКИХ СТАЦИОНАРАХ .....	149
<i>Воронина О.Л., Кунда М.С., Аксенова Е.И., Рыжова Н.Н., Должикова И.В., Капотина Л.Н., Бурмистров Е.М., Никитенко Н.А., Гинцбург А.Л.</i>	
184. ЭНДОЛИЗИНЫ СТАФИЛОКОККОВЫХ БАКТЕРИОФАГОВ .....	150
<i>Я.А. Хлусевич, Н.Н. Голосова, А.Л. Матвеев, Ю.Н. Козлова, А.Ю. Тикунов, В.В. Морозова, Н.В. Тикунова</i>	
185. МИКРООРГАНИЗМЫ В МНОГОЛЕТНЕМЕРЗЛЫХ ОТЛОЖЕНИЯХ АРКТИКИ: НОВЫЕ ИГРОКИ ИЗВЕСТНЫХ ПРОЦЕССОВ .....	150
<i>Щербакова В.А., Речкина В.И., Трубицын В.Э., Захарюк А.Г., Рыжманова Я.В., Ривкина Е.М.</i>	
186. МЕХАНИЗМ ОКИСЛЕНИЯ ЭЛЕМЕНТНОЙ СЕРЫ У ПРЕДСТАВИТЕЛЯ НИТЧАТЫХ СЕРОБАКТЕРИЙ ИЗ СЕМЕЙСТВА <i>Beggiatoaceae</i> — <i>Beggiatoa leptomitiformis</i> .....	151
<i>Руденко Татьяна Сергеевна, Трубицына Любовь Игоревна, Грабович Маргарита Юрьевна</i>	
187. ИММОБИЛИЗАЦИЯ МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА АНАММОКС НА ПОДВИЖНЫХ НОСИТЕЛЯХ .....	152
<i>Канапацкий Т.А., Николаев Ю.А., Грачев В.А., Пелевина А.В., Пименов Н.В., Марданов А.В.</i>	

188. БИОДЕГРАДАЦИЯ КОМПОЗИЦИОННЫХ СОСТАВОВ НА ОСНОВЕ АЛЬГИНАТА НАТРИЯ <i>TRICHODERMA HARZIANUM</i> .....	153
<i>Н.В. Филинова, В.С. Мясникова, Л.А. Беловежец</i>	
189. АНТИМИКРОБНЫЕ СВОЙСТВА КОМПОЗИТНЫХ МАТЕРИАЛОВ, МОДИФИЦИРОВАННЫХ МИКРОЧАСТИЦАМИ ОКСИДОВ ТЯЖЕЛЫХ МЕТАЛЛОВ И СВЧ ВОЗДЕЙСТВИЕМ .....	153
<i>Злобина И.В., Шишкин А.Ю., Смирнов В.Ф., Корягин А.В.</i>	
190. СОВРЕМЕННАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ <i>Mycobacterium tuberculosis</i> В РЕСПУБЛИКЕ БУРЯТИЯ .....	154
<i>Мударисова Р.С., Бадлеева М.В., Вязовая А.А., Мокроусов И.В.</i>	
191. ВЗАИМООТНОШЕНИЯ БАКТЕРИЙ <i>VACILLUS THURINGIENSIS</i> И КОЛОРАДСКОГО ЖУКА: КАК УВЕЛИЧИТЬ ЭФФЕКТИВНОСТЬ БИОЛОГИЧЕСКИХ ИНСЕКТИЦИДОВ НА ОСНОВЕ БАКТЕРИЙ? .....	155
<i>Дубовский Иван Михайлович, Гризанова Екатерина Валерьевна, Терещенко Дарья Сергеевна, Крыцына Татьяна Игоревна</i>	
192. РАЗНООБРАЗИЕ, МЕТАБОЛИЗМ И ГЕНОМИКА НИТЧАТЫХ БЕСЦВЕТНЫХ СЕРОБАКТЕРИЙ .....	155
<i>Маргарита Грабович</i>	
193. ФЕНОТИПИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ И АНАЛИЗ ГЕНОМА НОВОГО ИЗОЛЯТА <i>CANDIDATUS</i> <i>METHYLOSPIRA MOBILIS</i> , МЕТАНОТРОФА СО СПИРАЛЬНОЙ ФОРМОЙ КЛЕТОК .....	156
<i>Данилова О.В., Сулейманов Р.С., Ошкин И.Ю., Мирошников К.К., Дедыш С.Н.</i>	
194. МЕТАГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА ВКЛЮЧАЮЩЕГО АНАММОКС БАКТЕРИЙ В ПОДЗЕМНЫХ ВОДАХ С ЭКСТРЕМАЛЬНЫМ АЗОТНЫМ ЗАГРЯЗНЕНИЕМ И НИЗКОЙ ТЕМПЕРАТУРОЙ .....	157
<i>Сафонов А.В., Литти Ю.В., Ельченинов А.Г., Бочкова Е.А., Черных Н.А., Меркель А.Ю., Вишнякова А.В., Попова Н.М.</i>	
195. НОВЫЕ ДРОЖЖЕВЫЕ МОДЕЛИ ХРОНИЧЕСКИХ ЗАБОЛЕВАНИЙ .....	157
<i>Рогов А.Г., Епрмян Х.Х., Голева Т.Н., Мустафин Д.А., Хвастунов В.О., Звягильская Р.А.</i>	
196. ПРОБИОТИКИ И МЕТАБИОТИКИ НА МИНЕРАЛЬНЫХ НОСИТЕЛЯХ .....	158
<i>Ильинская О.Н., Галеева А.Г., Зеленихин П.В.</i>	
197. ВЛИЯНИЕ СУБМИКРОННЫХ ЧАСТИЦ ОКСИДОВ МЕТАЛЛОВ, ОБЛАДАЮЩИХ ФОТОКАТАЛИТИЧЕСКОЙ АКТИВНОСТЬЮ, НА ПРОДУКЦИЮ ПЕРОКСИДА ВОДОРОДА И АКТИВНОСТЬ НЕКОТОРЫХ ЭКЗООКСИДОРЕДУКТАЗ ГРИБОВ-БИОДЕСТРУКТОРОВ РАЗЛИЧНЫХ ПРОМЫШЛЕННЫХ МАТЕРИАЛОВ .....	159
<i>Шишкин А.Ю., Аникина Н.А., Барышков Р.В., Смирнов В.Ф., Смирнова О.Н.</i>	
198. МИКРОБИОЛОГИЯ ПИЩЕВЫХ ПРОИЗВОДСТВ В РОССИИ .....	159
<i>Намсараев З.Б., Тоцаков С.В., Федосов Д.Ю., Патрушев М.В.</i>	
199. ОДНОСТАДИЙНАЯ БИОТРАНСФОРМАЦИЯ ФИТОСТЕРИНА В ТЕСТОСТРОН ШТАММАМИ МИКОЛИЦИБАКТЕРИЙ .....	160
<i>Текучева Д.Н., Карпов М.В., Фокина В.В., Тымакова Т.И., Шутов А.А., Донова М.В.</i>	
200. МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОНТРОЛЬ НАЛИЧИЯ ЭНДОФИТНЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ В КУЛЬТИВИРУЕМЫХ <i>IN VITRO</i> КЛЕТКАХ ВЫСШИХ РАСТЕНИЙ .....	161
<i>Майборода А. Д., Глаголева Е.С., Носов А.М., Лобакова Е.С.</i>	
201. ГЛИКОПОЛИМЕРЫ КЛЕТОЧНОЙ СТЕНКИ В ТАКСОНОМИИ АКТИНОБАКТЕРИЙ РОДА <i>RATAYIBACTER</i> .....	161
<i>Потехина Н.В., Тульская Е.М., Шапков А.С., Оспенников Ю.В., Евтушенко Л.И.</i>	



202. ХАРАКТЕРИСТИКА СИСТЕМЫ РЕСТРИКЦИИ-МОДИФИКАЦИИ СВА ТЕРМОФИЛЬНОЙ БАКТЕРИИ TERPIDIFORMA BONCHOSMOLOVSKAYAЕ 37530 .....	162
<i>Холдина А.М., Заюлина К.С., Ельченинов А.Г., Кочеткова Т.В., Кубланов И.В., Фролов Е.Н., Клюкина А.А.</i>	
203. РОЛЬ НЕОРГАНИЧЕСКИХ ПОЛИФОСФАТОВ В СТРЕССОВОЙ АДАПТАЦИИ У ДРОЖЖЕЙ .....	163
<i>Кулаковская Т.В.</i>	
204. 204. БАКТЕРИОФАГИ КАК АНТИБАКТЕРИАЛЬНЫЕ АГЕНТЫ В ПИЩЕВОЙ ПРОМЫШЛЕННОСТИ .....	163
<i>Скорынина А.В., Казанцева О.А., Пилигримова Э.Г., Рябова Н. А., Шадрин А.М.</i>	
205. КЛЕТОЧНЫЕ КУЛЬТУРЫ РАСТЕНИЙ КАК ОСНОВА ДЛЯ РАЗРАБОТКИ ЛЕКАРСТВЕННЫХ СРЕДСТВ .....	164
<i>Чурин А.А., Филонова М.В., Дорофеев В.Ю., Медведева Ю.В., Неупокоева О.В., Федорова Е.П.</i>	
206. ХАРАКТЕРИСТИКА ПРОКАРИОТНОГО СООБЩЕСТВА ЧЕРНОЗЕМА ЗАГРЯЗНЕННОГО НЕФТЬЮ ПОД ВЛИЯНИЕМ ХЛОРИД- И НИТРАТСОДЕРЖАЩИХ СОЛЕЙ .....	165
<i>А.П. Власова</i>	
207. ИДЕНТИФИКАЦИЯ ПЕРЕНОСА ЭЛЕКТРОНОВ В СИСТЕМЕ ФЕРРЕДОКСИНОВ И ФЕРРЕДОКСИНРЕДУКТАЗ <i>Mycolicibacterium smegmatis</i> .....	165
<i>Эпиктетов Д.О., Карпов М.В., Донова М.В.</i>	
208. ОПЫТ ФИТОМОНИТОРИНГА МИКОЗОВ КОЛЛЕКЦИОННЫХ ДЕКОРАТИВНЫХ И ЛЕКАРСТВЕННЫХ РАСТЕНИЙ .....	166
<i>Серая Л.Г., Ларина Г.Е.</i>	
209. ИЗУЧЕНИЕ МЕТАБОЛИЗМА МЕТАНОТРОФНЫХ БАКТЕРИЙ НА ОСНОВЕ АНАЛИЗА ОМИКСНЫХ ДАННЫХ И ПОТОКОВОГО МОДЕЛИРОВАНИЯ .....	167
<i>Акбердин Илья Ринатович, Куляшов М.А., Колмыков С.К., Гамильтон Р., Хлебодарова Т. М., Калюжная М. Г.</i>	
210. ЗНАЧИМЫЕ ПОКАЗАТЕЛИ КИШЕЧНОГО МИКРОБИОМА У ЖЕНЩИН РЕПРОДУКТИВНОГО ВОЗРАСТА ПРИ СИНДРОМЕ ПОЛИКИСТОЗА ЯИЧНИКОВ .....	168
<i>Белькова Наталья Леонидовна, Сутурина Л.В., Клименко Е.С., Немченко У.М., Игумнов И.А., Тюменцева Д., Лазарева Л.М., Данусевич И.Н., Надеяева Я.Г., Шолохов Л.Ф., Рашидова М.А., Аталян А.В.</i>	
211. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ СИНТЕТИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА ИРКУТСКОГО ИНСТИТУТА ХИМИИ ДЛЯ СОЗДАНИЯ НОВЫХ ПЕРСПЕКТИВНЫХ АНТИМИКРОБНЫХ АГЕНТОВ .....	169
<i>Беловежец Л.А., Кондрашов Е.В., Малышева С.Ф., Куимов В.А., Белогорлова Н.А., Мареев А.В., Ишигеев Р.С., Матвеева Е.А., Кузнецова В.Е., Коржова С.А.</i>	
212. KANREMUVER – ИНСТРУМЕНТ ДЛЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОГО ВВЕДЕНИЯ ДЕЛЕЦИЙ В ГЕНОМ <i>Saccharomyces cerevisiae</i> С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ДРОЖЖЕВОЙ ДЕЛЕЦИОННОЙ КОЛЛЕКЦИИ .....	169
<i>Хованкина А.В., Сабирзянов Ф.А.</i>	
213. ТРАНСКРИПТОМНЫЕ ЛАНДШАФТЫ БАКТЕРИЙ .....	170
<i>Гоголев Ю.В., Коннова Т.А., Хамза Хамо, Ведерников А.С., Осипова Е.В., Гоголева Н.Е., Балкин А.С.</i>	
214. РАЗНООБРАЗИЕ ЭРИКОИДНЫХ ЭНДОМИКОРИЗООБРАЗУЮЩИХ ГРИБОВ-МИКРОМИЦЕТОВ ИЗ ОДНОГО САЙТА НА ТЕРРИТОРИИ ТОМСКОЙ ОБЛАСТИ .....	171
<i>Ю.С. Топилина, Л.Б. Глухова, Ю.А. Франк, А.Л. Герасимчук, Д.В. Анциферов</i>	
215. АДАПТИВНАЯ РОЛЬ МНОЖЕСТВЕННЫХ АРХЕЛЛИНОВЫХ ГЕНОВ .....	171
<i>Пятибратов М.Г., Сюткин А.С., Мельник Т.Н., Щеголев С.Ю.</i>	

216. О-АНТИГЕН МОЖЕТ РАСПОЗНАВАТЬСЯ БАКТЕРИОФАГАМИ, РОДСТВЕННЫМИ ФАГУ RB49, КАК ОДИН ИЗ АЛЬТЕРНАТИВНЫХ ПЕРВИЧНЫХ РЕЦЕПТОРОВ.....	172
<i>Куликов Е.Е., Голомидова А.К., Ефимов А.Д., Кузнецов А. С.</i>	
217. РИЗОСФЕРНЫЙ МИКРОБИОМ РАСТЕНИЙ СЕМЕЙСТВА ЯСНОТКОВЫЕ ( <i>LAMIACEAE</i> L.).....	173
<i>Жаркова Е.К., Ванькова А.А., Свиридова Л.А.</i>	
218. ГАЛОАЛКАЛОТОЛЕРАНТНЫЕ ГРИБЫ РОДА <i>EMERICELLOPSIS</i> В ГРУНТАХ ОЗЕРА ТАМБУКАН.....	174
<i>Георгиева М.Л., Биланенко Е.Н., Понизовская В.Б., Кокаева Л.Ю., Георгиев А.А., Ефименко Т.А., Маркелова Н.Н., Куварина А.Е., Садыкова В.С.</i>	
219. БИОПЛЕНКИ СО СТЕН КАПОВОЙ ПЕЩЕРЫ КАК ИСТОЧНИК ПРОДУЦЕНТОВ ГИДРОЛАЗ.....	174
<i>Курди У., Яковлева Г.Ю., Ильинская О.Н.</i>	
220. СБОРКА ГЕНЕТИЧЕСКИХ КОНСТРУКЦИЙ <i>IN VIVO</i> В МИЦЕЛИАЛЬНОМ ГРИБЕ <i>TALAROMYCES CELLULOLYTICUS</i> .....	175
<i>Орленева А.П., Тесля П.Н., Серебряный В.А.</i>	
221. МЕТАГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА, АССОЦИИРОВАННОГО С ПОДЗЕМНЫМ ГОРЕНИЕМ УГЛЯ В РЕСПУБЛИКЕ БУРЯТИЯ.....	176
<i>Кадников В.В., Марданов А.В., Белецкий А.В., Карначук О.В., Равин Н.В.</i>	
222. КИШЕЧНЫЙ МИКРОБИОЦЕНОЗ ПОДРОСТКОВ ПРИ ОЖИРЕНИИ.....	176
<i>Клименко Е.С., Белькова Н.Л.</i>	
223. ОПРЕДЕЛЕНИЕ СКОРОСТИ СУЛЬФАТРЕДУКЦИИ В ФЕКАЛИЯХ И КОМПОСТЕ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ РАДИОИЗОТОПНОГО МЕТОДА.....	177
<i>Русанов И.И., Кадников В.В., Лукина А.П., Захарова Е.Е., Карначук О.В.</i>	
224. МИКРОБНЫЙ ПЕЙЗАЖ МОКРОТЫ БОЛЬНЫХ С COVID-АССОЦИИРОВАННЫМИ ПНЕВМОНИЯМИ И ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬ, ВЫДЕЛЕННЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ, К АНТИМИКРОБНЫМ ПРЕПАРАТАМ.....	178
<i>Степаненко И.С.</i>	
225. МЕТАБОЛИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА ПРИБРЕЖНОЙ ЗОНЫ В РАЙОНЕ ТЕРМАЛЬНОГО ИСТОЧНИКА ЗМЕИНЫЙ (СЕВЕРНЫЙ БАЙКАЛ).....	178
<i>Черницына С.М., Еловская И.С., Букин С.В., Букин Ю.С., Земская Т.И.</i>	
226. БАКТЕРИИ ЦИКЛА СЕРЫ КАК ВОЗМОЖНЫЙ ИНДИКАТОР СМЕНЫ ЭКОЛОГИЧЕСКОГО ТИПА ВОДОЕМА (НА ПРИМЕРЕ ЗАЛИВА КАНДА, КАНДАЛАКШСКИЙ ЗАЛИВ БЕЛОГО МОРЯ).....	179
<i>В.В. Беленкова<sup>а</sup>, А.С. Саввичева, Н.А. Демиденко</i>	
227. НОВЫЕ МЕХАНИЗМЫ ЗАПАСАНИЯ ЭНЕРГИИ У АЦЕТОГЕННЫХ БАКТЕРИЙ.....	179
<i>Фролов Е.Н., Гололобова А.В., Лебединский А.В., Ельченинов А.Г., Кубланов И.В.</i>	
228. ЭВОЛЮЦИЯ И КЛАССИФИКАЦИЯ КЛАСТЕРОВ ГЕНОВ <i>TFD</i> , КОНТРОЛИРУЮЩИХ БАКТЕРИАЛЬНУЮ ДЕГРАДАЦИЮ.....	180
<i>Ясаков Тимур Рамилевич</i>	
229. ИНАКТИВАЦИЯ ГЕНОВ СИСТЕМЫ РЕПАРАЦИИ ДНК ПО МЕХАНИЗМУ СОЕДИНЕНИЯ НЕГОМОЛОГИЧНЫХ КОНЦОВ СНИЖАЕТ УСТОЙЧИВОСТЬ <i>DEBARYOMYCES HANSENI</i> К РАЗЛИЧНЫМ ВИДАМ СТРЕССА.....	181
<i>Черданцев И.А., Котлов М.И., Полякова А.Н., Карнов Д.С.</i>	

230. ВЗАИМОСВЯЗЬ ПРОЯВЛЕНИЙ НАРУШЕНИЙ ГЛИКОЗИЛИРОВАНИЯ БЕЛКОВ В СЕКРЕТОРНОМ ПУТИ С $Ca^{2+}$ -ЗАВИСИМОЙ РЕГУЛЯЦИЕЙ АКТИВНОСТИ ПРОТЕИНКИНАЗЫ NOG1	181
<i>Пахомова М.Д., Кулакова М.В., Каргинов А.В., Красовитов К.В., Агафонов М.О.</i>	
231. ВЛИЯНИЕ НЕФТЕВЫТЕСНЯЮЩЕЙ КОМПОЗИЦИИ И ЕЕ КОМПОНЕНТОВ НА ПЛАСТОВУЮ МИКРОФЛОРУ РАЗНЫХ ГРУПП	182
<i>Овсянникова В. С., Щербакова А. Г.</i>	
232. ИЗМЕНЕНИЕ ВОСПРИИМЧИВОСТИ БАКТЕРИЙ К АНТИБИОТИКАМ В СМЕШАННЫХ СООБЩЕСТВАХ: МОЛЕКУЛЯРНЫЕ АСПЕКТЫ	183
<i>Каюмов А.Р., Тризна Е.Ю., Миронова А.В., Федорова М.С.</i>	
233. МОДИФИКАЦИЯ ЛИГНИНА СЕКРЕТИРУЕМЫМ ФЕРМЕНТНЫМ КОМПЛЕКСОМ РЕКОМБИНАНТНОГО ШТАММА <i>PENICILLIUM CANESCENS</i> , СОДЕРЖАЩИМ УНИВЕРСАЛЬНУЮ ПЕРОКСИДАЗУ VP2 <i>TRAMETES HIRSUTA</i>	183
<i>Савинова О.С., Чулкин А.М., Федорова Т.В.</i>	
234. ФАКТОРЫ, ВЛИЯЮЩИЕ НА СТАБИЛЬНОСТЬ ТРИМЕРНОЙ ФОРМЫ 2,-ДЕЗОКСИУРИДИН-5,-ТРИФОСФАТНУКЛЕОТИДГИДРОЛАЗЫ <i>ESCHERICHIA COLI</i>	184
<i>А.А. Кириленко<sup>а</sup>, Е.А. Коваленко<sup>а</sup>, А.В. Юджина<sup>б,с</sup>, А.В. Ендуткин<sup>б</sup>, Е.П. Панфёрова<sup>б</sup>, А.А. Коханенко<sup>а</sup>, Д.О. Жарков<sup>б,с</sup></i>	
235. АДАПТИВНЫЕ ИЗМЕНЕНИЯ УЛЬТРАСТРУКТУРНОЙ ОРГАНИЗАЦИИ БАКТЕРИАЛЬНОЙ КЛЕТКИ ПРИ РОСТЕ В УСЛОВИЯХ СТРЕССА И ПОКОЯ	185
<i>Полищцева В.Н., Иминова Л.Р., Звонарев А.Н., Сузина Н.Е., Соляникова И.П.</i>	
236. АДАПТАЦИОННЫЕ СТРАТЕГИИ <i>HELICOBACTER PYLORI</i>	185
<i>Жуховицкий В.Г.</i>	
237. РАЗНООБРАЗИЕ МИКРОВОДОРОСЛЕЙ ЭПИФИТНЫХ СООБЩЕСТВ ВЫСШИХ РАСТЕНИЙ УРБАНИЗИРОВАННЫХ ТЕРРИТОРИЙ	186
<i>Кучина Дарья Денисовна</i>	
238. ТРАНСПЛАНТАЦИЯ ФЕКАЛЬНОЙ МИКРОБИОТЫ ПРИ ВИРУСНОЙ И СМЕШЕННОЙ БАКТЕРИАЛЬНОЙ ИНФЕКЦИИ У РЕЦИПИЕНТОВ АЛЛО-ТГСК	187
<i>Ю.А. Беспятых<sup>а</sup>, А.В. Господарик, Г.З. Серёгин, Я.Д. Шанский, А.В. Комарова, С.С. Есиев, Жгун Е.С., Г.О. Бронин</i>	
239. ПЕРВЫЕ ОБЛИГАТНО АВТОТРОФНЫЕ АЦЕТОГЕННЫЕ БАКТЕРИИ	187
<i>Гололобова А.В., Лебединский А.В., Ельченинов А.Г., Кубланов И.В., Фролов Е.Н.</i>	
240. ИСТОЧНИК ТЕРМОФИЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ В ПСИХРОФИЛЬНЫХ ОСАДКАХ ОЗЕРА БАЙКАЛ – ГИДРОТЕРМЫ НА ПОБЕРЕЖЬЕ ОЗЕРА ИЛИ ГЛУБИННЫЕ ФЛЮИДЫ?	188
<i>Павлова О.Н., Черницына С.М., Земская Т.И.</i>	
241. ОЦЕНКА ФУНКЦИОНАЛЬНОГО СОСТОЯНИЯ МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА ПОЧВ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МЕТОДА МУЛЬТИСУБСТРАТНОГО ТЕСТИРОВАНИЯ	189
<i>Данилова Е.А.</i>	
242. УМЕРЕННЫЕ БАКТЕРИОФАГИ В13 И В473, ИНФИЦИРУЮЩИЕ ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ ГРУППЫ <i>BACILLUS CEREUS SENSU LATO</i>	189
<i>Казанцева О.А., Шадрин А.М.</i>	

243. НОВЫЕ АНАЭРОБНЫЕ БАКТЕРИИ ЦИКЛА ЖЕЛЕЗА, ВЫДЕЛЕННЫЕ ИЗ ЕССЕНТУКСКОГО И НАГУТСКОГО МЕСТОРОЖДЕНИЙ МИНЕРАЛЬНЫХ ВОД.....	190
<i>Заварзина Д.Г., Прокофьева М.И., Подосокорская О.А., Клюкина А.А., Меркель А.Ю., Пихтерева В.А., Маслов А.А., Гаврилов С.Н.</i>	
244. НОВЫЙ ПСИХРОФИЛЬНЫЙ МЕТАНОТРОФ РОДА <i>METHYLOCAPSA</i> ИЗ БОЛОТА СУБАРКТИКИ.....	191
<i>С.Э. Белова, К.К. Мирошников, С.Н. Дедыш</i>	
245. РИБОНУК-ЛЕОТИДРЕДУКТАЗА ДРОЖЖЕЙ ЯВЛЯЕТСЯ НЕПОСРЕДСТВЕННОЙ МИШЕНЬЮ ПРОТЕАСОМЫ И ОБЕСПЕЧИВАЕТ ГИПЕРУСТОЙЧИВОСТЬ К КАНЦЕРОГЕНУ 4-НИТРОХИНОЛИН-1-ОКСИДУ.....	191
<i>Кулагин К.А., Спасская Д.С., Карпов Д.С.</i>	
246. РЕГУЛЯЦИЯ ПЕКТИНОЛИЗА У <i>PESTOVACTERIUM VERSATILE</i> .....	192
<i>Шарангович М.А., Вычик П.В., Дюбо Ю.В., Колубако А.В., Крук А.Н., Кравченко У.А., Николайчик Е.А.</i>	
247. МИКРОБНЫЕ СООБЩЕСТВА В ПЛАНКТОНЕ И БЕНТОСЕ ОЗЕРА ХУБСУГУЛ (МОНГОЛИЯ): СОСТАВ И ТОКСИЧНОСТЬ ЦИАНОБАКТЕРИЙ, УСЛОВНО-ПАТОГЕННЫЕ БАКТЕРИИ, КАЧЕСТВО ВОДЫ.....	193
<i>Белых О.И., Сороковикова Е.Г., Томберг И.В., Федорова Г.А., Кузьмин А.В., Краснопеев А.Ю., Сулова М.Ю., Потапов С.А., Белых Т.И., Норовсүрэн Ж., Тихонова И.В.</i>	
248. ТАКСОНОМИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ МИКРООРГАНИЗМОВ В ГОРНЫХ ПОРОДАХ И СОДЕРЖИМОМ ПИЩЕВАРИТЕЛЬНОГО ТРАКТА ДИКИХ ЖИВОТНЫХ.....	193
<i>Рысева Ю.Ю., Лебедева Е.Г., Паничев А.М.</i>	
249. ВЫДЕЛЕНИЕ БАКТЕРИОФАГОВ, ЛИЗИРУЮЩИХ ПАТОГЕНЫ.....	194
<i>Федорова М.С., Ильина В.Н., Ядыкова Л.Л., Каюмов А.Р., Тризна Е.Ю.</i>	
250. НОВЫЕ ПРЕДСТАВИТЕЛИ <i>LASTOVACILLACEAE</i> , ПЕРСПЕКТИВНЫЕ ДЛЯ СОЗДАНИЯ ПРОБИОТИКОВ, СВОБОДНЫХ ОТ УСТОЙЧИВОСТИ К АНТИБИОТИКАМ.....	194
<i>Л.О. Соколянская, А.П. Лукина, Л.Б. Глухова, М.Р. Авакян, А.Г. Ельченинов, Т.В. Кочеткова, О.В. Карначук</i>	
251. ИССЛЕДОВАНИЕ ВЛИЯНИЯ МИКРОМИЦЕТОВ-ДЕСТРУКТОРОВ НА СВОЙСТВА ЛАКОКРАСОЧНЫХ ПОКРЫТИЙ.....	195
<i>Кривушина А.А., Старцев В.О., Коган А.М.</i>	
252. АНАЛИЗ ЖИДКИХ КИСЛОМОЛОЧНЫХ ПРОДУКТОВ (ПРОСТОКВАШ), ОТОБРАННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ РЕСПУБЛИКИ ДАГЕСТАН.....	196
<i>Кремнёва М.К.</i>	
253. ДВЕНАДЦАТЬ НОВЫХ ВИДОВ АКТИНОБАКТЕРИЙ РОДА <i>RATHAUVASTER</i> ИЗ ТРАВЯНИСТЫХ И ДРЕВЕСНЫХ РАСТЕНИЙ.....	196
<i>Оспенников Ю.В., Демидов А.В., Дорофеева Л.В., Стародумова И.П., Тарлачков С.В., Присяжная Н.В., Субботин С.А., Евтушенко Л.И.</i>	
254. ИССЛЕДОВАНИЕ ВЛИЯНИЯ РАННИХ БЕЛКОВ БАКТЕРИОФАГА РН1К2 НА ДИНАМИКУ РОСТА БАКТЕРИЙ.....	197
<i>А. Туми, Д.А. Антонова, А.С. Ничипоренко, В.А. Касьянов, М. Дмитриева, И.В. Курдюмова, М.В. Якунина</i>	
255. ВЛИЯНИЕ БЕЛКА Р0ТN НА АКТИВНОСТЬ БЕЛКОВ-ПАРТНЕРОВ GLN <sub>R</sub> И Р0ТA В КЛЕТКАХ <i>LENTILACTOVACILLUS HILGARDII</i> .....	198
<i>Исхакова З.И., Журавлева Д.Э., Каюмов А.Р.</i>	

256. СТРУКТУРА И ФУНКЦИИ ЭКСТРАКЛЕТОЧНЫХ ФОСФОНАТОВ ФИТОПАТОГЕНА <i>PESTOVACTERIUM ATROSEPTICUM</i> .....	198
<i>Парфирова О.И., Петрова О.Е., Микшина П.В., Сыромятникова Е.Д., Смолобочкин А.В., Горшков В.Ю.</i>	
257. ДЛИТЕЛЬНОЕ ВЫЖИВАНИЕ БАКТЕРИЙ В ГЕЛЯХ.....	199
<i>О.А. Галуза, Н.Е. Ковина, Н.А. Коротков, Г.И Эль-Регистан, Ю.А. Николаев</i>	
258. ЭКЗОПОЛИФОСФАТЫ ДРОЖЖЕЙ РОДА <i>CANDIDA</i> ПРИ ПОТРЕБЛЕНИИ ГИДРОФОБНОГО СУБСТРАТА - ГЕКСАДЕКАНА.....	200
<i>Звонарев А.Н., Трилисенко Л.В., Фарофонова В.В., Дмитриев В.В., Кулаковская Т.В.</i>	
259. АКТИВНОСТЬ ЩЕЛОЧНОЙ ФОСФАТАЗЫ И ФОСФАТАЗА-АКТИВНЫЕ БАКТЕРИИ В ВОДНОЙ ТОЛЩЕ ОЗ. БАЙКАЛ И ЕГО ОСНОВНЫХ ПРИТОКАХ.....	200
<i>Суслова М.Ю., Подлесная Г.В., Томберг И.В., Сакирко М.В., Белых О.И.</i>	
260. ПОИСК ДИСПЕРСНЫХ ПОВТОРОВ В ГЕНОМАХ НЕКОТОРЫХ БАКТЕРИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ИТЕРАТИВНОЙ ПРОЦЕДУРЫ.....	201
<i>Коротков Е.В., Суворова Ю.М., Костенко Д.О., Короткова М.А.</i>	
261. ВЛИЯНИЕ КОПИЙНОСТИ <i>HPS/PHI</i> ГЕНОВ НА РОСТ <i>METHYLOCOCCUS CAPSULATUS</i> MIR.....	202
<i>Розова О.Н.<sup>а,б</sup>, Бут С.Ю.<sup>а,б</sup>, Мустахимов И.И.<sup>а,б</sup>, Хмеленина В.Н.<sup>б</sup>, Дедыш С.Н.<sup>а</sup></i>	
262. ПОДБОР ДОНОРОВ ФЕКАЛЬНОЙ МИКРОБИОТЫ: РОЛЬ МАРКЕРОВ ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТИ И ПРОБЛЕМЫ ЗДОРОВЬЯ НАСЕЛЕНИЯ.....	202
<i>Ю.А. Беспятых, Я.Д. Шанский, С.С. Есиев, А.В. Комарова, Жгун Е.С., Н.Д. Прохорова, А.В. Господарик</i>	
263. СТРУКТУРА ПРОКАРИОТНЫХ СООБЩЕСТВ ДОННЫХ ОТЛОЖЕНИЙ КАНДАЛКАШСКОГО ЗАЛИВА БЕЛОГО МОРЯ.....	203
264. ПРИМЕНЕНИЕ ЭНДОЛИЗИНОВ ДЛЯ ТЕРАПИИ ИНФЕКЦИЙ, ВЫЗВАННЫХ БАКТЕРИЯМИ С ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТЬЮ.....	204
<i>Д.В. Васина, Н.П. Антонова, И.В. Григорьев, М. Н. Анурова, А. И. Лашиевцев, А.В. Алешкин, В.А. Гуцин</i>	
265. МИКОБИОТА ПЫЛИ В ГОРОДАХ РАЗНЫХ КЛИМАТИЧЕСКИХ ЗОН НА ПРИМЕРЕ МУРМАНСКА И МОСКВЫ.....	204
<i>М.В. Корнейкова, А.С. Сошина</i>	
266. ГЕНОМНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ В РАЗНЫХ СЛОЯХ ВОДНОЙ ТОЛЩИ ОЗЕРА БАЙКАЛ.....	205
<i>Земская Т.И., Франсиско-Родригес Валера</i>	
267. STM171, A <i>STENOTROPHOMONAS</i> BACTERIOPHAGE WITH EFFECTS ON ANTIBIOTIC ACTIVITY AGAINST BIOFILM FORMATION.....	206
<i>Ghadeer Jdeed, Vera Morozova, Nina Tikunova</i>	
268. ПОЛИСАХАРИДНЫЙ СУБСТРАТ ДЛЯ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ ПРОДУЦЕНТОВ ГЛИКОЗИЛ-ГИДРОЛАЗ.....	206
<i>Майорова К.А., Аксёнов А.С., Шевченко А.Р., Родичева М.А., Телицын В.Д.</i>	
269. СУПЕРГЕРОИ СРЕДИ ФЕРМЕНТОВ: ДВА СВЕРХТЕРМОСТАБИЛЬНЫХ ФУНКЦИОНАЛЬНО АКТИВНЫХ ДОМЕНА СЕМЕЙСТВА GH12 ИЗ ГИПЕРТЕРМОФИЛЬНОЙ АРХЕИ <i>THERMOCOCCUS</i> SP. ....	207
<i>Заюлина К.С., Клюкина А.А., Шугаева Т.Е., Фролов Е.Н., Хуснутдинова А.Н.: Зиберс Б., Гольшин П.Н., Якунин А.Ф., Кубланов И.В.</i>	

270. ХРОМИДЫ ИЛИ МЕГАПЛАЗМИДЫ? ЭВОЛЮЦИЯ МНОГОКОМПОНЕНТНЫХ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ГЕНОМОВ_208 <i>О.О.Бочкарева, Н.О.Драненко, К.Ю.Перевощикова, А.А.Семенова, М.С.Гельфанд</i>	
271. ВЫДЕЛЕНИЕ И ХАРАКТЕРИСТИКА НОВОЙ БАКТЕРИОЛИТИЧЕСКОЙ АМИДАЗЫ АМИ <i>LYSOBACTER CAPSICI</i> XL1, ПЕРСПЕКТИВНОЙ ДЛЯ РАЗРАБОТКИ НА ЕЕ ОСНОВЕ АНТИМИКРОБНЫХ ПРЕПАРАТОВ НОВОГО ПОКОЛЕНИЯ.....209 <i>Галемина И.Е., Кудрякова И.В., Афошин А.С., Зеленев Д.В., Леонтьевская Е.А., Леонтьевская Н.В.</i>	
272. ХАРАКТЕРИСТИКА <i>KLEBSIELLA PNEUMONIAE</i> , ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ КРОВИ И ЛИКВОРА У ДЕТЕЙ.....210 <i>Садеева Зульфира Закиевна, Новикова И. Е., Самойлова Е.А., Алябьева Н.М., Лазарева А.В.</i>	
273. ПРОИЗВОДСТВЕННЫЕ ПЛЕНКИ ХЕРЕСНЫХ ДРОЖЖЕЙ: СОСТАВ МИКРОБИОМА И ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТАБИЛЬНОСТЬ ДРОЖЖЕВЫХ ШТАММОВ.....210 <i>Белецкий А.В., Танацук Т.Н., Кишиковская С.А., Шаламитский М.Ю., Равин Н.В., Марданов А.В.</i>	
274. ЭФФЕКТИВНОСТЬ ДЕЙСТВИЯ МЕЛАТОНИНА НА ФОРМИРОВАНИЕ ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТИ РАСТЕНИЙ ОГУРЦА В ЗАВИСИМОСТИ ОТ СУБСТРАТА.....211 <i>Бойко Е.В., Головацкая И.Ф., Кадырбаев М.К., Проккопенко В.И., Попов Д.С.</i>	
275. ИЗУЧЕНИЕ МЕТАБОЛИЧЕСКИХ ВОЗМОЖНОСТЕЙ ПЕРСПЕКТИВНЫХ ШТАММОВ <i>PSEUDOMONAS</i> – ДЕСТРУКТОРОВ КСЕНОБИОТИКОВ.....212 <i>Баукова А.С., Делеган Я.А.</i>	
276. «ТИШЕ ЕДЕШЬ – ДАЛЬШЕ БУДЕШЬ»: ВЫДЕЛЕНИЕ МЕДЛЕННОРАСТУЩЕЙ АРХЕИ, ПРЕДСТАВИТЕЛЯ ГЛУБОКОЙ ЛИНИИ ВНУТРИ <i>ФИЛУМА THERMOPROTEOTA</i> .....212 <i>А.И. Карасева, А.Г. Ельченинов, А.С.Туленков, Т.В. Кочеткова</i>	
277. ПОВЫШЕНИЕ СУПРЕССИВНОЙ АКТИВНОСТИ БИОКОМПОСТОВ ИЗ АГРООТХОДОВ.....213 <i>Миронов Владимир Витальевич, Щелушкина Анна Андреевна</i>	
278. <i>CAR1</i> КАК НОВЫЙ СЕЛЕКТИВНЫЙ МАРКЕР ДЛЯ ГЕННОЙ ИНЖЕНЕРИИ ВИННЫХ ДРОЖЖЕЙ.....214 <i>Ураков В.Н., Марданов А.В., Ружижский А.О., Александров А.И., Равин Н.В., Куширинов В.В.</i>	
279. РОЛЬ ОСТАТКА 263 В СУБЪЕДИНИЦЕ БЕТА МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ АТФ-СИНТАЗЫ ДРОЖЖЕЙ В РЕГУЛЯЦИИ АТФАЗНОЙ АКТИВНОСТИ ФЕРМЕНТА В ПРИСУТСТВИИ АДФ.....214 <i>Лапашина А.С., Галкина К.В., Маркова О.В., Кнорре Д.А., Фенюк Б.А.</i>	
280. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ СЛОЖНЫХ ОКСИДОВ МЕТАЛЛОВ, ОБЛАДАЮЩИХ ФОТОКАТАЛИТИЧЕСКОЙ АКТИВНОСТЬЮ, ДЛЯ ПОЛУЧЕНИЯ ПОЛИМЕРНЫХ КОМПОЗИЦИЙ С АНТИМИКРОБНЫМИ СВОЙСТВАМИ.....215 <i>Шишкин А.Ю. Смирнов В. Ф., Шалагинова И.А., Корниенко П.В., Сулейманов Е.В., Смирнова О.Н., Аникина Н.А.</i>	
281. АТФ В ЖИВЫХ ДРОЖЖАХ И ИЗОЛИРОВАННЫХ МИТОХОНДРИЯХ: НАБЛЮДЕНИЯ С ПОМОЩЬЮ ФЛУОРЕСЦЕНТНЫХ ЗОНДОВ.....216 <i>А.С. Лапашина, К.В. Галкина, О.В. Маркова, Д.О. Третьяков, Д.А. Кнорре, Б.А. Фенюк</i>	
282. ДОМЕН СВЯЗЫВАНИЯ КЛЕТОЧНОЙ СТЕНКИ СЛИТЫЙ С FC-ДОМЕНОМ ДЛЯ ДИАГНОСТИКИ И ТЕРАПИИ СТАФИЛОКОККОВЫХ ИНФЕКЦИИ.....216 <i>А.Л. Матвеев, Я.А. Хлусевич, Н.Н. Голосова, Ю.Н. Козлова, А.Ю. Тикунов, В.В. Морозова, Н.В.Тикунова</i>	

283. УМЕНЬШЕНИЕ РАЗМЕРА КЛЕТОК *LACTOCOCCUS LACTIS* В УСЛОВИЯХ ГОЛОДАНИЯ, ПРОЯВЛЯЮЩЕЕСЯ В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ШТАММОВОЙ СПЕЦИФИЧНОСТИ И СОСТАВА ПИТАТЕЛЬНЫХ СРЕД  
217  
*Тренина Марина Анатольевна, Андреевская С.Г., Поляков Н.Б., Жуховицкий В.Г.*
284. СУТОЧНАЯ ДИНАМИКА МИКРОБНЫХ ПРОЦЕССОВ В ЦИАНОБАКТЕРИАЛЬНЫХ СООБЩЕСТВАХ СОДОВЫХ ОЗЁР КУЛУНДИНСКОЙ СТЕПИ ..... 218  
*Самылина О.С., Косякова А.И., Меркель А.Ю., Каллистова А.Ю., Пименов Н.В.*
285. FMN-НЕЗАВИСИМЫЙ ОБРАТНЫЙ ПЕРЕНОС ЭЛЕКТРОНОВ, КАТАЛИЗИРУЕМЫЙ ПРОТОНТРАНСЛОЦИРУЮЩЕЙ НАДН:УБИХИНОН-ОКСИДОРЕДУКТАЗОЙ ПЛАЗМАТИЧЕСКИХ МЕМБРАН *PARACOCCUS DENITRIFICANS* ..... 218  
*Гривенникова В.Г., Гладышев Г.В.*
286. НОВЫЕ КУЛЬТИВИРУЕМЫЕ *LIMNOCHORDIA* ИЗ ГЛУБИННЫХ ПОДЗЕМНЫХ ВОДОНОСНЫХ ГОРИЗОНТОВ ПРОЛИВАЮТ СВЕТ НА ФИЗИОЛОГИЮ И ЭКОЛОГИЮ ЭТОГО КЛАССА ..... 219  
*Лукина А.П., Авакян М.Р., Равин Н.В., Карначук О.В.*
287. ГРАЖДАНСКАЯ НАУКА КАК ИНСТРУМЕНТ СБОРА ОБРАЗЦОВ ДЛЯ БИОБАНКА ..... 220  
*Филонова М.В., Ковтун И.С.*
288. 70 ЛЕТ ПОИСКОВ НОВЫХ АНТИБИОТИКОВ (К ЮБИЛЕЮ НИИ ПО ИЗЫСКАНИЮ НОВЫХ АНТИБИОТИКОВ ИМЕНИ Г.Ф.ГАУЗЕ) ..... 220  
*Маланичева И.А.*
289. ОЦЕНКА ПРОТИВОМИКРОБНОГО ПОТЕНЦИАЛА ПРИРОДНЫХ ТЕРПЕНОИДОВ ..... 221  
*Е.Ю. Тризна, А.И. Колесникова, Э.Р. Гильфанов, Л.Е. Никитина, А.Р. Каюмов*
290. БАКТЕРИОЛИТИЧЕСКИЕ ФЕРМЕНТЫ БАКТЕРИОФАГОВ ГРАМПОЛОЖИТЕЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ: NOVOMOSKOVSK, VOLOKHOVO И IF6 ..... 221  
*Скорынина А.В., Бузиков Р.М., Казанцева О.А., Пилигримова Э.Г., Копосова О.Н., Кулябин В.А., Рябова Н.А., Шадрин А.М.*
291. ИССЛЕДОВАНИЕ АНТИМИКРОБНОЙ АКТИВНОСТИ ПРИРОДНЫХ ТЕРПЕНОВ В ОТНОШЕНИИ *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* И *CANDIDA ALBICANS* ..... 222  
*Колесникова А.И., Тризна Е.Ю., Гильфанов И.Р., Никитина Л.Е., Каюмов А.Р.*
292. НОВЫЙ ГАЛОАЛКАЛОФИЛЬНЫЙ ПРЕДСТАВИТЕЛЬ РОДА *SALISEDIMINIBACTERIUM*, СПОСОБНЫЙ ЭФФЕКТИВНО ВОССТАНАВЛИВАТЬ ХРОМАТ ..... 223  
*Игнатенко Александр Викторович, Хижняк Татьяна Владимировна*
293. ЭНДОЛИЗИНЫ СТАФИЛОКОККОВЫХ БАКТЕРИОФАГОВ ..... 224  
*Я.А. Хлусевич, Н.Н. Голосова, А.Л. Матвеев, Ю.Н. Козлова, А.Ю. Тикунов, В.В. Морозова, Н.В. Тикунова*
294. ДЕГРАДАЦИЯ ФЕНАНТРЕНА РИЗОБАКТЕРИЕЙ *ENSIFER MELILOTI* В ПРИСУТСТВИИ КАДМИЯ ..... 224  
*И.Ю. Сунгурцева, А.Ю. Муратова*
295. МИКРОБИОТА ПОЙМЕННОГО ОЗЕРА СРЕДНЕГО ТЕЧЕНИЯ РЕКИ ОБИ И ЕЕ РОЛЬ В ТРАНСФОРМАЦИИ ОРГАНИЧЕСКОГО ВЕЩЕСТВА ..... 225  
*Э.Г. Никиткина, В.А. Никиткин, И.В. Луцаева, Р.С. Воробьёв, Л.Г. Колесниченко*

296. ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ МИКРООРГАНИЗМОВ НЕФТЯНЫХ ПЛАСТОВ ТАТАРСТАНА (РОССИЯ) С ВЫСОКОМИНЕРАЛИЗОВАННОЙ ПЛАСТОВОЙ ВОДОЙ.....225  
*Д.Ш. Соколова, В.В. Кадников, Равин Н.В., М.Р. Хисаметдинов, Т.Л. Бабич, Е.М. Семенова, С.Х. Биджиева, А.П. Ершов,, А.В. Марданов, Т.Н. Назина*
297. ВЛИЯНИЕ СУЛЬФИДА НА ФИКСАЦИЮ АЗОТА ГАЛОАЛКАЛОФИЛЬНЫМ ШТАММОМ НЕГЕТЕРОЦИСТНОЙ ЦИАНОБАКТЕРИИ SODALINEMA SP. P-1104.....226  
*А.И. Косякова, О.С. Самылина*
298. «СТРУКТУРА И ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ АКТИВНОСТЬ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ ПОЧВ ПАРКА ЗАРЯДЬЕ».....227  
*Козлова Е.В., Корнейкова М.В., Васенев В.И., Крохмаль И.И.*



# 1. ПОЛУЧЕНИЕ И СВОЙСТВА НОВОГО МОДИФИЦИРОВАННОГО ЭНДОЛИЗИНА LYSAM24-SMAP, АКТИВНОГО В ОТНОШЕНИИ СПЕКТРА ГРАМОТРИЦАТЕЛЬНЫХ ПАТОГЕНОВ

*Н.П. Антонова<sup>1</sup>, Д.В. Васина<sup>1</sup>, И.В. Григорьев<sup>1</sup>,  
В.А. Гуцин<sup>1</sup>*

<sup>1</sup>ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава  
России

## Введение:

Создание новых антибактериальных препаратов, чье действие направлено на устойчивые к стандартной химиотерапии штаммы бактерий, является одним из приоритетных направлений научных и прикладных исследований. Все больше внимания уделяется альтернативным средствам, таким как биополимеры белковой природы (антимикробные пептиды, пептидогликан-гидролазы, деполимеразы и др.), показывающим свою эффективность в доклинических и клинических исследованиях. Данное исследование посвящено *in vitro* изучению свойств нового литического фермента бактериофага – эндолизина LysAm24-SMAP. **Эндолизины, ESKAPE, антибактериальные средства, лекарственная устойчивость**

## Материалы и методы:

Модифицированный антимикробным пептидом рекомбинантный эндолизин LysAm24-SMAP был получен путем гетерологичной экспрессии в клетках *E. coli* и очищен с помощью ионообменной хроматографии. Определены эффективные дозы фермента, его рН-оптимум и спектр противомикробного действия. Оценили цитотоксическую активность эндолизина в отношении различных клеток эукариот.

## Результаты:

Было показано, что LysAm24-SMAP оказывает выраженное антибактериальное действие на различных представителей грамотрицательных бактерий, в том числе обладающих множественной лекарственной устойчивостью (*P. aeruginosa*, *A. baumannii*, *E. coli*, *K. pneumoniae*), в то же время, не оказывая эффекта на грамположительные бактерии *S. aureus*. Эндолизин показал дозозависимое и рН-зависимое действие, с наиболее выраженной активностью в слабокислых условиях среды. Было продемонстрировано, что фермент обладает способностью разрушать плотные сформиро-

ванные биопленки *K. pneumoniae* и *A. baumannii*, и не проявляет значительного цитотоксического действия на эукариотические клетки.

## Заключение:

Полученные данные указывают на перспективность данного класса антибактериальных соединений, при дальнейшем развитии которого можно будет ожидать появления инновационных препаратов на основе эндолизинов для борьбы с устойчивыми к антибиотикам грамотрицательными бактериями.

Антонова Наталия Петровна, научный сотрудник лаборатории механизмов популяционной изменчивости патогенных микроорганизмов ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия.

Телефон: +7 (985) 415-05-25

E-mail: northernnatalia@gmail.com

## 2. СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ СТРУКТУРНЫХ КОМПОНЕТОВ МАТРИКСА БИОПЛЕНОК *S. AUREUS* И *K. PNEUMONIAE* И ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ, АССОЦИИРОВАННЫХ С ОБРАЗОВАНИЕМ БИОПЛЕНКИ В МОНО- И СМЕШАННЫХ КУЛЬТУРАХ

*Миронова А.В., Каримова А.В., Закарова Н.Д.,  
Каюмов А.Р., Тризна Е.Ю.*

ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский)  
Федеральный Университет», Казань, Россия

Количественное и качественное соотношение структурных компонентов матрикса биопленок неодинаково для разных видов микроорганизмов. Кроме того, при формировании полимикробных сообществ может изменяться метаболический профиль и, как следствие, состав матрикса может отличаться от мономикробных биопленок тех же видов.

В работе было показано, что количество внеклеточного матрикса в смешанных сообществах *S. aureus* – *K. pneumoniae* достоверно не отличается, однако биохимический состав изменяется, по сравнению с мономикробными сообществами тех же видов. В смешанном сообществе происходит увеличение количества  $\alpha$ - и  $\beta$ - полисахаридов в составе матрикса биопленки, что приводит к перестройке её структуры и, как следствие, к перемене проницаемости матрикса.

Посредством полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией проводилась оценка экспрессии генов *icaA* и *icaR*, ассоциированных с синтезом полисахаридного межклеточного адгезина *S. aureus* и экспрессию гена *pgaA*, отвечающего за синтез экзополисахаридов капсулы *K. pneumoniae*.

Было отмечено, что уровень экспрессии генов *icaA* и *icaR* понижается в полимикробных биопленках *S. aureus* – *K. pneumoniae* по сравнению с монокультурой *S. aureus*. Экспрессия гена *pgaA* достоверно не отличалась как в мономикробных биопленках *K. pneumoniae*, так и в смешанном сообществе. При этом относительная экспрессия гена *pgaA*, была выше экспрессии генов *icaA* и *icaR* в 10 000 раз, что свидетельствует о том, что синтез полисахаридов обеспечивается за счет клеток *K. pneumoniae*.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (проект №20-64-47014)

Миронова Анна Владиславовна, лаборант-исследователь кафедры генетики ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский) Федеральный Университет», Казань, Россия

Телефон: +7 (939) 387-27-00

E-mail: amironova2019@mail.ru

### 3. ПРЕДСКАЗАНИЕ ПОТЕНЦИАЛЬНЫХ ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ И ИХ ГЕНОВ-МИШЕНЕЙ УМЕТАНОТРОФНЫХ БАКТЕРИЙ *METHYLOTUVIMICROBIUM ALCALIPHILUM 20Z<sup>R</sup>* НА ОСНОВЕ МАССОВОГО АНАЛИЗА

#### ТРАНСКРИПТОМНЫХ ДАННЫХ

Колмыков Семён Константинович<sup>1,3</sup>,

Куляшов М.А.<sup>1,2,3</sup>, Гамильтон Р.<sup>4</sup>,

Хлебодарова Т.М.<sup>1,5</sup>, Калюжная М.Г.<sup>4</sup>,

Акбердин И.Р.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> «Научно-технологический университет «Сириус», Сириус, Россия

<sup>2</sup> Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия

<sup>3</sup> ООО «Биософт.РУ», Новосибирск, Россия

<sup>4</sup> San Diego State University, San Diego, USA

<sup>5</sup> ФИЦ ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия

#### Введение:

Галоалкалофил *Methyloviummicrobium alcaliphilum 20Z<sup>R</sup>* (далее *20Z<sup>R</sup>*) характеризуется не только быстрым и стабильным ростом на метане или при

высоких концентрациях метанола, но также способен функционировать в широком диапазоне солености (0.5–10% NaCl) и pH (pH 7.5–10), что делает его перспективным агентом биокатализа и биосинтеза разнообразных метаболитов с добавленной стоимостью. Основные метаболические этапы утилизации метана микроорганизмами определены и достаточно хорошо изучены к настоящему времени. Однако детальное понимание молекулярно-генетических механизмов, обеспечивающих адаптационный ответ на уровне регуляции транскрипции к различным ростовым условиям, высоким и низким значениям pH, температур и солёности практически отсутствует.

#### Ключевые слова:

Метанотрофы, транскриптомика, регулон;

#### Материалы и методы:

В данной работе были проанализированы 78 RNA-seq экспериментов для *20Z<sup>R</sup>*, охватывающих 22 уникальных условия культивирования. При помощи метода главных компонент был проведён анализ изменчивости уровней экспрессии генов *20Z<sup>R</sup>*. Для реконструкции регулонов *20Z<sup>R</sup>* были проанализированы корреляционные зависимости и выделены соответствующие кластеры коэкспрессирующихся потенциальных генов-мишеней и транскрипционных факторов (ТФ).

#### Результаты:

Результаты демонстрируют чёткое разделение по типу культивации бактерий в экспериментах. Также наблюдалась кластеризация экспериментов по наличию этапа очистки рРНК. Для набора контрастных условий были выявлены наборы дифференциально экспрессирующихся генов. В процессе функциональной аннотации при сопоставлении популярных аннотаций *20Z<sup>R</sup>* (RefSeq и GENOSCOPE) было выявлено 18 процентов частично или полностью непересекающихся генов. Поскольку данные о регулонах близкородственных бактерий могут быть полезны при реконструкции регулонов, были проанализированы RNA-seq данные для ещё 16 метанотрофных микроорганизмов. Полученные результаты были сопоставлены с базой данных бактериальных регулонов RegPrecise

#### Заключение

Таким образом, были выявлены кластеры коэкспрессирующихся ТФ и их потенциальных генов-мишеней, воспроизводимых при анализе

данных для 20Z<sup>R</sup> и близкородственных организмов.

### **Благодарность**

Финансирование проекта осуществляется при поддержке гранта РФФИ №23-24-00606.

Колмыков Семён Константинович, младший научный сотрудник направления «Вычислительная биология» АНО ВО «Университет Сириус», Сириус, Россия.

Телефон: +7 (913) 734-66-24

E-mail: kolmykovsk@gmail.com

## **4. ИЗУЧЕНИЕ ПРОКАРИОТИЧЕСКИХ А-АТФ-СИНТАЗ**

*А.В. Литвин<sup>1,2</sup>, Б.А. Фенюк<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> Сколковский институт науки и технологий

<sup>2</sup> НИИ ФХБ им. А.Н.Белозерского МГУ имени М.В. Ломоносова.

Роторные АТФ-синтазы прокариот сопрягают реакцию синтеза АТФ из АДФ с переносом ионов (H<sup>+</sup>/Na<sup>+</sup>) через мембрану за счет разницы трансмембранного электрохимического потенциала. Структурно различают АТФ-синтазы А-типа, которые встречаются у архей и бактерий, и АТФ-синтазы F-типа, которые встречаются у бактерий. Считается, что эволюционно разделение типов произошло при разделении архей и бактерий, а натриевая специфичность эволюционно первична по отношению к протонной.

Мы изучали распространение, ионную специфичность и оперонную структуру АТФ-синтаз А-типа в прокариотах. Мы использовали геномную базу GTDB, которая содержит актуальное разнообразие геномов (45555 геномов бактерий и 2339 геномов архей).

Было определено 9390 ферментов в 8303 геномах (7529 бактерий и 1861 архей).

Были выделены основные структуры расположения генов А-АТФ-синтаз в геномах: GIKESFABD (48%), GCIKFEABD (23%), ECABDIK (18%).

Для конкатената консервативных каталитических субъединиц А и В было построено филогенетическое дерево, на котором можно выделить несколько групп с различной оперонной структурой и ионной специфичностью. Оперонная структура фермента в бактериях почти не вариативна и зависит от ветки заимствования, а в археях гораздо более разнообразна.

Независимо от места укоренения на дереве мож-

но проследить четыре масштабных события заимствования фермента из архей в бактерий. Два больших события заимствования составляют протонные GCIKFEABD и натриевые GIKESFABD ферменты в фирмикутах, причем в 635 организмах встречаются оба фермента вместе. Большая группа ферментов с опероном ECABDIK встречается в различных бактериях, из 2058 ферментов в этой ветке 25% являются единственной АТФ-синтазой в геноме, остальные комбинируются с АТФ-синтазами F- или А-типа. Среди архей частые горизонтальные переносы встречаются в филуме Halobacteriota.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 21-14-00242.

Литвин Анна Валерьевна, аспирант Сколковского института науки и технологий, ведущий инженер НИИ ФХБ им. А.Н.Белозерского МГУ имени М.В. Ломоносова

E-mail: litvinannaemail@gmail.com

## **5. АРКТИЧЕСКИЕ КЛУБЕНЬКОВЫЕ БАКТЕРИИ И ИХ РОЛЬ ПРИ СОЗДАНИИ ВЫСОКОПРОДУКТИВНЫХ ПАСТБИЩНЫХ ФИТОЦЕНОЗОВ В СЕВЕРНЫХ РЕГИОНАХ РОССИИ.**

*Д.С. Карлов<sup>1</sup>, П.В. Гуро<sup>1</sup>, А.Л. Сазанова<sup>1</sup>, И.Г. Кузнецова<sup>1</sup>, Н.Н. Лащинский<sup>2</sup>, А.А. Белимов<sup>1</sup>, В.И. Сафронова<sup>1</sup>.*

<sup>1</sup> ФГБНУ Всероссийский НИИ сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург

<sup>2</sup> ФГБУН Центральный сибирский ботанический сад СО РАН, Новосибирск

Формирование высокопродуктивных пастбищных фитоценозов, основу которых составляют бобовые растения, образующие азотфиксирующий симбиоз с клубеньковыми бактериями, — необходимое условие распространения и устойчивого роста численности травоядных сельскохозяйственных животных в условиях изменения климата и кардинальной перестройки растительных экосистем в Арктике. В то же время вопросы биоразнообразия клубеньковых бактерий на арктических территориях и эффективность их симбиотического взаимодействия с бобовыми растениями остаются в России практически не изученными. Целью работы было изучение генетического разнообразия ризобийных изолятов из популяций аркти-

ческих дикорастущих бобовых растений чины болотной (*Lathyrus palustris* L.) и горошка мышиного (*Vicia cracca* L.), а также оценка их способности формировать азотфиксирующие клубеньки на корнях кормовых пастбищных бобовых культур в условиях микровегетационного опыта. Клубеньки *V. cracca* и *L. palustris* были собраны на острове Самойловский и в поселке Тикси в ходе российско-немецкой экспедиции в дельту реки Лены (арктическая Якутия). Всего из клубеньков *L. palustris* и *V. cracca* было выделено 12 ризобийных изолятов, отнесенных по результатам секвенирования генов 16S рРНК к роду *Rhizobium*, *Mesorhizobium* и *Bosea*. В результате постановки микровегетационных опытов на корнях *V. cracca*, *V. sativa*, *L. sativus* и *L. pratensis* клубеньки формировались только в вариантах инокуляции с некоторыми штаммами *Rhizobium* и *Mesorhizobium*. Показано, что штамм *Rhizobium* sp. 19-1/1 формировал неэффективные клубеньки сразу с тремя видами бобовых, тогда как штамм *Rhizobium* sp. 20-1/1 в варианте инокуляции с *V. cracca* сформировал большее число клубеньков и показал более высокий уровень азотфиксирующей активности по сравнению с коммерческим штаммом. *R. leguminosarum* bv. *viciae* RCAM0626, что делает его перспективным для разработки новых высокоэффективных микробных препаратов с целью создания продуктивных пастбищных фитоценозов на арктических территориях России.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (проект № 20-76-10042)

Карлов Денис Сергеевич, научный сотрудник Ведомственной коллекции полезных микроорганизмов сельскохозяйственного назначения ФГБНУ ВНИИСХМ, Санкт-Петербург, Россия.

Телефон: +7 (964) 332-80-36

E-mail: deniskarlov23@gmail.com

## 6. ПРОФИЛЬ АВАНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ НОЗОКОМИАЛЬНЫХ АГЕНТОВ ДО И ПОСЛЕ НАЧАЛА ПАНДЕМИИ COVID-19

Тикунова Н.В., Бардашева А.В.,  
Жиравская Е.В., Соколова Л.М., Каверина Г.Б.,  
Якубовский В.И., Морозова В.В.

Институт химической биологии и фундаментальной  
медицины СО РАН, Новосибирск

В 21 веке зарегистрирован рост антибиотикорезистентности бактерий, что обусловлено деятельностью человека в медицине и сельском хозяйстве. Особую опасность для здравоохранения представляют бактерии из группы ESKAPE, среди которых зарегистрировано появление не только штаммов с множественной резистентностью (MDR), но и панрезистентных штаммов (FDR). Пандемия, вызванная вирусом COVID-19, спровоцировала на первых этапах не всегда обоснованное назначение антибиотиков клиницистами, а также их хаотичное применение населением.

Для оценки степени воздействия последствий пандемии на профиль антибиотикорезистентности была проанализирована представительная коллекция клинических изолятов бактерий. Таксономию бактерий проводили на основе секвенирования генов 16S рРНК (*rpoB* опционально), резистентность оценивали диско-диффузионным методом OXOID согласно рекомендациям EUCAST.

Показано, что в период 02.2020-2022 статистически значимо уменьшилась доля чувствительных и выросла доля резистентных и панрезистентных бактерий ESKAPE+ по сравнению с предыдущим периодом. Для стафилококков основной прирост резистентных штаммов обеспечил *S. aureus*, штаммов MDR – *S. epidermidis*, а штаммов FDR – *S. haemolyticus* и *S. hominis*. У *Acinetobacter baumannii* статистически значимо увеличилась доля штаммов FDR и уменьшилась доля чувствительных штаммов. Резистентность *Klebsiella pneumoniae* и *Pseudomonas aeruginosa* изменилась незначительно, а доля штаммов *Proteus mirabilis* с MDR даже уменьшилась.

Исследование вели по Гос. заданию ИХБФМ СО РАН № 121031300043-8

Тикунова Нина Викторовна, д.б.н., зав лабораторией ИХБФМ СО РАН, Новосибирск, Россия

Телефон +7 (383) 363-51-57

E-mail: tikunova@niboch.nsc.ru

## 7. МИНОРНЫЕ КОМПОНЕНТЫ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ НЕФТЯНЫХ ПЛАСТОВ И ИХ ВОЗМОЖНОЕ УЧАСТИЕ В ПРОЦЕССАХ БИОДЕГРАДАЦИИ НЕФТИ И СУЛЬФИДОГЕНЕЗА

*Семенова Е.М.<sup>1</sup>, Биджиева С.Х.<sup>1</sup>, Соколова Д.Ш.<sup>1</sup>,  
Бабич Т.Л.<sup>1</sup>, Еришов А.П.<sup>1</sup>, Кадников В.В.<sup>2</sup>,  
Шишина П.Н.<sup>3</sup>, Гавура М.А.<sup>3</sup>, Назина Т.Н.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> Институт микробиологии им.

С.Н. Виноградского ФИЦ Биотехнологии РАН

<sup>2</sup> Институт биоинженерии им. К.Г. Скрыбина  
ФИЦ Биотехнологии РАН

<sup>3</sup> Геологический факультет МГУ имени  
М.В. Ломоносова

Бродильные бактерии родов *Geotoga*, *Petrotoga*, *Sphaerochaeta*, являются постоянными, зачастую минорными компонентами микробных сообществ нефтяных пластов, однако их функциональная роль в сообществах недостаточно ясна. Целью работы было выделение бактерий с бродильным типом метаболизма из нефтяных пластов и определение их метаболического потенциала. С использованием метабаркодинга генов 16S рРНК бактерии родов *Geotoga*, *Sphaerochaeta*, *Halan-aerobium*, *Actinotalea*, *Tangfeifania* были обнаружены в качестве минорных компонентов микробных сообществ в низкотемпературных нефтяных пластах Татарстана (РФ) (Архангельское, Восточно-Анзирское, Ромашкинское, Сабанчинское, Черемуховское) и высокотемпературном нефтяном месторождении Узень (Казахстан). Представители этих родов были выделены в чистые культуры. **Выделенные штаммы использовали в качестве субстратов белки, углеводы, спирты; ряд штаммов восстанавливал нитрат до нитрита, а тиосульфат и элементарную серу – до сульфида. Штаммы *Actinotalea subterranea* HO-Ch2 и *Geotoga subterranea* HO-Geo1 были выделены из накопительных культур HO-5600 и HO-245D соответственно, анаэробно растущих на нефти. Рост культуры HO-5600 на нефти сопровождался образованием метана, а культура HO-245D накапливала молекулярный водород. Методом хромато-масс-спектрометрии определен состав нефти, анаэробно деградированной накопительной культурой HO-5600 или штаммами HO-Ch2 и HO-Geo1. Наибольшие изменения состава нефти были отмечены для диметилнафталинов, C<sub>16</sub>–C<sub>19</sub> n-алканов и углеводородов полициклической нафтеновой фракции. Полученные результа-**

ты свидетельствуют о возможном участии исследованных бактерий в процессах биodeградации нефти и сульфидогенеза, протекающих в заводняемых нефтяных пластах.

Работа выполнена при поддержке Российского Научного Фонда (грант № 21-64-00019).

Семенова Екатерина Михайловна, научный сотрудник Института микробиологии им. С. Н. Виноградского ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (903) 115-48-86

E-mail: semenova\_inmi@mail.ru

## 8. СТРУКТУРА БАКТЕРИАЛЬНОГО КОМПЛЕКСА РИЗОСФЕРЫ ГЕНЕТИЧЕСКИ МОДИФИЦИРОВАННЫХ РАСТЕНИЙ ТОМАТА (*SOLANUM LYCOPERSICUM* L.)

*Антонов А.А.<sup>1</sup>, Ванькова А.А.<sup>1</sup>, Баранова Е.Н.<sup>2,3</sup>,  
Платонова Е.В.<sup>4</sup>*

РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева, Москва,  
Россия

ФГБНУ ВНИИСБ, Москва, Россия

ГБС им. Н.В. Цицина РАН, Москва, Россия

ООО «Биосфера», Москва, Россия

Методы геномной инженерии позволяют получать растения с новыми ценными свойствами, повысить урожайность и качество продукции. Однако, выращивание генетически модифицированных растений (ГМР) может быть сопряжено с экологическими рисками для биосферы, включая почвенную микробиоту.

В работе использовали ГМР томата линии ЯЛФ с геном синтеза холиноксидазы (*codA*, устойчивость к осмотическому стрессу), и не ГМР той же линии в качестве контроля. Растения выращивали 36 недель в сосудах с торфяной низинной окультуренной почвой. ДНК из ризосферы экстрагировали с помощью набора FastDNA SPIN Kit for soil (MP, США), затем проводили ПЦР-анализ на участки 16S-РНК с последующим секвенированием (Illumina, США). Данные обрабатывали по алгоритму QIIME 1.9.1.

Проведенный анализ состава и структуры микробиома ризосферы показал увеличение доли доминантного филлума *Proteobacteria* (с 62 до 64%) и снижение *Bacteroidetes* (с 19 до 17%) у ГМР по сравнению с контролем. В составе филлума *Verrucomicrobia* в ризосфере ГМР не выявля-

ны представители класса *Spartobacteria*, филлума *Chloroflexi* - класса *Chloroflexia*, присутствующие у контрольных растений. В то же время, в составе ризосферного микробиома ГМР идентифицированы бактерии из классов *Caldilineae* и *Holophagae*, отсутствующие в ризосфере контрольных растений. Индекс разнообразия Шеннона составил 8,62 и 8,77 у контрольных и ГМР соответственно. Таким образом, изученные ГМР влияют на состав и структуру бактериального комплекса ризосферы. Это может привести к изменению доступности элементов питания растению и нарушению важнейших биосферных функций почвенных микроорганизмов.

Антонов Алексей Алексеевич, аспирант кафедры микробиологии и иммунологии РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева, Москва, Россия  
Телефон: +7 (903) 689-80-95  
E-mail: antonov4B@yandex.ru

## 9. ТЕХНОЛОГИИ ПОЛУЧЕНИЯ ФЕРМЕНТОВ КЛАССА ОКСИДОРЕДУКТАЗ, ИСПОЛЬЗУЕМЫХ В КЛИНИЧЕСКОЙ ДИАГНОСТИКЕ

*Семашко Т.В.*

Институт микробиологии НАН Беларуси

Выпуск наукоемкой продукции в значительной степени обеспечивается внедрением в производственные процессы ферментных технологий, вклад которых в экономику определяется масштабом сферы применения ферментов.

В Институте микробиологии НАН Беларуси создана линия по производству ферментов, на которой организовано производство ферментного препарата глюкозооксидазы, используемой в клинической диагностике для детекции глюкозы в крови. В настоящее время в Институте ведутся разработки технологий получения и применения таких практически значимых в клинической диагностике ферментов класса оксидоредуктаз, как лактатоксидазы, холестеролоксидазы, глицерол-3-фосфатоксидазы. Основой производства являются исследования биогенеза и регуляторных механизмов образования ферментов микроорганизмами. Согласно литературным данным, поддержание нормального редокс статуса внутри клеток играет существенную роль в таких процессах как синтез ДНК, экспрессия генов, ферментативная активность. При исследовании динамики изменения редокс-потенциала

питательной среды в процессе культивирования штаммов – продуцентов оксидоредуктаз установлено, что варьирование показаний редокс-потенциала в процессе культивирования штаммов зависит от потребления ими источника углерода и аэрации. Выявлены химические соединения, влияющие на редокс-потенциал среды культивирования: тиамин, рибофлавин, пиридоксин и цистеин, метионин, глутатион, холин хлорид. При разработке технологий получения глюкозооксидазы показана эффективность применения эффекторов синтеза фермента (этанол,  $H_2O_2$ , тиамина, пиридоксина, холин хлорида, метионина, глутатиона, глутаминовой кислоты, глюконата кальция) для получения активного сыпучего посевного материала.

Семашко Татьяна Владимировна, заместитель директора по научной и инновационной работе Института микробиологии НАН Беларуси, Минск, Беларусь

Телефон: +375 (17) 357-89-24

E-mail: tssemashko@mbio.bas-net.by

## 10. ТИМ-91 — НОВЫЙ БАКТЕРИОФАГ ДЛЯ БОРЬБЫ С БАКТЕРИОЗАМИ СЕМЕЙСТВА *FABACEAE*

*Токмакова А.Д.<sup>1,2</sup>, Лукьянова А.А.<sup>2</sup>,  
Мирошников К.А.<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет), Долгопрудный

<sup>2</sup> Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук, Москва

Бактериальные инфекции зернобобовых культур распространены повсеместно. Источниками таких инфекций могут быть как зараженные семена, так и неперегнившие растительные остатки. Особую тревогу вызывает фитопатоген *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (Cff), приводящий к ржаво-бурой пятнистости листьев зернобобовых и наносящий серьезный урон урожаю этой культуры.

На сегодняшний день не существует эффективных методов контроля таких заболеваний. Потенциальным и экологически безопасным решением проблемы бактериальных болезней семейства *Fabaceae* может стать обработка семян зернобобовых суспензией бактериофагов, инфицирующих

бактерий рода *Curtobacterium*.

Целью исследования было изучение фага Tim-91, активного в отношении *Cff*.

Бактериофаг был выделен из образца почвы и протестирован на наборе из 30 штаммов, принадлежащих к роду *Curtobacterium*. При росте на 0,5% верхнем агаре YD вирус образует мелкие (0,5–1 мм в диаметре) бляшки одинаковой морфологии с ровными краями без гало.

Анализ генома позволил отнести Tim-91 к семейству *Salasmaviridae*. Фаг имеет типичную подовирусную морфологию с изометрическим капсидом диаметром ~48 нм, коротким хвостом длиной около 23 нм и хвостовыми фибриллами длиной ~14 нм.

Изучение биологических особенностей фага показало, что бактериофаг Tim-91 быстро адсорбируется на штамм *Cff* C091, завершая процесс к 4-й минуте. Латентный период достаточно короткий: лизис начинается на 35-й минуте, затем с 70-й по 90-ю минуту наблюдается активный выход фаговых частиц с достижением плато до итоговой концентрации  $1,9 \times 10^9$ . Оптимальной множественностью инфекции является соотношение клетка:фаг 1:10 и выше.

Бактериофаг Tim-91 представляет собой перспективный биоконтролирующий агент *Cff* и может стать компонентом смеси для обработки семян семейства *Fabaceae*.

Исследование выполнено при поддержке гранта РФФИ №21-16-00047.

Токмакова Анна Дмитриевна, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной биоинженерии Института биоорганической химии им. академиком М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук, Москва, Россия

Телефон: +7 (903) 118-46-19

E-mail: anna.zem@mail.ru

## 11. ПРОДУКЦИОННЫЙ ПОТЕНЦИАЛ СОЛОНОВОДНОЙ Р. ЧЕРНАВКА (ПРИЭЛЬТОНЬЕ)

Канапацкий Т.А.<sup>1</sup>, Самылина О.С.<sup>1</sup>, Русанов И.И.<sup>1</sup>, Захарова Е.Е.<sup>1</sup>, Зинченко Т.Д.<sup>2</sup>, Пименов Н.В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Институт микробиологии им.

С.Н. Виноградского ФИЦ Биотехнологии РАН

<sup>2</sup> Институт экологии Волжского бассейна РАН

Река Чернавка с минерализацией воды 26.5-34 ‰ является одной из шести рек, питающих высокоминерализованное оз. Эльтон. Гидробиологические исследования показали, что донные осадки этих рек характеризуются высокой биомассой зоо- и мейобентоса, являющегося кормовой базой для перелётных птиц. Формированию этой биомассы способствует продукция микробных сообществ. Целью данной работы стало выявление продукционного потенциала микробных сообществ на примере реки Чернавка. Пробы были отобраны в мае, июне, августе, октябре 2017 г. на 4-х станциях (ст.): одна в среднем течении и три – в устьевом участке на различной удалённости от уреза воды озера. Биомасса бентосных цианобактериальных сообществ (ЦБС), оценённая по количеству хлф а (в мг/м<sup>2</sup>), варьировала от 4 до 13 мг хлф а/м<sup>2</sup> в мае/июне и от 130 до 140 мг хлф а/м<sup>2</sup> в октябре/августе. Величины биомассы планктонных микроорганизмов летом варьировали от 25 до 46 мкг хлф а/л, наименьшие показатели выявлены в мае и октябре (от 6 до 12 мкг хлф а/л). Исключение составили показатели на самой «озерной» ст. 4 в октябре – 50 мкг хлф а/л.

Сезонная активность первичной продукции (ПП), измеренная радиоизотопным методом по включению <sup>14</sup>C- в органическое вещество (ОВ), изменялась в широком диапазоне: в водной толще от 6.6 до 314 мкг С/л·час, в бентосных сообществах на ст.4 – от 4200 до 10900 мкг С/дм<sup>3</sup>·час.

Средняя величина интенсивности сульфатредукции (СР) в осадках составляла 47 мкг S/дм<sup>3</sup>·час в июне/октябре и 111 мкг S/дм<sup>3</sup>·час в мае/августе. Максимальная величина интенсивности СР наблюдалась на ст. 4 в мае/июне (850 мкг S/дм<sup>3</sup>·час) и августе/октябре (180 мкг S/дм<sup>3</sup>·час).

Суммарная продукция ОВ (световая ПП и темновая СО<sub>2</sub>-ассимиляция) планктонным сообществом варьировала от 2.8 до 8.3 мг С/л·сут в мае/июне/августе, снижаясь до 1.2-2.6 мг С/л·сут в октябре. Для бентосного сообщества, в весенне-летний период с высокой инсоляцией и температурой,

значения CO<sub>2</sub> ассимиляции варьировали от 167 до 337 мг C/дм<sup>3</sup>·сут, снижаясь осенью до 84 мг C/дм<sup>3</sup>·сут.

Расчитанный продукционный потенциал новообразуемого ОВ (за вычетом расхода на сульфатредукцию) на границе вода-наилкок составляет от 11-40 мг C/л·час под м<sup>2</sup> (ст.1,2,3), до 28-121 мг C/л·час под м<sup>2</sup> (ст.4). Выявленное в нашей работе преобладание продукции ОВ над СР может объяснять накопление микробной массы, служащей пищей для зоо- и мейобентоса. Вклад других деструкционных процессов в баланс ОВ требует дальнейшего изучения.

Работа финансировалась из средств РНФ (проект № 23-27-00262).

Канапацкий Тимур Александрович, научный сотрудник лаборатории реликтовых микробных сообществ ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (916)-244-19-28

E-mail: timkanap\_inmi@mail.ru

## 12. ВЫЯВЛЕНИЕ УСВОЕНИЯ ЭТАНОЛА ПРИ ФОТО- И ХЕМОГЕТЕРОТРОФНОМ СТАЦИОНАРНОМ РОСТЕ ПОЛИЭКСТРЕМОФИЛЬНОЙ КРАСНОЙ МИКРОВОДОРОСЛИ *GALDIERIA SULPHURARIA*

Ю.В. Большевцева<sup>1</sup>, И.Н. Стадничук<sup>2</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ Биотехнологии, Институт биохимии им. А.Н. Баха РАН, 119071 Москва, Россия

<sup>2</sup> Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, 127276 Москва, Россия;

*Galdieria sulphuraria* принадлежит к полиэкстремофильным красным микроводорослям *Cyanidiales*, растущим при температурах до +55 °С и рН 1-2 в присутствии ионов тяжелых металлов. Для *G. sulphuraria* установлено использование также до 50 органических субстратов, включая пентозы, гексозы, полисахариды, глицерин, аминокислоты и кислоты цикла Кребса. Усвоение этанола неизвестно, хотя он служит компонентом пищевых отходов, для нейтрализации которых в биотехнологии используется *Galdieria*. Работа посвящена выяснению роста *G. sulphuraria* в присутствии этанола, чья токсичность ограничивает его исследование как источника энергии и углерода у микроорганизмов. Культуру выращивали при +36 °С и рН 2.5 на среде Аллен в течение

двух недель фото- и хемогетеротрофно, при концентрации этанола 0.1%, далекой от предельной (1%); расход контролировали хроматографически. Для сравнения использовали автотрофную культуру и гетеротрофную культуру с 0.1% глюкозы. В темноте рост *G. sulphuraria* за счет этанола оказался минимальным, однако при фотогетеротрофии отмечено увеличение числа клеток культуры в 1.5 раза в сравнении с фотоавтотрофией. Это меньше, чем гетеротрофный рост в 2 - 2.5 раза на глюкозе, но достоверно больше, чем при фотоавтотрофии (50%-60%). Негативные и позитивные аспекты потребления этанола досконально известны в медицине. Из них к одноклеточным, в данном случае микроводорослям, применимо знание о превращении этанола в ацетальдегид с последующей метаболизацией в цикле Кребса. Благодаря известному составу генома с помощью биоинформатики удалось показать, что *G. sulphuraria* содержит все ферменты, необходимые для усвоения этанола как субстрата. Внешне парадоксальное заметное потребление этанола на свету и минимальное в темноте мы объясняем тем, что конечным продуктом дыхательного метаболизма служит СО<sub>2</sub>. В световом режиме он не теряется клетками, а улавливается хлоропластами, стимулируя фотосинтез и более активный рост фотогетеротрофной культуры. Тем самым, редкая и малоизученная способность усвоения этанола микроводорослями является одной из дополнительных энергетических возможностей *G. sulphuraria*.

Стадничук Игорь Николаевич, ведущий научный сотрудник ИФР имени К.А. Тимирязева РАН, Москва, Россия

Телефон: +7 (985) 308-05-23

E-mail: stadnichuk@mail.ru



### 13. ИССЛЕДОВАНИЕ МИКРОБИОМА НЕФТИ И СОПУТСТВУЮЩИХ ПОРОД, ПОЛУЧЕННЫХ ИЗ НЕФТЯНЫХ СКВАЖИН

Бурлаченко Анастасия Сергеевна

Национальный исследовательский университет  
ИТМО

Микроорганизмы, населяющие подземные нефтяные резервуары, являются ключевыми участниками биохимических превращений. Взаимодействия микробных сообществ в данных средах является очень сложным и плохо изученным.

В данной работе была оптимизирована методика выделения нуклеиновых кислот из образцов нефти и сопутствующих пород. Проблема выделения нуклеиновых кислот актуальна, так как подобные образцы являются непростыми для их выделения из-за низкой концентрации и высокого содержания гуминовых кислот и иных ингибиторов ДНК-полимеразы.

Ключевой задачей исследования является сравнительный анализ микробиомов различных нефтяных резервуаров и сопутствующих горных пород, получаемых при бурении скважин. Исследование позволит выяснить состав микробиома различного вида нефти и нефтеносных пород, выделить маркерные микроорганизмы для нефтяных резервуаров, что может представлять не только фундаментальную ценность, но и практическую, а именно поможет составить оценку нефтяных резервуаров. В результате выполнения работы была разработана оптимальная методика выделения нуклеиновых кислот из нефти и сопутствующих горных пород. Проведен сравнительный анализ микробиомов различных образцов нефти, керна и шлама. Описаны микробные сообщества нефти, их потенциальные метаболические компетенции, выделены микробные маркеры для нефти из различных резервуаров, найдены закономерности между определенными физико-химическими характеристиками и микробными консорциумами.

Бурлаченко Анастасия Сергеевна, студент химико-биологического кластера Национального исследовательского университета ИТМО, Санкт-Петербург, Россия.

Телефон: +7 (913) 305-61-34

E-mail: nastya\_sergeevna99@mail.ru

### 14. УСТОЙЧИВОСТЬ К СТРЕССАМ СНИЖАЕТСЯ НА РАННИХ СТАДИЯХ РЕПЛИКАТИВНОГО СТАРЕНИЯ *SACCHAROMYCES CEREVISIAE*

Азбарова А.В.<sup>1,2\*</sup>, Галкина К.В.<sup>1,2</sup>, Кнорре Д.А.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Факультет биоинженерии и биоинформатики МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия

<sup>2</sup> Институт физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия

Одноклеточные микроорганизмы с выраженной асимметрией деления клетки подвержены старению. Так, например, материнская клетка пекарских дрожжей *Saccharomyces cerevisiae* погибает после образования 20-30 дочерних; этот процесс называют “репликативным” старением. В то же время существенные изменения в материнской клетке уже могут происходить в течение первых нескольких клеточных циклов. В своей работе мы исследовали, как меняется резистентность к стрессам в условиях раннего репликативного старения дрожжей. Для этого, мы метили клеточную стенку дрожжей флуоресцентным родаминовым красителем в форме активированного эфира AF488 и давали клеткам поделиться несколько раз. В результате, мы получили суспензию клеток, в которой можно различить материнские и дочерние клетки по флуоресцентному сигналу в клеточной стенке. Причем средний возраст материнских помеченных клеток зависел от времени инкубации после присоединения метки. Полученные суспензии мы подвергали различным стрессам: тепловому, гиперосмотическому, окислительному, высокой концентрации этанола, высокой концентрации сахара, а также воздействию детергентов. После этого мы оценивали долю выживших клеток в зависимости от их репликативного возраста, окрашивая их пропидий йодидом. Во всех исследованных случаях стресс-резистентность материнских клеток снижалась уже после образования первой почки. Делеция гена NAD<sup>+</sup>-зависимой деацетилазы гистонов *SIR2*, продлевающего репликативную жизнь, не влияла на стресс-резистентность дрожжей в раннем репликативном возрасте. В то же время, дисфункция митохондрий вызывала увеличение скорости старения в случае окислительного стресса и теплового шока. Наша работа показывает, что старение дрожжей начинается сразу после образования первой дочерней клетки, что хорошо согласуется с современными представлениями об эволюции старения.

Азбарова Аглая Вадимовна, младший научный сотрудник НИИ ФХБ имени А.Н. Белозерского МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия  
Телефон: +7 (915) 494-19-10  
E-mail: vesnusha@gmail.com

## 15. СРАВНИТЕЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА СООБЩЕСТВ ПРОКАРИОТ В АССОЦИАЦИЯХ С ГАЛОФИЛЬНЫМИ МИКРОВОДОРОСЛЯМИ ПРИ ПЕРЕХОДЕ К ЛАБОРАТОРНОМУ КУЛЬТИВИРОВАНИЮ

Селиванова Е.А., Катаев В.Я., Хлопко Ю.А.,  
Плотников А.О.

Институт клеточного и внутриклеточного симбиоза УРО РАН

Взаимодействия между микроводорослями и прокариотами имеют важные экологические последствия, влияя на трофическую структуру, динамику сообществ и биогеохимические циклы. Наряду с выделением растворенных органических веществ, описаны более сложные механизмы, связанные с обменом витаминами, повышением биодоступности железа, действием ауксинов, противомикробных соединений и др. Однако по сравнению с морскими сообществами, альго-бактериальные ассоциации в гипергалинных условиях изучено слабо. Целью работы было охарактеризовать изменения в составе прокариот, ассоциированных с галофильными микроводорослями, при переходе к лабораторному культивированию.

Клональные культуры микроводорослей были выделены из эфемерного пруда вблизи р. Солянка и из р. Малая Саморода с соленостью 100-110 г/л (Волгоградская область). Культуры микроводорослей инкубировали в течение 3 месяцев в лабораторных условиях. После пяти пассажей культур было проведено секвенирование ампликонов гена 16S рРНК с помощью MiSeq (Illumina).

Выделено 6 культур микроводорослей из 5 родов и 4 классов: Chlorodendrophyceae, Bacillariophyceae, Trebouxiophyceae, Chlorophyceae. При переходе к лабораторному культивированию галофильные сообщества прокариот значительно изменялись, уменьшалось таксономическое богатство и разнообразие, однако на фоне исчезновения отдельных таксонов, другие - значительно повышали свое относительное обилие. Доминировали классы Alphaproteobacteria, Gammaproteobacteria, филумы Balneolaeota и Bacteroidetes вне зави-

симости от таксономической принадлежности микроводоросли и вне зависимости от источника выделения. Роды *Marinobacter*, *Spiribacter*, *Methylophaga*, *Roseovarius*, *Rhodohalobacter* и *Gracilimonas* являлись наиболее часто встречающимися доминантами. Обнаружены видоспецифичные таксоны бактерий, ассоциированные с определенными видами микроводорослей, например, *Coraliomargarita* - с диатомовой водорослью *Navicula* sp., *Salinispirillum* sp. - с *Asteromonas gracilis*.

Селиванова Елена Александровна, ведущий научный сотрудник ЦКП «Персистенция микроорганизмов» Института клеточного и внутриклеточного симбиоза ФГБУН Оренбургского федерального исследовательского центра УРО РАН, Оренбург, Россия.

Телефон: +7 (922) 531-41-54  
E-mail: selivanova-81@mail.ru

## 16. ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ STX-ФАГА Ф24В С ПОВЕРХНОСТЬЮ КЛЕТОК *ESCHERICHIA COLI*

Кузнецов А.С.<sup>1</sup>, Голомидова А.К.<sup>1</sup>, Моисеенко А.В.<sup>2</sup>,  
Куликов Е.Е., Летаров А.В.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН, Москва, Россия

<sup>2</sup> МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

Среди бактерий *Escherichia coli*, населяющие кишечник человека и животных, встречаются штаммы, способные синтезировать шигаподобный токсин Stx. Такие шигатоксигенные *E. coli* (STEC) могут вызывать опасные токсикоинфекции у людей, а обнаружение STEC у сельскохозяйственных животных ведет к экономическим потерям. Токсин является продуктом вирусных генов *stxA* и *stxB*, которые встречаются в геномах Stx-конвертирующих бактериофагов. Наиболее распространенный вариант Stx-профага у различных STEC соответствует геному бактериофага Ф24В и родственным ему последовательностям.

Умеренный Stx-конвертирующий фаг Ф24В имеет ламбдоидный тип организации генома и подовирусную морфологией частиц. Данный фаг *in vitro* может инфицировать rough-варианты различных штаммов *E. coli*, однако истинный адсорбционный спектр хозяев фага Ф24В, как и механизмы его взаимодействия с клеткой-хозяином, приводящие к образованию STEC, остаются невыясненными.

В качестве конечного рецептора Stx-конвертирующего подовируса Ф24В был установлен белок BamA, хотя соответствующий фаговый рецептор-распознающий белок (RBP) пока не идентифицирован. Образование бляшек у данного фага ингибируется присутствием O-антигена (Oag) у всех протестированных штаммов. В то же время лизогенизации подвергались различные Oag-продуцирующие штаммы, хотя большинство лизогенов потеряли Oag, что указывает на то, что фактически фаг инфицирует спонтанные rough-мутанты. Данные результаты оспаривают концепцию образования нового штамма STEC путем прямой лизогенизации комменсальной *E. coli* Stx-фагами.

В ходе данной работы также отработали методику получения препарата данного фага для криоэлектронной микроскопии (крио-ЭМ), и получили предварительную реконструкцию. Лизаты фага Ф24В получены путем индукции профагов митомицином С из лишенных жгутиков лизогенов 4sR:24В. Далее при помощи серии центрифугирований получили концентрированный и очищенный препарат фага Ф24В, который использовался для анализа методом крио-ЭМ и дальнейшей реконструкции. Объединение данных крио-ЭМ с биоинформатическим подходом первичные данные крио-ЭМ говорят в пользу того, что gr56 является белком, ответственным за связывание BamA на поверхности клетки-мишени. Мы полагаем, что gr56 формирует осевую фибриллу с молекулярной архитектурой, отличной от большинства охарактеризованных на сегодняшний день фаговых RBPs. Нами также были получены рекомбинантные варианты gr56 для дальнейших биохимических исследований.

Кузнецов Александр Сергеевич, младший научный сотрудник лаборатории вирусов микроорганизмов ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН, Москва, Россия.  
Телефон: +7 (999) 977-54-30  
E-mail: alexbluesking@gmail.com

## 17. МИКРОБНАЯ ТЕМНАЯ МАТЕРИЯ: ИДЕНТИФИКАЦИЯ И ХАРАКТЕРИСТИКА НОВЫХ НЕКУЛЬТИВИРУЕМЫХ ЛИНИЙ БАКТЕРИЙ И АРХЕЙ В РЕЗУЛЬТАТЕ МЕТАГЕНОМНОГО АНАЛИЗА

*Кадников В.В.<sup>1</sup>, Бегматов Ш.А.<sup>1</sup>, Марданов А.В.<sup>1</sup>, Карначук О.В.<sup>2</sup>, Равин Н.В.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> Институт биоинженерии им. К.Г. Скрыбина, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва

<sup>2</sup> Томский государственный университет, Томск

Применение молекулярных методов для исследования природных микробных сообществ показало, что истинное микробное разнообразие на порядки превосходит число культивируемых видов и позволило выявить новые филогенетические линии высокого уровня, до настоящего времени не имеющие культивируемых представителей («микробная темная материя»). Основным инструментом их исследования является метагеномный анализ, позволяющий охарактеризовать некультивируемые микроорганизмы на геномном уровне.

Объектами наших исследований были подземные термальные воды Западно-Сибирского региона, горячие источники Бурятии, районы подземного горения угольных пластов, грязевые вулканы Керченского полуострова, торфяно-болотные почвы и др. В результате метагеномного анализа были получены геномные последовательности нескольких сот микроорганизмов, в том числе представителей некультивируемых линий бактерий и архей. Получены геномы некультивируемых архей филумов Aenigmataarchaeota, Nadarchaeota, EX4484-205, EX4484-52, Thermoplasmata (класс с\_E2), и бактерий Bipolaricaulota, BMS3Abin1, CLD3, CSP1-3, Patescibacteria, MBNT15, QNDG01, RBG-13-61-14, а также фирмикот линий DTU015 и UBA12532 (Ammonifexales). В докладе будут представлены результаты геномного анализа некультивируемых микроорганизмов, в том числе реконструкции путей метаболизма и анализа их функциональной роли в исследованных экосистемах.

Работа поддержана Российским научным фондом (проект 22-14-00178).

Равин Николай Викторович, заместитель директора по научной работе ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (499) 783-32-64

E-mail: nravin@mail.ru

## 18. НОВАЯ СПОРООБРАЗУЮЩАЯ СУЛЬФАТРЕДУЦИРУЮЩАЯ БАКТЕРИЯ ИЗ КИШЕЧНИКА ВЕРБЛЮДОВ

Л.С. Щетинина, И.А. Панова, М.Р. Авакян,  
Н.В. Равин, О.В. Карначук

Разнообразие и активность сульфатредуцирующих бактерий (СРБ) в кишечнике животных остаются в значительной степени малоизученными. До настоящего времени основное внимание уделали представителям Грамотрицательных *Desulfovibrionaceae*. Наши исследования показали, что кишечная микробиота верблюдов имеет повышенное содержание СРБ по сравнению с другими сельскохозяйственными животными и может на влиять на снижение концентрации биодоступных железа и меди.

Метагеномный анализ фекалий верблюдов показал присутствие филогенетически удаленных линий *Bacillota*. Целью данного исследования было выделение в чистую культуру и изучение физиологических характеристик новой спорообразующей СРБ. Анализ последовательности гена 16S рРНК выделенного из фекалий верблюдов нового штамма 1198 показал, что он представляет удаленную группу внутри семейства *Peptococcaceae* и его ближайшим родственником является *Desulfohalotomaculum halophilum*, со сходством последовательностей 92.05%. Определение последовательности генома штамма 1198 позволило рассчитать среднее сходство нуклеотидных (ANI) и аминокислотных (AAI) последовательностей геномов с представителями разных родов семейства *Peptococcaceae*, которое не превышало 70.6 и 67.9, соответственно, что подтверждает принадлежность штамма 1198 к новому роду. Штамм использует ограниченный набор доноров электрона для сульфатредукции, включая лактат, пируват, пептон и триптон и растет в узком диапазоне pH (6.4-6.8) и температуры (28-37°C), что свидетельствует о его возможной привязке к проксимальному отделу кишечника. При этом, штамм 1198 имеет оптимум солености 0.1% и растет до 4% NaCl в среде, что соответствует условиям в кишечнике верблюдов, обитающих в аридных условиях.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019-2027 годы (Соглашение № 075-15-2021-1401 от 03 ноября 2021 года).

Щетинина Лилия Сергеевна, студент кафедры физиологии растений, биотехнологии и биоинженерии Национального исследовательского Томского государственного университета (НИ ТГУ), Томск, Россия.

Телефон: +7 (913) 015-98-68

E-mail: leviotto@mail.ru

## 19. ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ МИКОБАКТЕРИЙ

Зименков Данила Вадимович, Уштанит А.И.,  
Мачинская М.А.

Институт молекулярной биологии им.  
В.А. Энгельгардта Российской академии наук  
(ИМБ РАН)

Из двухсот известных видов, входящих в род *Mycobacterium*, несколько десятков являются условно-патогенными для человека, помимо известных возбудителей лепры и туберкулеза. Количество микобактериозов растет, что обусловлено как совершенствованием методов диагностики, так и распространенностью иммунодефицитных состояний. Схожие морфологические характеристики, различия в патогенетических характеристиках и профилях лекарственной устойчивости приводят к необходимости идентификации вида для установления диагноза и проведения терапии.

В исследовании проводилось сравнение депонированных в базу NCBI геномов микобактерий по ряду критериев: ANI, GGDC, MASH, AAI, выравниванию последовательностей одного или многих локусов.

Критерии геномных расстояний обладают различной разрешающей способностью на уровне рода, но дают сравнимые результаты для дискриминации видов и подвигов. С использованием пороговых значений ANI было установлено существование 431 вида микобактерий. Более половины (n=223) ветвей подтверждено наличием подвигов или штаммов, идентифицированных в независимых образцах. Заметное количество геномов имеет некорректную таксономическую идентификацию: 54 названия вида относятся к образцам, расположенным на различных ветвях филогенетического дерева.

Попарное сравнение полногеномных расстояний и нуклеотидных замен в отдельных локусах позволило оценить возможность идентификации видов микобактерий секвенированием отдельных локусов. Установлено, что последовательность гена

16S рРНК не является робастным филогенетическим маркером. Заметное количество видов имеют близкую или идентичную последовательность 16S, но отличающиеся геномы.

При увеличении количества одновременно анализируемых последовательностей возрастает точность идентификации, что подтверждает необходимость перехода от анализа последовательности рибосомального оперона к мультилокусному сиквенс-типированию при отсутствии возможности проведения полногеномного секвенирования.

Зименков Данила Вадимович, в.н.с. лаборатории технологий молекулярной диагностики, Центра высокоточного геномного редактирования и генетических технологий для биомедицины, Института молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта Российской академии наук (ИМБ РАН), Москва, Россия

Телефон: +7 (916) 546-97-82

E-mail: z@biochip.ru; zimenkov@eimb.ru

## **20. НОВЫЙ ПРЕДСТАВИТЕЛЬ ФИЛУМА *VERRUCOMICROBIOTA*, ВЫДЕЛЕННЫЙ ИЗ БИОРЕАКТОРА С МЕТАНОКИСЛЯЮЩИМИ МИКРООРГАНИЗМАМИ**

Салова В.Д.<sup>1,2</sup>, Данилова О.В.<sup>2</sup>, Дедыш С.Н.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Москва

<sup>2</sup> Институт микробиологии им.

С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва

Представители филума *Verrucomicrobiota* населяют широкий спектр разнообразных экологических ниш, таких как горячие источники, пресные и морские водоемы, почвы, а также пищеварительную систему беспозвоночных. Тем не менее, число полученных в культурах и охарактеризованных представителей этих бактерий остается крайне малым. Целью настоящего исследования было расширение спектра культивируемых представителей *Verrucomicrobiota*. Один из этих микроорганизмов был выявлен в биореакторе с метанокисляющими микроорганизмами с помощью профилирования по V4 участку гена 16S рРНК. Получение чистой культуры проводили путем фильтрации суспензии клеток из биореактора через стерильный поликарбонатный фильтр (диаметр пор 0.45 мкм), с последующей очисткой целевого организма из получен-

ного фильтрата методом предельных разведений. Для выделения, поддержания культуры и физиологических тестов использовали жидкую минеральную среду NMS с добавлением фруктозы (250 мг/л), пептона (200 мг/л) и дрожжевого экстракта (200 мг/л), рН 7.

Полученный изолят, штамм Vm1, был представлен мелкими диплококками размером 0.4±0.1 мкм. Новый изолят являлся гетеротрофом, микроаэрофилом, не способным к росту в анаэробных условиях. Штамм Vm1 рос в диапазоне температур от 20 до 43°C (T<sub>опт</sub> 42°C) и рН от 5.0 до 9.5 (рН<sub>опт</sub> 7.0-8.0). В качестве источников углерода и энергии изолят использовал сахара, полисахариды и пептиды. Время удвоения при 42°C (рН 7.0) составляло 4 часа. Штамм Vm1 стабильно рос в бинарной культуре вместе с метанотрофом *Methylococcus capsulatus* KN2, с метаном в качестве единственного источника углерода и энергии.

Филогенетический анализ последовательности гена 16S рРНК показал принадлежность штамма Vm1 к роду *Oleiharenicola* филума *Verrucomicrobiota*. Наиболее близкими описанными видами являются *O. alkalitolerans* и *O. lentus*, со сходством нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК в 97.90% и 97.54%, соответственно.

Салова Варвара Дмитриевна, магистрант кафедры микробиологии Биологического факультете МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

Телефон: +7 (980) 708-88-16

E-mail: salovavd@gmail.com

## **21. КОНЦЕПЦИЯ МНОЖЕСТВЕННОСТИ ПРОГРАММ АДАПТАЦИИ У БАКТЕРИИ *PESTOBACTERIUM ATROSEPTICUM***

Петрова О.Е. \*, Парфурова О.И., Даминова А.Г., Горшков В.Ю.

Казанский институт биохимии и биофизики,  
Федеральный Исследовательский Центр  
«Казанский Научный Центр РАН», РФ, 420111,  
Казань, ул. Лобачевского, 2/31

Бактерии обладают высоким адаптивным потенциалом, позволяющим им выживать при различных экологических вызовах. Разнообразие стрессовых факторов внешней среды, различное физиологическое состояние микроорганизмов и неодинаковая плотность клеток в бактериальных популяциях в момент стрессового воздействия предполагают существование множества программ адаптации бактерий.

Целью исследования явилась характеристика разных программ адаптации фитопатогенной бактерии *Pectobacterium atrosepticum* SCRI 1043 при углеродном или азотном голодании, при высокой или низкой плотности популяции и различных физиологических состояниях бактерии (клетки экспоненциальной или стационарной фаз роста). Проводился мониторинг КОЕ и геномных копий, экспрессии целевых генов, морфологии, перекрестной устойчивости, вирулентности с использованием электронной и конфокальной микроскопии; количественной ПЦР; анализа РНК-Seq.

#### **Получены следующие результаты:**

В условиях голодания при высокой плотности популяции происходила остановка деления и лизис части популяции или активировалось клеточное деление при низкой плотности клеток.

Активировался *ppGpp*-зависимый строгий ответ при голоде по углероду или *NifA*-зависимый стрессовый ответ при азотном голоде.

Формировалась *RpoS*-зависимая устойчивость при углеродном голоде или преимущественно *RpoS*-независимая устойчивость при азотном голоде.

В голодающих клетках экспоненциальной фазы роста происходила конденсация нуклеоида и повышался уровень экспрессии генов, кодирующих ДНК-связывающие гистоноподобные белки. У клеток стационарной фазы роста были выявлены формы с редуцированной клеточной стенкой и пониженной колониеобразующей способностью.

Т. об., бактерия *P. atrosepticum* способна модулировать свой метаболизм адекватно внешним условиям. Основным результатом стрессовых событий явилось формирование бактериальной популяции с перекрестной устойчивостью и способностью к длительной персистенции в неблагоприятных условиях.

Исследование выполнено при поддержке РФФ (22-24-00787).

Петрова Ольга Евгеньевна, с.н.с. лаборатории молекулярной биологии Казанского института биохимии и биофизики, ФИЦ «Каз НЦ РАН», Казань, Россия.

Телефон: +7 (937) 772-24-84

E-mail: [roe60@mail.ru](mailto:roe60@mail.ru)

## **22. ГЕННЫЙ ПОТЕНЦИАЛ ШТАММА *RHODOCOCCUS ERYTHROPOLIS* PAR 7 ДЛЯ ПРИМЕНЕНИЯ В БИОРЕМЕДИАЦИИ**

*Копылова О.А.<sup>1</sup>, Делеган Я.А.<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> Пушинский филиал ФБГОУ ВО «Российский биотехнологический университет», Пушкино, Россия

<sup>2</sup> Институт биохимии и физиологии микроорганизмов РАН им. Скрябина, Пушкино, Россия

Штамм *Rhodococcus erythropolis* Par 7 выделен из нефтезагрязненной почвы аридного климата и несет гены, ответственные за деградацию ряда поллютантов и устойчивость к повышенным концентрациям тяжелых металлов.

В результате гибридной сборки был сконструирован черновой геном, представленный одной хромосомой. С использованием сервисов RAST и GhostKOALA было идентифицировано 2 787 белок-кодирующих последовательностей.

Сравнительный анализ генома Par 7 с помощью сервиса TYGS показал, что его ближайшими родственниками являются штаммы *R. erythropolis* JCM 3201 и *R. erythropolis* NBRC 15567. В сравнении с ними в геноме *R. erythropolis* Par 7 не только сохраняется, но и увеличивается разнообразие генов, участвующих в метаболизме ряда ксенобиотиков ароматической природы: ксилола, толуола, фенилацетата, хлороциклогексана и хлоробензена, - а также присутствуют полные пути деградации бензоатов, катехола, холестерина, коричной кислоты и галоалканов. Также все три штамма имеют по 4 гомологичных гена семейства *alkB*.

*R. erythropolis* Par 7 несет на хромосоме оперон устойчивости к мышьяку, включающий гены белков оттока арсенита, а также арсенатредуктазу, присутствующую и у других двух штаммов, в то время как вместо белков оттока у них может функционировать АТФ-зависимый мышьяковый насос. Геном Par 7 сохраняет признаки, связанные с резистентностью к кадмию, цинку и кобальту, а также к ряду металлов, благодаря белкам семейства MerR.

Описанные генетические возможности штамма *Rhodococcus erythropolis* Par 7 обуславливают его потенциал применения в биоремедиации почв.

Копылова Ольга Андреевна, студентка магистратуры Пушкинского филиала ФБГОУ ВО «РОСБИОТЕХ», Пушкино, Россия  
Телефон: +7 (953) 424-81-86  
E-mail: oa.kopylova01@gmail.com

### **23. РНМ6 И РНМ7 НЕОБХОДИМЫ ДЛЯ СВЕРХНАКОПЛЕНИЯ ПОЛИФОСФАТОВ КЛЕТКАМИ ДРОЖЖЕЙ**

*Кулаковская Е.В., Звонарев А.Н.*

ФИЦ «Пушкинский научный центр биологических исследований Российской академии наук», Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН

Клетки *Saccharomyces cerevisiae* обладают способностью к гиперкомпенсации - повышенному поглощению фосфата и накоплению неорганических полифосфатов, которое наблюдается при культивировании клеток, подвергнутых фосфорному голоданию, в среде, обогащенной фосфатом. Клетки дикого типа, предварительно выращенные на фосфат-лимитированной среде, были способны к повышенному накоплению фосфата в модельной системе, содержащей только фосфат и глюкозу, которое стимулировалось ионами магния. Нокаут-мутанты по генам переносчиков фосфата *PHO84*, *PHO87* и *PHO89* характеризовались резким снижением поглощения фосфата и накопления полифосфатов. У штаммов с нокаутом генов *PHM6* или *PHM7*, кодирующих не идентифицированные РНО-белки, уровень поглощения фосфата в присутствии ионов магния также был значительно снижен, а при отсутствии магния клетки полностью утрачивали способность к поглощению фосфата. Содержание кислоторастворимых полифосфатов в клетках дикого типа в данной модельной системе значительно увеличивалось, в то время как у штаммов  $\Delta phm6$  и  $\Delta phm7$  содержание кислоторастворимых полифосфатов оставалось на уровне, характерном для культивирования в фосфат-лимитированной среде. После культивирования в условиях гиперкомпенсации на полной YPD среде уровень кислоторастворимых полифосфатов в клетках дикого типа был втрое выше, а уровень кислотонерастворимых полифосфатов – вдвое выше, чем в клетках мутантных штаммов  $\Delta phm6$  и  $\Delta phm7$ . В клетках штаммов, содержащих гены *PHM6* и *PHM7*, слитые с *GFP*, выращенных на полной YPD среде, уровень экспрессии этих ге-

нов был незначительным, в то время как в клетках, выращенных на фосфат-лимитированной среде и подвергнутых гиперкомпенсации, наблюдалась их повышенная экспрессия. Полученные данные свидетельствуют в пользу того, что мембранные переносчики фосфата и белки *Phm6* и *Phm7* совместно обеспечивают повышенное поглощение фосфата и накопление полифосфатов в условиях гиперкомпенсации.

Кулаковская Екатерина Владимировна, научный сотрудник, ФИЦ «Пушкинский научный центр биологических исследований Российской академии наук», Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, Пушкино, Россия.

Телефон: + 7 (495) 956-33-70

E-mail: e.kulakovskaya@ibpm.ru

### **24. ТЕНДЕНЦИИ В ИЗМЕНЕНИИ СПЕКТРА ВИДОВ И ГЕНОТИПОВ БАКТЕРИИ ПОРЯДКА *BURKHOLDERIALES*, ВЫЯВЛЕННЫХ В 2016-2023 Г У ПАЦИЕНТОВ МОСКОВСКИХ ЦЕНТРОВ МУКОВИСЦИДОЗА**

*Воронина О.Л.<sup>1</sup>, Рыжова Н.Н.<sup>1</sup>, Кунда М.С.<sup>1</sup>, Аксенова Е.И.<sup>1</sup>, Амелина Е.Л.<sup>2</sup>, Лазарева А.В.<sup>3</sup>, Горина Ю.В.<sup>3</sup>, Жилина С.В.<sup>4</sup>, Семькин С.Ю.<sup>5</sup>, Капотина Л.Н.<sup>1</sup>, Гинцбург А.Л.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> ФГБУ НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи Минздрава России, Москва, Россия

<sup>2</sup> ФГБУ НИИ Пульмонологии ФМБА России, Москва, Россия

<sup>3</sup> ФГАУ НМИЦ Здоровья детей Минздрава России, Москва, Россия

<sup>4</sup> Морозовская ДГКБ ДЗМ, Москва, Россия

<sup>5</sup> РДКБ — филиал ФГАО ВО РНИМУ им.

Н.И. Пирогова Минздрава России, Москва, Россия

#### **Введение:**

Бактерии порядка *Burkholderiales* наиболее опасны для больных муковисцидозом (МВ). Хроническое инфицирование *Burkholderia* и *Achromobacter* скажется на показателях функции внешнего дыхания и снижает 5-летнюю выживаемость. Целью исследования была оценка разнообразия *Burkholderiales*, выявленных у пациентов московских центров МВ (ЦМВ), и геномных особенностей представителей эпидемически значимых генотипов.

## Материалы и методы:

Образцы мокроты, аспиратов и изоляты анализировали с помощью мультилокусного секвенирования. Полногеномное секвенирование выбранных изолятов выполняли на платформе Illumina. Результаты регистрировали в PubMLST и GenBank (BioProject PRJNA561493).

## Результаты:

По наблюдениям 2016-2023 гг. в 3 центрах МВ 271 пациент (1949-2021 г.р.) был инфицирован *Burkholderiales*: 127 – *Burkholderia*, 144 – *Achromobacter*. *B. cenocepacia* (*B.cen*) ST709 в 77% случаев стала причиной смерти взрослых пациентов. Сравнение пациентов взрослого и детского ЦМВ показало снижение доли инфицированных *B.cen* с 87 до 57%, *B.cen* ST709 – с 66 до 7%, рост в 2 раза индекса разнообразия Шеннона (H) для *Burkholderia*. Вместе с тем, продолжили циркуляцию *B.cen* региональных эпидемических генотипов ST208 (ПФО), ST241 (ДФО), к которым добавилась *B. cenocepacia* ST9 в ЮФО. Разнообразие *Achromobacter* было высоким в обоих ЦМВ (H: 3.5 и 3.9), однако доля *A. ruhlandii* снизилась с 41% у взрослых до 30% у детей. Сравнение геномов разных видов *Burkholderia* и *Achromobacter* показало преобладание факторов патогенности, включая гены резистентности, а также более богатый мобилом у изолятов эпидемически значимых генотипов.

## Заключение.

Сдерживание распространения *Burkholderia* и *Achromobacter* эпидемически значимых генотипов, отличающихся более высокой вирулентностью, способствует росту продолжительности и качества жизни пациентов с МВ, наряду с действием препаратов таргетной терапии.

Воронина Ольга Львовна, зав. лаб. анализа геномов ФГБУ НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи Минздрава России

Телефон: +7 (916) 224-86-83

E-mail: olv550@gmail.com

## 25. УГЛЕВОДОРОДОКИСЛЯЮЩИЕ БАКТЕРИИ ДОННЫХ ЭКОТОПОВ БАРЕНЦЕВА И ПЕЧОРСКОГО МОРЕЙ

Пыркин В.О.<sup>1</sup>, Гавирова Л.А.<sup>1</sup>, Строева А.Р.<sup>1</sup>, Меркель А.Ю.<sup>1,2</sup>, Бонч-Осмоловская Е.А.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> МГУ имени М.В. Ломоносова

<sup>2</sup> ФИЦ «Биотехнологии» РАН

Целью работы являлось исследование состава микробных сообществ придонной воды и осадков Баренцева и Печорского морей и их возможного участия в разложении УВ.

Было отобрано 28 образцов придонной морской воды и 15 образцов грунта Баренцева и Печорского морей. Путем добавления нефти, н-нона, н-ундекана, фенантрена к морской воде или ее имитации, было получено 71 микрокосмов, использующих УВ. Профили природных и лабораторных микробных сообществ получали с помощью NGS варибельных участков генов 16S рРНК. Спектр потребления УВ анализировался с помощью ГХ-МС.

Профилирование микробных сообществ природных образцов показало, что в Баренцевом и Печорском морях содержатся общие углеводород-окисляющие (УВО) роды бактерий: *Pseudoalteromonas*, *Pseudomonas*, *Psychrobacter*, *Sphingorhabdus*, *Porticoccus*. Отличием микробных сообществ Баренцева моря было присутствие рода *Colwellia*, Печорского — *Cycloclasticus*. Однако в микрокосмах Баренцева моря, использующих УВ, доминировали таксоны, ассоциированные с цветением фитопланктона, в то время как в микрокосмах Печорского моря преобладали бактерии родов *Rhodococcus*, *Dietzia*, *Sphingorhabdus*, *Hyphomonas*, являющиеся маркерами присутствия УВ. Из микрокосмов было выделено 38 штаммов, использующих УВ и представляющих доминирующие таксоны. Установлено, что полученные изоляты окисляют широкий спектр УВ, что позволяет предположить высокую способность Баренцева и Печорского морей к очистке от нефтяных загрязнений.

Пыркин Владислав Олегович, аспирант кафедры микробиологии биологического факультета МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия.

Телефон: +7 (999) 827-46-98

Email: vladiw@yandex.ru



## 26. ИЗМЕНЕНИЕ МЕХАНИЗМА АВТОТРОФНОЙ ФИКСАЦИИ УГЛЕКИСЛОТЫ ТЕРМОФИЛЬНОЙ БАКТЕРИИ *DESULFOTHERMOBACTER ACIDIPHILUS* В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ВНЕШНИХ ФАКТОРОВ

А.И. Мальцева, И.В. Кубланов, Е.Н. Фролов

Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского,  
Федеральный исследовательский центр  
Фундаментальных основ биотехнологии РАН.,  
пр-т 60-летия Октября, д. 7, корп. 2, Москва,  
117312, Россия

В настоящее время известно 7 путей автотрофной фиксации углекислоты. Некоторые из них редки и встречаются только у определенных филогенетических линий, другие, как, например, цикл Кальвина, широко распространены. При этом, в подавляющем большинстве случаев у одного организма имеется один путь и только для нескольких микроорганизмов путем анализа геномных и метагеномных данных было показано присутствие генов, кодирующих ферменты сразу двух путей фиксации  $\text{CO}_2$ . В виду отсутствия биохимических, протеомных и микробиологических исследований таких микроорганизмов, остаётся не ясным, являются ли оба пути функциональными, работают ли они одновременно или же выбор пути зависит от внешних условий. Ранее в ходе геномного, протеомного и биохимических анализов для сульфатредуцирующей термофильной бактерии *Desulfothermobacter acidiphilus* 3408-1<sup>T</sup> было показано функционирование одновременно двух путей ассимиляции  $\text{CO}_2$ , а именно трансальдозазного варианта цикла Кальвина и пути Вуда-Льюнгдаля. Целью данной работы являлось исследование влияния факторов среды (температура и окислительно-восстановительный потенциал (ОВП)) на вклад каждого из двух путей в общую ассимиляцию углекислоты у *Desulfothermobacter acidiphilus* 3408-1<sup>T</sup>, а также на другие метаболические пути.

Выявление вклада того или иного пути автотрофной фиксации  $\text{CO}_2$  проводили с помощью сравнительно-протеомного анализа клеток, выращенных в условиях варьирования вышеперечисленных параметров. Было показано, что при увеличении ОВП среды вклад трансальдозазного варианта цикла Кальвина в общую ассимиляцию  $\text{CO}_2$  возрастал, в то время как экспрессия генов ферментов пути Вуда-Льюнгдаля не менялась. При повышении температуры происходило увеличение

экспрессии генов ферментов цикла Кальвина, которые также могут принимать участие в центральном метаболизме углеводов, при этом экспрессия гена ключевого фермента цикла – РубисКО, не менялась. Значительного изменения экспрессии ключевых генов белков пути Вуда-Льюнгдаля не происходило.

Таким образом, было показано, что на вклад каждого из двух путей в общую ассимиляцию углекислоты наибольшее влияние оказывал ОВП среды. Работа выполнена при поддержке гранта РФФ 21-14-00242.

Мальцева Анастасия Игоревна, младший научный сотрудник ИНМИ им. С.Н. Виноградского ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.  
Телефон: +7 (915) 281-94-77  
E-mail: anasty.maltseva@gmail.com

## 27. ВЛИЯНИЕ ТЕМПЕРАТУРЫ И ИСТОЧНИКА УГЛЕРОДА НА БИООКИСЛЕНИЕ СУЛЬФИДНОГО КОНЦЕНТРАТА

Булаев А.Г., Елкина Ю.А., Колосов А.В.,  
Нечаева А.В., Белецкий А.В., Кадников В.В.,  
Меламуд В.С., Марданов А.В.

ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия

### Введение:

Технология реакторного биоокисления применяется для переработки золотосодержащих концентратов. Существует потребность в разработке подходов для увеличения ее эффективности. В данной работе исследовали биоокисление пирит-арсенопиритного золотосодержащего сульфидного концентрата в разных условиях с использованием источников углерода ( $\text{CO}_2$ , меласса) для определения возможности интенсификации.

Материалы и методы. Биоокисление проводили в непрерывном режиме при температурах 40, 45 и 50°C. В качестве источников углерода использовали мелассу (0,02, 0,04, 0,10%) или  $\text{CO}_2$ . Таксономические составы микробных сообществ определяли путем анализа вариабельных фрагментов V3-V4 гена 16S рРНК секвенированных на платформе Illumina.

### Результаты:

При 40°C источники углерода незначительно влияли на биоокисление. При более высоких температурах использование  $\text{CO}_2$  позволяло уве-

личить извлечение золота. При 40°C источники углерода почти не влияли на микробные популяции, преобладали *Leptospirillum*, *Acidithiobacillus* и *Ferroplasma*. При 45°C во всех реакторах были высоки доли *Acidithiobacillus* и *Ferroplasma*. Доля архей *Acidiplasma* была высокой во всех реакторах. Доля бактерий *Sulfobacillus* была высокой в реакторах с мелассой. При использовании CO<sub>2</sub> также были представлены архей *Cuniculiplasma* и A-plasma. При 50°C во всех реакторах преобладали *Acidithiobacillus*, *Sulfobacillus* и *Acidiplasma*.

#### **Заключение:**

Использование дополнительных источников углерода можно рассматривать как подход для интенсификации биоокисления сульфидных концентратов, путем влияния на состав микробных популяций реакторов.

Исследование было профинансировано Российским Научным Фондом — грант № 21-64-00019.

Булаев Александр Генрихович, заведующий лабораторией, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (903) 719-11-97

E-mail: bulaev.inmi@yandex.ru

## **28. СОСТАВ И ПРОДУКТИВНОСТЬ ФОТОТРОФНЫХ СООБЩЕСТВ ЗОНЫ ХЕМОКЛИНА КАРСТОВЫХ ОЗЕР ЧЕРНЫЙ КИЧИЕР И БОЛЬШОЙ КИЧИЕР (РЕСПУБЛИКА МАРИ ЭЛ)**

Саввичев А.С.<sup>1</sup>, Горленко В.М.<sup>1</sup>, Кадников В.В.<sup>2</sup>,  
Русанов И.И.<sup>1</sup>, Белецкий А.В.<sup>2</sup>, Захарова Е.Е.<sup>1</sup>,  
Кострикина Н.А.<sup>1</sup>, Веслополова Е.Ф.<sup>1</sup>,  
Пименов Н.В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Институт микробиологии им.

С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия

<sup>2</sup> Институт биоинженерии им. К.Г. Скрябина, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия

В авг. 2022 г. проведены исследования активности микробных процессов и состава микробных сообществ водной толщи карстовых озер Черный и Большой Кичиер. **Оз. Кичиер изучается микробиологами более полувека и является классическим объектом озер, содержащим высокое содержание сероводорода в металимнионе (в меромиктическом оз. Ч. Кичиер) и в гиполимнионе (димиктическое оз. Б. Кичиер).** Было

показано, что величина интегральной продукции оксигенного фотосинтеза в Ч. Кичиере составила 350, а в Б. Кичиере – 630 мг С м<sup>-2</sup> сут<sup>-1</sup>. Различие в величинах интегральной продукции фотосинтеза в озерах, вероятно, связано с более ранним периодом цветения планктонных водорослей в Ч. Кичиере. Аноксигенный фотосинтез имел максимумы на глубинах исчезновения кислорода, при этом его интенсивность не превышала 30 мкг С л<sup>-1</sup> сут<sup>-1</sup>. Наши данные подтвердили стабильность гидрохимического режима и, как следствие, видового состава АФБ зоны хемоклина двух озер. Мы впервые совместили молекулярный метод идентификации микроорганизмов населяющих зону хемоклина данных озер, со световой и электронной микроскопией природных образцов, что позволило определить систематическое положение доминирующих и минорных компонентов фототрофов. Несмотря на различный гидрологический статус в обоих озерах присутствуют одинаковые виды, за некоторыми различиями, которые мы пытаемся объяснить. Так, в оз. Ч. Кичиер, в отличие от Б. Кичиера, отсутствуют *Chlorobaculum thiosulfatophilum* и *Oscillochloris sp.* Мы подтвердили присутствие в озере свободно живущих ЗСБ *Chlorobium clathratiforme*, симбиотических консорциумов *Pelochromatium roseum*, ПСБ *Chromatium okenii*, *Thiodictyon bacillosum*, *Thiocapsa rosea*. Впервые были идентифицированы консорциумы *Chlorochromatium magnum*. Целый ряд сиквенсов (Otu) ЗСБ и ПСБ не могут быть определены до вида и, вероятно, принадлежат *Chl. luteolum*, *Ancalochloris perfilievii* или другим ЗСБ с простеками и пурпурным *Thiopedia rosea* а также нитчатые *Chloronema sp.* и *Oscillochloris sp.*, филума *Chloroflexi*. Работа поддержана Российским научным фондом (проект 22-14-00038).

Саввичев Александр Сергеевич, дбн, зав. лаб. института микробиологии им. С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия

Телефон: +7 (909) 975-63-70

E-mail: savvichev@mail.ru

## 29. ЭФФЕКТИВНОСТЬ ШТАММОВ *BACILLUS SPP* В КАЧЕСТВЕ БИОЛОГИЧЕСКОГО ДЕЗИНФЕКТАНТА

Дудник Д.Е., Иркитова А.Н, Малкова А.В.,  
Каргашилова Е.Н

Алтайский государственный университет,  
ИЦ Промбиотех

### Введение:

Биологические препараты для дезинфекции являются альтернативой химическим средствам и позволяют эффективно снижать количество патогенных микроорганизмов в среде, а также препятствуют быстрой повторной контаминации.

### Материалы и методы:

Объекты исследования – штаммы *B. licheniformis* 6, *B. licheniformis* 7, *B. megaterium* и *B. subtilis* 1 из коллекции ИЦ Промбиотех.

В качестве тест-поверхностей использовались бетон, сталь и облицовочная плитка. Поверхности предварительно загрязняли культурой *E. coli*. Обработку тест-объектов биологическим препаратом проводили в соответствии с рекомендациями Р 4.2.2643–10 в дозе 0,15 л/м<sup>2</sup>. Время экспозиции 3 и 24 часа.

### Результаты:

Для поверхности из бетона зафиксировано снижение численности *E. coli* после 3 часов экспозиции для *B. megaterium* на 41,00% и для *B. subtilis* 1 на 93,55%. После 24 часов количество кишечной палочки снизилось на поверхностях, обработанных *B. licheniformis* 6, *B. licheniformis* 7, *B. subtilis* 1 на 84,00%, 96,99%, 93,55% соответственно.

На металлической поверхности через 3 часа численность патогена сократилась в образцах с 3 штаммами бацилл: *B. licheniformis* 6 на 89,14 %, *B. licheniformis* 7 на 99,34%, *B. subtilis* 1 95,50%. При экспозиции 24 часа количество *E. coli* в опыте уменьшилось на 95,11%, 99,34%, 82,23% при обработке штаммами *B. licheniformis* 6, *B. licheniformis* 7, *B. subtilis* 1 соответственно.

Для облицовочной плитки положительный эффект отмечен для средств на основе 2 штаммов только после экспозиции 3 часа: на основе *B. licheniformis* 7 снижение численности *E. coli* на 86,44%, на основе *B. subtilis* 1 – на 76,96%.

### Заключение.

Таким образом, наибольшую эффективность на всех типах поверхностей продемонстрировали средства на основе штаммов *B. licheniformis* 7 и *B. subtilis* 1.

Дудник Дина Евгеньевна, аспирант Института биологии и биотехнологии ФГБОУ ВО Алтайский государственный университет, Барнаул, Россия  
E-mail: dudnik-dina@mail.ru

Телефон: +7 (963) 504-95-94

## 30. ПРЕДСКАЗАНИЕ СТЕХИОМЕТРИИ С-КОЛЕЦ В БАКТЕРИАЛЬНЫХ АТФ- СИНТАЗАХ F-ТИПА

Зубарева В.М.<sup>1\*</sup>, Фенюк Б.А.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Факультет биоинженерии и биоинформатики,  
МГУ имени М.В.Ломоносова, Москва, Россия

<sup>2</sup> НИИ ФХБ имени Белозерского МГУ имени  
М.В. Ломоносова, Москва, Россия

Роторные АТФ-синтазы присутствуют во внутренней мембране митохондрий, хлоропластов, а также в периплазматической мембранах эубактерий и архей. Все роторные АТФ-синтазы способны к сопряжению процессов синтеза/гидролиза АТФ с процессом трансмембранного переноса протонов или натрия. Соотношение  $H^+(Na^+)/ATP$  определяется числом субъединиц в составе гомоолигомера (с-кольцо) в мембранной части фермента, может варьировать от 2,67 до 5,67. Высокое соотношение ион/АТФ позволяет организму синтезировать АТФ в условиях низкого трансмембранного потенциала. Так некоторые виды бактерий могут сопрягать синтез АТФ с низкоэффективными реакциями. Поэтому стехиометрия с-кольца может отражать особенности жизнедеятельности бактерий.

Стехиометрия с-кольца является характеристикой фермента, заданной аминокислотной последовательностью субъединицы с, и не может изменяться под влиянием внешних условий. Однако на настоящий момент не существует алгоритма, который позволяет предсказать стехиометрию. Целью работы было изучение качества предсказания стехиометрии с-колец алгоритмами AlphaFold2. Стехиометрия кольца в ходе моделирования определялась исходя из числа субъединиц, которое удавалось вписать в радиус модели, или явно для тех случаев, в которых результатом моделирования являлось целое кольцо.

В ходе работы были смоделированы  $c_3$ - $c_{17}$  олигомеры для фермента *Acinetobacter baumannii*; оказалось, что алгоритм способен верно моделировать стехиометрию кольца для олигомеров  $c_3$ - $c_{10}$ , в то время как для олигомеров более высоких порядков во всех случаях моделируется стехиометрия, отличная от реальной ( $c_{10}$ ). В дальнейшем производилось моделирование  $c_7$ -олигомеров для всех организмов, для которых стехиометрия известна из эксперимента. Оказалось, что в половине случаев стехиометрия кольца предсказывается верно; в остальных случаях предсказанная стехиометрия отличалась от реальной на единицу и более. Вместе с этим, стоит отметить, что во всех случаях, кроме одного (*Euglena gracilis*) общая структура субъединицы  $c$  и кольца в целом была предсказана верно. Это позволяет заключить, что AlphaFold2 может использоваться в качестве предварительного инструмента для построения моделей колец, однако его нельзя использовать для определения их стехиометрии.

Работа поддержана Российским научным фондом (грант 20-14-00268-П).

Зубарева Валерия Михайловна, студент факультета биоинженерии и биоинформатики МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия.

Телефон: +7 (916) 103-54-90

E-mail: zubareva.valeriaa@gmail.com

### **31. УСПЕШНОСТЬ БАКТЕРИАЛЬНОЙ КОЛОНИЗАЦИИ РАСТЕНИЙ ЗАВИСИТ ОТ СТРУКТУРНЫХ ОСОБЕННОСТЕЙ О-ПОЛИСАХАРИДОВ**

*Бурыгин Г.Л.*

Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов, ФИЦ «Саратовский научный центр РАН», Саратов, Россия

Саратовский государственный университет генетики, биотехнологии и инженерии им.

Н.И. Вавилова, Саратов, Россия

Саратовский национальный исследовательский государственный университет им.

Н.Г. Чернышевского, Саратов, Россия

#### **Введение:**

Одним из важнейших параметров, влияющих на успешность колонизации ризосферными бактериями растений, является гидрофобность их клеточной поверхности. Для многих бактерий показано наличие в структуре поверхностных по-

лисахаридов нестехиометрического метилирования или ацетилирования, кодируемого генами профагов и влияющего на гидрофобности микробных клеток. Целью данной работы было изучение влияния модификаций О-полисахаридов ризобактерий на колонизацию корней растений.

#### **Ключевые слова:**

Ризосферные бактерии, растительно-микробные взаимодействия, профаги, О-полисахарид, метилирование, ацетилирование

#### **Материалы и методы:**

Были использованы штаммы *Azospirillum brasilense* Jm6B2, *Azospirillum soli* CC-LY788, *Azospirillum lipoferum* SR65, которые имеют нестехиометрически метилированные, ацетилированные и немодифицированные О-полисахариды клеточной поверхности соответственно. Химический состав бактериальных О-полисахаридов определяли с помощью газовой хроматографии и ядерно-магнитного резонанса. Гидрофобность клеток оценивали по их распределению в системе «гексадекан-вода». Прикрепление бактерий к корням мягкой пшеницы и картофеля определяли после 30 минут инкубации методами флуоресцентной микроскопии и подсчётом колониеобразующих единиц.

#### **Результаты:**

Для штаммов Jm6B2 и CC-LY788 (но не для штамма SR65) показано увеличение нестехиометрического содержания метильных и ацетильных групп в составе повторяющихся звеньев О-полисахаридов с 10% до 50-60% при увеличении времени культивирования. Эти изменения коррелировали с повышением в 2,0-2,5 раза индекса гидрофобности бактериальных клеток. При повышении гидрофобности количество прикрепившихся к корням бактериальных клеток увеличилось в 30-70 раз.

#### **Заключение:**

Гены профагов, кодирующие метилирование или ацетилирование полисахаридов клеточной поверхности ризосферных бактерий, вовлечены в процессы формирования растительно-микробного взаимодействия.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФ №22-26-00293.

Бурьгин Геннадий Леонидович, старший научный сотрудник лаборатории иммунохимии Института биохимии и физиологии растений и микроорганизмов, ФИЦ «Саратовский научный центр РАН», Саратов, Россия  
Телефон: +7 (927) 145-60-00  
E-mail: buryging1@gmail.com

### **32. ОБРАЗОВАНИЕ БИОГЕННЫХ СУЛЬФИДОВ ЖЕЛЕЗА И МЕДИ СНИЖАЕТ ИХ КОНЦЕНТРАЦИЮ В КИШЕЧНИКЕ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ И ЧЕЛОВЕКА**

*Иккерт О.П.<sup>1</sup>, Панова И.А.<sup>1</sup>, Щетинина Л.<sup>1</sup>,  
Ракитин А.В.<sup>1</sup>, Князев Ю.В.<sup>2</sup>, Карначук О.В.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> Томский государственный университет, Томск, Россия

<sup>2</sup> Институт физики им. Л.В. Киренского, ФИЦ КНЦ СО РАН, Красноярск, Россия

Биогенные сульфиды железа, включая пирит ( $\text{FeS}_2$ ), служат геохимическими маркерами активности сульфатредуцирующих бактерий (СРБ) в природных биотопах. СРБ, прежде всего представители группы *Desulfovibrionaceae*, также являются известными обитателями кишечника человека и животных. Их повышенное содержание, зафиксированное высокопроизводительным секвенированием ампликонов гена 16S рНК, отмечают при целом ряде патологий, не только связанных с желудочно-кишечным трактом, но и нейродегенеративных. Механизмы воздействия СРБ кишечника до сих пор остаются невыясненными. Одним из возможных действий сульфидогенов является осаждение металлов в бионедоступные кристаллические сульфиды, что может приводить к их дефициту в организме. Мы обнаружили нерастворимый кристаллический сульфид железа-меди, халькопирит ( $\text{CuFeS}_2$ ), в образцах фекалий сельскохозяйственных животных и компосте. Наибольшее количество образцов, содержащих кристаллические сульфиды меди-железа, халькопирит ( $\text{CuFeS}_2$ ) и вилламанинит ( $(\text{CuFe})\text{S}_2$ ), зарегистрировано у верблюдов (около 80% проб), характеризовавшихся активным процессом сульфатредукции в кишечнике. Целью настоящего исследования было выделение чистых культур СРБ из фекалий сельскохозяйственных животных и проверка возможности образования наноразмерных сульфидов железа-меди. Одновременно было исследовано образование кристаллитов *Desulfo-*

*vibrio desulfuricans* AY5, выделенным из пациента с расстройством аутистического спектра, и *Desulfovibrio (Nitratidesulfovibrio) vulgaris* L2, выделенным из отходов свинок комплекса.

Все изученные представители *Desulfovibrionaceae* образовывали халькопирит в модельных экспериментах. Также получены чистые культуры сульфидогенов, относящихся к *Desulfotomaculales* и представляющие два новых рода. Представители *Desulfotomaculales* наряду с халькопиритом образовывали ковеллит ( $\text{CuS}$ ). Наши результаты свидетельствуют об активности СРБ в кишечнике животных и человека, что может приводить не только к дефициту железа, но и меди.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019-2027 годы (Соглашение № 075-15-2021-1401 от 03 ноября 2021 года).

Иккерт Ольга Павловна, старший научный сотрудник лаборатории биохимии и молекулярной биологии Биологического института ФГАОУ ВО «Национальный исследовательский Томский государственный университет», Томск, Россия.  
Телефон: +7 (983) 238-53-98  
E-mail: but310@mail.ru

### **33. ДИНАМИКА ИЗМЕНЕНИЯ СОСТАВА МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА АКТИВНОГО ИЛА БИОРЕАКТОРА, УДАЛЯЮЩЕГО ФОСФАТ ИЗ СРЕДЫ**

*Груздев Е.В., Белецкий А.В., Пелевина А.В.,  
Пименов Н.В., Равин Н.В., Марданов А.В.*

ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия

Для удаления фосфора из сточных вод на очистных сооружениях широко применяются технология улучшенного биологического удаления фосфата (EBPR), основанная на использовании активного ила, обогащенного фосфат-аккумулирующими организмами (ФАО). За последние годы показана высокая эффективность использования в этой технологии гранулированного активного ила. Для моделирования данных процессов в лабораторных условиях применяются SBR биореакторы с циклической сменой режимов аэрации.

С помощью профилирования по гену 16S рНК проанализирована динамика изменения состава микробного сообщества активного ила в ходе

запуска и работы биореактора. На ранних этапах наблюдалось высокое микробное разнообразие с доминированием *Chloroflexota* и *Bacteroidota*, позднее происходила сукцессия сообщества. После выхода биореактора на режим стабильного удаления фосфора, в период 150–250 суток в активном иле происходило формирование двух типов агрегатов – белых и палевых. Белые агрегаты морфологически более однородны, с меньшим таксономическим разнообразием, чем палевые. На 250 сутки преобладающей группой в белых агрегатах были ФАО, доля *Candidatus Accumulibacter* составляла 37.8%. В палевых гранулах наиболее многочисленной группой были гликоген-аккумулирующие организмы (ГАО) рода *Candidatus Competibacter* (30.3%). К 400 суткам в активном иле остался только один тип агрегатов, схожий с белыми как морфологически, так по составу сообщества.

Проведено секвенирование метагеномов белых и палевых агрегатов. Представленность гена транспортера фосфатов *pit*, отличающего ФАО и ГАО, подтверждает, что в палевых агрегатах доминируют ГАО, тогда как в зрелых белых агрегатах – ФАО. В результате метагеномного анализа получены геномы потенциальных ФАО: *Sa. "Accumulibacter"*, *Azonexus*, *Zoogloea* из зрелых агрегатов, *Siculibacillus* из палевых агрегатов. Работа поддержана Российским научным фондом.

Груздев Евгений Владимирович, старший научный сотрудник лаборатории геномики микроорганизмов и метагеномики ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (964) 563-72-40

E-mail: gruevg@ya.ru

### **34. АЛКАН МОНООКСИГЕНАЗА ALKB1 ШТАММА *RHODOCOCCUS QINGSHENGII* X5 НЕ ОБЯЗАТЕЛЬНА ДЛЯ РОСТА НА АЛКАНАХ**

*К.В. Петриков, Л.И. Режепова,*

*И.Ю. Позднякова-Филатова*

ИБФМ им. Г.К. Скрыбина РАН — обособленное подразделение ФИЦ ПНЦБИ РАН, г. Пущино, Московская область, Россия

Микробное окисление углеводов распространено в природе, вносит существенный вклад в цикл углерода и находит практическое применение в технологиях биоремедиации. Ключевым

этапом для понимания бактериального метаболизма одного из наиболее распространённого класса углеводов - алканов - является изучение монооксигеназных систем, отвечающих за первичное окисление субстрата.

Объектом исследования был психротрофный штамм *Rhodococcus qingshengii* X5, в геноме которого обнаружено 5 гомологов генов *alkB*-типа. Ген алкан монооксигеназы *AlkB1* расположен в составе кластера, включающего гены других обязательных участников реакции гидроксирования: двух рубредоксинов и рубредоксин редуктазы, а также ген регуляторного белка. Такая локализация позволяет предположить, что продукт именно этого гена является одним из основных участников деградации алканов.

Для оценки его роли был получен мутантный штамм, содержащий безмаркерную делецию гена *alkB1*. Способность микроорганизмов потреблять различные алканы оценивали визуально после культивирования бактерий на жидкой минеральной среде.

При температуре 28°C штамм дикого типа был способен к росту на чётных n-алканах от C8 до C22, на смеси высших парафинов (C46-C48), на ундекане и на разветвлённом алкане - пристане. В фенотипе мутантного штамма отличий обнаружено не было.

При температуре 6°C штамм дикого типа не рос на пристане, в остальном спектр потребляемых субстратов сохранялся. У мутанта наблюдалось ослабление роста для многих субстратов, однако полностью способность к их потреблению нигде не пропадала.

Таким образом, очевидно, что продукт гена *alkB1* не является обязательным для окисления алканов. Вероятно, он играет существенную роль в метаболизме алканов при низких температурах. Но и в этом случае сохранение у мутанта базового фенотипа говорит о наличии других функционирующих в таких условиях алкан окисляющих систем. Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-24-00192

Петриков Кирилл Владимирович, старший научный сотрудник лаборатории биологии плазмид ИБФМ им. Г.К. Скрыбина РАН — обособленного подразделения ФИЦ ПНЦБИ РАН, г. Пущино, Московская область, Россия.

Телефон: +7 (906) 624-06-06

E-mail: bioscience.kp@gmail.com

### 35. ПРЕДОТВРАЩЕНИЕ БИОКОРРОЗИИ ПРОМЫШЛЕННЫХ МАТЕРИАЛОВ И ИСТОРИЧЕСКИХ АРТЕФАКТОВ В ЭКСТРЕМАЛЬНЫХ УСЛОВИЯХ

Г.Ю. Яковлева<sup>1</sup>, Е.А. Миронская<sup>1</sup>, М.П. Данилаев<sup>2</sup>,  
О.Н. Ильинская<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Казанский (Приволжский) федеральный университет

<sup>2</sup> Казанский национальный исследовательский технический университет им. А.Н. Туполева

Различные органические материалы, например, поликарбонат и полиметилметакрилат, используются для остекления транспортных средств, зданий и сооружений. Для защиты этих материалов от агрессивных внешних факторов, приводящих к истиранию и снижению прозрачности, одним из известных способов является нанесение различных покрытий. В природе, особенно в тропическом климате, покрытия подвергаются не только ультрафиолетовому излучению, влажности и высоким температурам, но и воздействию микроорганизмов. Также подвергаются биокоррозии и деревянные постройки в условиях континентального климата. Практически все синтетические и натуральные полимерные материалы теряют свои механические свойства под действием микроскопических грибов, споры которых оседают на поверхности и способны прорасти. Настоящее исследование отражает результаты поиска способов предотвращения биодеструктивных процессов, протекающих в естественной среде локализации памятников деревянного зодчества и промышленных материалов, то есть, полимеров синтетического и природного происхождения. Мы выбрали в качестве объектов исследования монолитный поликарбонат, монолитный полиметилметакрилат, и дерево, свежее и старое, относящееся к уникальному памятнику деревянного зодчества Поволжья – Троицкой церкви XVI века на острове Свяжск.

В качестве покрытия использовали лак на основе смеси линейных и циклических метилметоксиполисилоксанов, содержащих 10% винильных групп. Определение устойчивости образцов древесины, необработанных и обработанных лаками, проводили с использованием метода согласно ГОСТ 9.048-89. Сущность исследования заклю-

чалась в выдерживании образцов в условиях, оптимальных для прорастания спор, с последующей оценкой грибостойкости по степени развития грибного мицелия. Искусственно созданные в лаборатории условия, оптимальные для роста грибов, выявили особо активный деструктор – микромицет *Aspergillus niger*, широко встречающийся в окружающей среде, в частности, в почве. Для этого вида нами зарегистрирован нами высокий уровень биосинтеза органических кислот, которые вносят вклад в разрушение различных материалов. Установлено, что использование полисилоксанового лака снижет степень обрастания образцов оргстекла и фрагментов дерева микромицетами примерно на порядок по сравнению с необработанными лаком образцами. Полученные результаты позволяют рекомендовать использование полисилоксановых покрытий для сохранения как промышленных материалов, так и особо важных фрагментов деревянных артефактов.

Исследование выполнено в рамках программы Приоритет-2030 и поддержано грантом РФФ № 22-24-00036.

Яковлева Галина Юрьевна, доцент кафедры микробиологии ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский) федеральный университет», Казань, Россия. Телефон: +7 (917) 297-49-07  
E-mail: yakovleva\_galina@mail.ru

### 36. ВЛИЯНИЕ ЭКСПРЕССИИ МУТАНТНЫХ ГЕНОВ РЕПРЕССОРА KSTR НА ПОТРЕБЛЕНИЕ СТЕРИНОВ АКТИНОБАКТЕРИЯМИ *M. SMEGMATIS*

Карпов М.В.<sup>1</sup>, Брагин Е.Ю.<sup>1</sup>, Сафаргалеева А.В.<sup>2</sup>,  
Донова М.В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, ФИЦ Пущинский Научный центр биологических исследований РАН, Пущино

<sup>2</sup> Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Москва

Способность сапротрофных актинобактерий к окислению стеринов используется для получения стероидных субстанций и их интермедиатов. Напротив, способность к поглощению холестерина патогенными микобактериями определяет их вирулентные свойства. Катаболизм стеринов у актинобактерий обеспечивается комплексом ферментов, синтез которых находится под контро-

лем регуляторного фактора KstR. Он представляет собой гомодимерный белок-репрессор, ассоциированный с операторным сайтом промотора контролируемого гена. Связывание эффектора в активном центре KstR приводит к снятию репрессии. Индукторами экспрессии являются ближайшие продукты окисления стероидов. Актуальным остается изучение механизмов взаимодействия «лиганд-репрессор-ДНК» в системе KstR-регуляции. Целью настоящего исследования явилось изучение скорости утилизации холестерина в культурах актинобактерий *Mycolicibacterium smegmatis*, экспрессирующих варианты гена репрессора KstR с мутациями в сайте связывания эффектора.

С хромосомной матрицы *M. smegmatis* mc<sup>2</sup>155 был амплифицирован участок ДНК, включающий ген *kstR*. Сайт-направленным мутагенезом были введены нуклеотидные замены в области активного центра лиганд-связывающего домена KstR. Экспрессию вариантов *kstR* в клетках *M. smegmatis* mc<sup>2</sup>155 осуществляли с помощью *kstR*-нативного или высокоэффективного ацетамидазного промоторов. Бактерии выращивали в присутствии 0,5 мМ (193 мг/л) холестерина и 2,5 мМ метил-β-циклодекстрина. Время полной утилизации субстрата для родительского и экспрессирующего *kstR* штамма не различались. Увеличение времени полного потребления субстрата (в 1,5-2 раза) наблюдалось при экспрессии мутантного *kstR* с аминокислотной заменой F97W. Сверхэкспрессия *kstR* дикого типа или F97W-мутанта позволяла увеличить время присутствия холестерина в среде как минимум в 2 и 6 раз соответственно.

Полученные результаты важны для разработки антимикобактериальных агентов и открывают перспективы для создания бактерий-продуцентов модифицированных стероидов.

Работа поддержана Российским Научным Фондом (проект РНФ 21-64-00024).

Карпов Михаил Владимирович, младший научный сотрудник. Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, ФИЦ Пущинский Научный центр биологических исследований РАН, Пущино, Россия  
Телефон: +7 (929) 552-67-22  
E-mail: mikhail.v.karpov@mail.ru

### 37. МИКРОБИОЛОГИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ПРИБРЕЖНОЙ АКВАТОРИИ КРЫМА В ВЕСЕННЕ-ЛЕТНИЙ ПЕРИОД (ПО МАТЕРИАЛАМ 121 И 122 РЕЙСОВ НИС «ПРОФЕССОР ВОДЯНИЦКИЙ»)

Дорошенко Ю.В., Бурдиян Н.В.

ФГБУН ФИЦ «Институт биологии южных морей имени А.О. Ковалевского РАН»

Изучение закономерностей количественного распространения физиологических групп бактерий в морской среде традиционно входит в комплекс исследований по оценке экологического состояния прибрежных экосистем.

Материалом для работы послужили 21 проба морской воды с поверхностного горизонта, отобранных в прибрежной акватории черноморского побережья Крыма в апреле-мае 2022 г., а также 12 проб воды с поверхностного горизонта и 12 проб донных отложений, отобранных в июне-июле 2022 г. Определение численности исследуемых групп бактерий проводили методом предельных десятикратных разведений с использованием селективных питательных сред.

Получены данные о численности и пространственном распределении гетеротрофных и углеводородокисляющих бактерий в прибрежной акватории черноморского побережья Крыма в весенний период. Численность гетеротрофных бактерий в поверхностном слое колебалась от 10<sup>2</sup> до 10<sup>6</sup> кл./мл. Углеводородокисляющие бактерии высеяны из всех проб воды в диапазоне от 1 до 45 кл./мл. Наибольшая численность этой группы отмечена в районе Алупки, пос. Морской и б. Двужорной. Численность липолитических бактерий варьировала от 10 до 10<sup>3</sup> кл./мл.

В летний период численность гетеротрофных бактерий в поверхностном горизонте водного столба колебалась в пределах 10<sup>3</sup>-10<sup>4</sup> кл./мл, сахаролитических бактерий: 10<sup>2</sup>-10<sup>4</sup> кл./мл, липолитических бактерий: 10-10<sup>3</sup> кл./мл, углеводородокисляющих бактерий: от 1 до 100 кл./мл. Наибольшие показатели углеводородокисляющих бактерий выявлены в центральной части б. Коктебель и вдоль Карадагского хребта.

В донных отложениях число гетеротрофных бактерий колебалось в пределах 10<sup>3</sup>-10<sup>6</sup> кл./г, сахаролитических бактерий: 10<sup>3</sup>-10<sup>6</sup> кл./г, липолитических бактерий: 10-10<sup>4</sup> кл./г, углеводородокисляющих бактерий от 10 до 100 кл./г (высеялись в 83 % проб).



В донных отложениях наибольшая концентрация углеводородокисляющих бактерий отмечена на траверзе посёлка Курортное и мористее. Сульфатредуцирующие и тионовые бактерии выделены в грунтах во всех пробах. Сульфатредуцирующие бактерии составляли от 2 до 450 кл./г., тионовые: от 1 до 95 кл./г.

На самых близких к берегу станциях (траверза посёлков Курортное и Коктебель) отмечено преобладание восстановительных процессов над окислительными, что свидетельствует о нарушении процессов самоочищения на данных участках.

Для группы углеводородокисляющих бактерий отмечен широкий диапазон численности, обусловленный микрзоональным распределением, как правило, зависящим от гидрологических условий акваторий и от распределения самого субстрата – углеводов.

Работа выполнена в рамках государственного задания ФИЦ ИнБЮМ №121031500515-8.

Дорошенко Юлия Валерьевна, научный сотрудник лаборатории хемэкологии отдела радиационной и химической биологии ФГБУН ФИЦ «Институт биологии южных морей имени А. О. Ковалевского РАН», Севастополь, Россия  
Телефон: +7 (978) 789-15-59  
E-mail: julia\_doroshenko@mail.ru

### **38. ЖИЗНЬ НА ТЕРМОДИНАМИЧЕСКОМ ПРЕДЕЛЕ: СИНТРОФИЯ В МЕТАНОГЕННОМ РАЗРУШЕНИИ СУКЦИНАТА И УГЛЕВОДОРОДОВ**

*Галушко Александр Сергеевич*

ФГБНУ Агрофизический научно-исследовательский институт

Метаногенное разложение органического вещества в анаэробных условиях происходит в результате взаимодействия нескольких микроорганизмов с разными физиолого – биохимическими свойствами. При этом разрушение некоторых промежуточных продуктов разложения сложного органического вещества определяется термодинамическими законами и может происходить только тогда, когда один из микроорганизмов создает условия, при которых метаболизм промежуточного продукта становится термодинамически возможным. Очень часто регулятором такого взаимодействия, называемого синтрофным, является водород и/или формат. К настоящему времени накоплен боль-

шой объем знаний о синтрофном разложении многих промежуточных продуктов разложения сложного органического вещества. Однако, еще мало информации о биоэнергетических особенностях синтрофного разложения углеводов, фактически не исследован вопрос синтрофного разложения сукцината, используемого в качестве единственного источника углерода и энергии для роста микроорганизмов.

В результате проведенных исследований было получено несколько культур, осуществляющие метаногенное разрушение насыщенных и ароматических углеводов, сукцината. Измерение динамики содержания водорода в процессе метаногенного разрушения этих субстратов позволило оценить биоэнергетические особенности исследуемых процессов.

Таким образом, впервые показано метаногенное разрушение сукцината. Получены новые данные о термодинамических особенностях метаногенного разрушения углеводов.

Галушко Александр Сергеевич, ведущий научный сотрудник сектора экологической микробиологии ФГБНУ Агрофизический научно-исследовательский институт, Санкт-Петербург, Россия.  
Телефон: +7 (931) 349-38-24  
E-mail: galushkoas@inbox.ru

### **39. ЛОКАЛИЗАЦИЯ АНТИМИКРОБНЫХ СОЕДИНЕНИЙ В КЛЕТКАХ LACTOBACILLUS BREVIS**

*Сидорова Н.А., Савушкин А.И.*

ФГБОУ ВО «Петрозаводский государственный университет»

Одной из распространенных форм взаимоотношений микроорганизмов в природе является антагонизм, при котором бактерии одного вида угнетают жизнедеятельность других видов. Известно, что выраженной антагонистической активностью обладают молочнокислые бактерии, в том числе и мезофильные штаммы рода *Lactobacillus* spp. Для изучения локализации антимикробных соединений использован вид молочнокислых бактерий - *Lactobacillus brevis* 2kGv, выделенный из эпифитной микрофлоры растений. Таксономическая принадлежность исследуемых микроорганизмов выполнена на основе сравнительного анализа нуклеотидных последовательностей генов, кодирующих 16S рРНК с аналогичными последователь-

#### 40. ИЗУЧЕНИЕ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКОГО ПОРАЖЕНИЯ ИКОНЫ «ДЕИСУС ИЗ 13 ФИГУР» ИЗ ГОСУДАРСТВЕННОЙ ТРЕТЬЯКОВСКОЙ ГАЛЕРЕИ

Манагарова О.Д.<sup>1,2</sup>, Авданина Д.А.<sup>1</sup>,  
Колганова Т.В.<sup>1</sup>, Воробьева О.Б.<sup>3</sup>, Шитов М.В.<sup>3</sup>,  
Жгун А.А.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ Биотехнологии РАН, институт  
Биоинженерии им. К.Г. Скрыбина, г. Москва,  
Проспект 60-ти летия Октября, 7/1

<sup>2</sup> ФГБОУ ВО «РосБиоТех», г. Москва,

<sup>3</sup> Государственная Третьяковская галерея,  
г. Москва, Лаврушинский переулок, 10

Изучение причин биопоражений на объектах культурного наследия и идентификация организмов, их вызывающих, открывает возможность для разработки методов защиты и борьбы с разрушающими факторами. Так, широко распространенные плесневые грибы могут приводить к разрушению материалов, из которых созданы произведения живописи. В этой связи идентификация конкретных микроорганизмов, приведших к биодеструкции, открывает возможность для подбора необходимых средств для борьбы с ними и создания стратегии по предотвращению повторного заражения.

Ключевые слова: темперная живопись, иконопись, плесневые грибы, бактерии, микробиом картин, объекты культурного наследия.

С иконы "Деисус из 13 фигур" 16-го века, находящейся в отделе научной реставрации темперной живописи Государственной Третьяковской галереи и имеющей видимые участки деструкции (предположительно – биопоражения) отобрали 15 микробиологических проб, в проблемных зонах и контрольных областях. Аликвоты отобранных проб инокулировали на агаризованные питательные среды 6-ти типов. Для выросших культур грибов и бактерий провели макро- и микроморфологический анализ. В ходе световой микроскопии после культивирования 15-ти исходных проб выявили 4 грибных и 8 бактериальных заражений. Также провели ПЦР-диагностику их гДНК с помощью праймеров, амплифицирующих участки рДНК грибов (ITS1/ITS2) и бактерий (V3/V4). Оказалось, что бактериальные культуры содержали *Bacillus* sp., а все грибные поражения вызваны микроскопическим грибом аскомицетом *Iodophanus testaceus*, для которого ранее была описана способность к деструкции ряда материалов. Для того

ностями из международных баз данных (GenBank; Ribosomal Database Project). Антагонистическую активность *L. brevis* 2kGv оценивали с использованием клеточных культур, бесклеточной культуральной среды и лизатов клеток лактобактерий. Бесклеточную культуральную среду готовили из ночной культуры, выращенной в MRS бульоне. Клетки осаждали на центрифуге SIGMA 1-15P при 3000 об/мин в течение 10 минут. Супернатанты обрабатывали NaOH и фильтровали через мембранные фильтры MF-Millipore (диаметр пор 0.22 мкм). Для получения лизатов клеток использовали 70 % изопропанол и 0.1% трифторуксусную кислоту. Клеточную стенку удаляли при центрифугировании 5000 об/мин в течение 15 минут. Наиболее выраженный антагонизм в отношении тест-культуры *Ps. fluorescens* обнаружен в случае использования протопласта. Вероятно, это связано с тем, что антимикробным соединениям *L. brevis* не надо преодолевать барьер в виде клеточной стенки, за счет чего и увеличивается описанный эффект.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 322-23 (Соглашение № 23-16-20026), проводимого совместно с Республикой Карелия с финансированием из Фонда венчурных инвестиций Республики Карелия (ФВИ РК).

Сидорова Наталья Анатольевна, доцент кафедры зоологии и экологии Института биологии, экологии и агротехнологий Петрозаводского госуниверситета, Петрозаводск, Россия.

Телефон: +7 (963) 747-98-27

E-mail: fagafon@yandex.ru

чтобы определить возможность *I. testaceus* разрушать лакокрасочные материалы на иконе "Деисус из 13 фигур" в реставрационной мастерской Третьяковской галереи изготовили макеты с органическими материалами, использованными при создании этой иконы. На макеты инокулировали аликоты культур с *I. testaceus*. Культивировали 40 сут, 26°C. В итоге на макетах распространилось биопоражение, по симптоматике сходное с процессами, наблюдаемыми на оригинальной иконе. В нашей работе установлено, что основной агент, приведший к поражению иконы "Деисус из 13 фигур" 16-го века, является микроскопический гриб *I. testaceus*. Эти знания важны для дальнейшей реставрации иконы с целью использования таргетированного антисептика и формулировки условий дальнейшей консервации иконы.

Манагарова Оливия Дмитриевна, студент 4 курса Российского Биотехнологического Университета (РосБиоТех), Москва, Россия.

Телефон: +7 (926) 256-10-92

E-mail: managaroliv@yandex.ru

#### 41. ФЕКАЛЬНЫЙ МИРОБИОМ АБОРИГЕННЫХ НОМАДНЫХ ЖИВОТНЫХ БАЙКАЛЬСКОГО РЕГИОНА

Лаврентьева Е.В.<sup>1</sup>, Банзаракцаева Т.Г.<sup>1</sup>, Козырева Л.П.<sup>1</sup>, Данилова Э.В.<sup>1</sup>, Цыренова Д.Д.<sup>1</sup>, Дамбаев В.Б.<sup>1</sup>, Бурюхаев С.П.<sup>1</sup>, Абидуева Е.Ю.<sup>1</sup>, Бегматов Ш.А.<sup>2</sup>, Марданов А.В.<sup>2</sup>, Бархутова Д.Д.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФГБУН Институт общей и экспериментальной биологии СО РАН, Улан-Удэ

<sup>2</sup> ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН, Москва

Микробные сообщества различных жвачных животных в настоящее время являются предметом изучения в связи с развитием новых представлений о роли всей микробной популяции и отдельных сообществ в ее составе у животных-хозяев. Проведенные ранее исследования различных представителей жвачных позволили выявить, что состав кишечного микробиома может зависеть от многих факторов - генотипа животных, рациона и режима питания, условий окружающей среды, географии и др. На территории Байкальского региона распространены аборигенные виды сельскохозяйственных животных – грубошерстная бурятская овца буубей, забайкальский верблюд, як бурятской популяции, тофаларские олени. Эти животные

приспособлены к круглогодичному содержанию на пастбищах. Таксономический состав и разнообразие фекальной микробиоты номадных животных Байкальского региона исследуется впервые.

Были проанализированы свежие фекалии у 20 тофаларских оленей, 23 яков бурятской популяции, 29 бурятских овец буубей и 24 забайкальских верблюдов, свободно пасущихся на территории Бурятии и Забайкальского края. С использованием высокопроизводительного профилирования генов 16S рРНК было показано, что фекальная микробиота номадных животных представлена филумами *Firmicutes*, *Bacteroidota* и *Verrucomicrobiota*. Представители этих филумов присутствовали во всех образцах, составляя в совокупности более 88% от состава микробного сообщества, и варьировали в зависимости от вида хозяина. На уровне рода были обнаружены незначительные различия между изученными группами животных. Основными доминирующими таксонами у всех четырех групп животных были некультивируемые линии *Firmicutes* UCG-005 и UCG-010 на уровне семейства, идентифицированные в образцах фекалий животных, которые принадлежат *Oscillospirales* типа *Firmicutes* и являются облигатными анаэробами.

Исследование рациона питания, проведенное методом сопоставления результатов кутикулярного анализа фекалий животных и геоботанических описаний пастбищных растений, выявило различия в пищевых предпочтениях номадных животных.

Наше исследование показало, что таксономия хозяина и, в меньшей степени, место обитания и рацион питания определили разнообразие фекальной микробиоты у изученных жвачных номадных животных.

#### Ключевые слова:

Фекалии, микробиом, номадные животные, Бурятия, Забайкальский край

Работа выполнена при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019-2027 гг. (Соглашение № 075-15-2021-1401 от 3 ноября 2021 г., руководитель проекта Карначук О.В., д-р биол. наук).

Бархутова Дарима Дондоковна, заведующий лабораторией микробиологии ИОЭБ СО РАН, г. Улан-Удэ, Россия

Телефон: +7 (983) 450-79-69

E-mail: darima\_bar@mail.ru

## 42. ДРОЖЖЕВАЯ МИКРОФЛОРА ОСЕТИНСКИХ СЫРОВ, ПРОИЗВЕДЕННЫХ В ГОРНЫХ И ПРЕДГОРНЫХ РАЙОНАХ СЕВЕРНОЙ ОСЕТИИ

А.Ю. Туаева<sup>1</sup>, Г.С. Качмазов<sup>2</sup>, Е.С. Наумова<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФГБУ Национальный исследовательский центр «Курчатовский институт» «Курчатовский комплекс генетических исследований», Москва, 123098

<sup>2</sup> ФГБОУ ВО Северо-Осетинский государственный университет им. К.Л. Хетагурова, Владикавказ, 362025

Осетинский сыр, относящийся к рассольным полутвердым сырам, является национальным продуктом Северной Осетии. Наибольшей аутентичностью отличаются сыры, произведенные в горных и предгорных районах республики, что связано с сохранившимися традициями его изготовления, особенностями разнотравья альпийских пастбищ, породными особенностями горного скота и специфической микрофлорой. Органолептические свойства осетинского сыра зависят от множества факторов, включая качество сырого молока и микробиологический состав закваски, которую готовят из высушенного говяжьего желудка.

Мы изучили особенности дрожжевой микрофлоры на разных этапах производства осетинского сыра (молоко, подсырная сыворотка, рассол, закваска и сыр **различной степени зрелости**) в разных регионах Северной Осетии. Пробы отбирались в 17 точках Северной Осетии: на высоте 130–2035 м над уровнем моря. **Видовую принадлежность дрожжей определяли с помощью секвенирования** домена D1/D2 26S рДНК.

Из 71 образца выделено 179 изолятов, отнесенных к 8 родам и 12 видам: *Debaryomyces hansenii*, *Kazachstania unisporea*, *Kluyveromyces* (*K. lactis*, *K. marxianus*), *Pichia* (*P. kudriavzevii*, *P. fermentans*, *P. membranifaciens*), *Saccharomyces cerevisiae*, *Torulasporea delbrueckii*, *Candida* (*C. zeylanoides*, *C. parapsilosis*) и *Clavispora lusitaniae*. Состав дрожжевой микрофлоры зависел от источника выделе-

ния. Наибольшее видовое разнообразие выявлено в закваске и сырах, а наименьшее в молоке и сыворотке.

В сыворотке, как и в молоке, доминирующими видами оказались *P. fermentans* и *K. marxianus*. С другой стороны, *K. lactis* и *D. hansenii* преобладали в рассолах, концентрация соли в которых составляет 20%. В закваске и сыре доминировали утилизирующую лактозу (Lac<sup>+</sup>) дрожжи *K. lactis* и *D. hansenii*, а также Lac<sup>-</sup> дрожжи *S. cerevisiae* и *P. kudriavzevii*.

По-видимому, присутствие указанных видов оказывает наибольшее влияние на органолептические показатели осетинского сыра. Предстоит изучение биотехнологических особенностей доминирующих видов дрожжей.

Туаева Альбина Юрьевна, аспирант 1 года обучения, ФГБУ Национальный исследовательский центр «Курчатовский институт» «Курчатовский комплекс генетических исследований», Москва, Россия.

Телефон: +7 (918) 704-57-90

E-mail: tuaeva\_97@bk.ru

## 43. ГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКОЙ ПРИВЛЕКАТЕЛЬНОСТИ РИЗОСФЕРНОГО ШТАММА *ACHROMOBACTER INSOLITUS* LCU2

Е.В. Крючкова<sup>1</sup>, А.А. Нешко<sup>1</sup>, Н.Е. Гоголева<sup>2,3</sup>,  
А.С. Балкин<sup>2</sup>, В.И. Сафронова<sup>4</sup>,  
К.Ю. Каргополова<sup>5</sup>, Е.И. Шагимарданова<sup>6</sup>,  
Ю.В. Гоголев<sup>3,6</sup>, Г.Л. Бурьгин<sup>1,5</sup>

<sup>1</sup> Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов ФИЦ СНИЦ РАН

<sup>2</sup> Институт клеточного и внутриклеточного симбиоза УрО РАН

<sup>3</sup> Казанский институт биохимии и биофизики ФИЦ КазНЦ РАН

<sup>4</sup> Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии

<sup>5</sup> Саратовский государственный университет генетики, биотехнологии и инженерии имени Н.И. Вавилова

<sup>6</sup> Казанский федеральный университет

Предсказание бактериального метаболизма на основе полногеномных данных является неотъемлемой частью исследований современной микробиологии. Особенно важно иметь представление

о метаболическом потенциале биотехнологически перспективных бактерий. В данной работе мы исследовали устойчивость *A. insolitus* LCu2 к меди Cu(II), гербицидному препарату на основе глифосата (ГЛ), глифосат-металлическим комплексам [ГЛ-Cu(II)]. Кроме того, мы провели геномный анализ выявления генов, отвечающих за стимулирование роста и развития растений (pgr), устойчивость и деструктивную активность к комплексным загрязнениям.

Геном *A. insolitus* LCu2 содержал гены, отражающие pgr потенциал и ответственные за биосинтез: *осмолитов*; *сидерофоров*; *1-аминоклопропан-1-карбоксилат дезаминазы*; *а также метаболизм ауксина*. PGP свойства *A. insolitus* LCu2 демонстрировал как в чистом эксперименте, так и в присутствии комплексных загрязнений [ГЛ-Cu(II)], существенно снижая токсическую нагрузку последних. Избыточное количество в геноме *rhn* генных кластеров, участвующих в транспорте и метаболизме органофосфонатов, потенциально говорит о способности *A. insolitus* LCu2 катаболизировать структурно-разные соединения этого класса. Выявлены две системы устойчивости к меди: *SorAB-CusO* отвечающая за транспорт и окисление меди в периплазме, а также *эффлюксная Cus помпа*, *экстрадирующая медь и другие металлы из клетки*. Полученные данные полезно учитывать при отборе бактериальных штаммов, используемых для восстановления деградированных сельскохозяйственных почв. Непосредственно *A. insolitus* LCu2 может быть использован как ростостимулирующий агент, а также в качестве партнёра растительно-бактериальных ассоциаций для фиторемедиации загрязнённых [ГЛ-Cu(II)] комплексами территорий.

Крючкова Елена Владимировна, младший научный сотрудник лаборатории экологической биотехнологии Института биохимии и физиологии растений и микроорганизмов ФИЦ СНЦ РАН, Сатуратов, Россия.

Телефон: +7 (903) 329-43-72

E-mail: kryu-lena@yandex.ru

#### 44. PARASALMO MYKISS, КАК БИОТИЧЕСКИЙ РЕЗЕРВУАР ВОЗБУДИТЕЛЕЙ БАКТЕРИОЗОВ И МЕТОДЫ ИХ ЭКСПРЕСС-ДИАГНОСТИКИ

*Риккинен Андрей Дмитриевич*

ФГБОУ ВО «Петрозаводский государственный университет»

Изучение бактериозов рыб, с позиции экологической классификации сапронозов по резервуарам возбудителей инфекций, остается актуальным вопросом. Основной риск связан с распространением протеобактерий, устойчивых к антибиотикам и абиотическим факторам среды. На примере возбудителей бактериозов *Parasalmo mykiss*, с помощью методов экспресс-диагностики, основанных на реакции агглютинации, возможно определение этиологии бактериозов и уточнение биотических резервуаров протеобактерий. В качестве модельного объекта предлагается использовать *g* протеобактерии семейства Pseudomonadaceae, которые могут вызывать инфекционные заболевания. У тепловодных и холодноводных рыб бактериозы связаны с распространением *Ps. fluorescens*, *Ps. putida*, *Ps. intestinalis* и других видов псевдомонад. Обильный рост псевдомонад отмечен в посевах крови и паренхиматозных органов *P. mykiss*. Для постановки реакции агглютинации необходимо использовать чистые культуры возбудителя, идентифицированные по фенотипическим и генотипическим признакам и сыворотку крови исследуемого организма.

Исследования этиологии бактериозов *P. mykiss* и модификация методов экспресс-диагностики необходимы для выявления биотических резервуаров протеобактерий и для создания диагностических препаратов на основе антител к антигенам псевдомонад.

Исследование выполнено при поддержке гранта Российского научного фонда № 322-23 (Соглашение № 23-16-20026), проводимого совместно с Республикой Карелия с финансированием из Фонда венчурных инвестиций Республики Карелия (ФВИ РК).

Риккинен Андрей Дмитриевич, студент III курса института Биологии, экологии и агротехнологий, направления подготовки «Биология» (06.03.01) ФГБОУ ВО Петрозаводский государственный университет, Петрозаводск, Россия.

Телефон: +7 (911) 668-09-08

E-mail: So4ka22@gmail.com

#### 45. ИССЛЕДОВАНИЕ АРХЕЙ ГЛУБОКИХ ЛИНИЙ, ДОМИНИРУЮЩИХ В КИСЛЫХ ГОРЯЧИХ ИСТОЧНИКАХ.

Кочеткова Т.В., Карасева А.И., Прокофьева М.И.,  
Туленков А.С., Кубланов И.В., Ключкина А.А.,  
Ельченинов А.Г.

Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского,  
ФИЦ Биотехнологии РАН

Горячие источники с pH 2.0-6.0 и температурами от 50°C до 100°C являются характерной особенностью гидротермальных экосистем, связанных с вулканической активностью. Доминирующими организмами в таких биотопах являются термофильные археи, причем большинство из них пока остаются «некультивируемыми» и известны только по участкам гена 16S рРНК или метагеномной ДНК.

В осадках горячих кислых источников Камчатки, согласно профилированию микробных сообществ с использованием NGS, представлено большое разнообразие архей. Среди представителей филума *Thermoproteota* (согласно базе GTDB <https://gtdb.ecogenomic.org/>) в таких условиях наиболее часто встречаются археи класса *Thermoprotei* (представители порядков *Conexivisphaerales*, *Thermoproteales*, *Sulfolobales* и ‘*Ca. Marsarchaeales*’), ‘*Ca. Korarchaeia*’ и ‘*Ca. Bathyarchaeia*’, а также паразитические археи *Nanoarchaeota*. В кислых источниках с умеренными температурами (до 70°C) доминируют археи глубокой линии внутри филума *Thermoplasmata*, не имеющей пока культивируемых организмов (группа A10). В ходе работы нам удалось существенно продвинуться в исследовании некоторых из вышеупомянутых групп. Так, с помощью подбора селективных условий мы выделили в чистые культуры первых представителей порядка ‘*Ca. Marsarchaeales*’, а также получили и проанализировали их геномы. Кроме того, на основании метагеномного анализа микробиомов горячих источников были подобраны условия для культивирования архей группы A10. Впоследствии были получены несколько устойчивых накопительных культур с высокой долей представителей этой группы. Археи ‘*Ca. Marsarchaeales*’ и A10 обитают в близких по физико-химическим параметрам условиях и могут составлять в сумме до 85% от общего состава сообщества осадков горячих источников, являясь основными структурными компонентами сообщества. На основании микробиологических исследований культур архей,

а также анализа (композитных) геномов было показано, что данные археи являются анаэробами-деструкторами, медленно разлагающими углеводные субстраты, накапливающиеся как в процессе жизнедеятельности автотрофных термофильных прокариот (в основном, бактерий), обитающих в воде источников, так и за счет занесения биоматериала высших растений извне.

Работа выполнена за счет средств гранта РФФИ № 23-14-00312.

Кочеткова Татьяна Вячеславовна, старший научный сотрудник лаборатории Метаболизма экстремофильных прокариот Института микробиологии им. С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон : +7 (926) 610-32-45

Email: kochetkova.tatiana.v@gmail.com

#### 46. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ РАЗЛИЧНЫХ ИСТОЧНИКОВ УГЛЕРОДА ФОСФАТ-АККУМУЛИРУЮЩИМ МИКРОБНЫМ СООБЩЕСТВОМ ЛАБОРАТОРНОГО РЕАКТОРА

А.В. Пелевина, Ю.Ю. Берестовская, В.А. Грачёв,  
А.Г. Дорофеев, Е.В. Груздев, Н.В. Равин,  
Н.В. Пименов, А.В. Марданов

ФИЦ Биотехнологии РАН, Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского РАН,  
117312 Российская Федерация, г. Москва, пр-т 60-летия Октября, д. 7, корп. 2.

Фосфат-аккумулярующие организмы (ФАО) – физиологическая группа микроорганизмов с циклическим типом метаболизма, отвечающая за очистку сточных вод от фосфора в очистных сооружениях. Основными источниками углерода для них считаются ацетат и пропионат. Однако результаты ряда исследований свидетельствуют о том, что эти бактерии способны использовать более широкий спектр органических соединений. Целью исследования было определить спектр органических веществ, которые могут использовать ФАО в качестве дополнительных источников углерода.

В работе использовали обогащенное ФАО микробное сообщество, которое было получено в течение длительного культивирования в реакторе последовательно-периодического действия на ацетате в качестве субстрата. В составе сообщества доминировали ФАО – *Ca. Accumulibacter* (36,7%). В острых

опытах была прослежена динамика выделения/поглощения фосфора при смене анаэробных условий на аэробные. Добавление ацетата, пирувата, пропионата, бутирата, сукцината, аспарагиновой и глутаминовой кислот, аланина показало цикличность в выбросе фосфора в среду и дальнейшее его потреблении сообществом при смене анаэробных условий на аэробные. Удаление фосфора при потреблении ЛЖК было 60 – 90 %, аминокислот – 25 – 55%. Этанол и глюкоза не вызывали циклирования фосфатов.

Спектр доступных для ФАО субстратов необходимо учитывать при оценке роли этих организмов в естественных средах обитания и в технологических системах биологической очистки сточных вод от фосфора.

Работа финансировалась из средств РНФ № 21-64-00019

Пелевина Анна Витальевна, младший научный сотрудник лаборатории реликтовых микробных сообществ ФИЦ Биотехнологии РАН, Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (906) 712-24-17

E-mail: annie.pelevina@yandex.ru

#### **47. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ СИСТЕМЫ CRISPR/CAS9 ДЛЯ ИССЛЕДОВАНИЯ ФАКТОРОВ ТРАНСЛЯЦИИ У ДРОЖЖЕЙ *SACCHAROMYCES CEREVISIAE***

*А.Г. Матвеевко, А.С. Михайличенко,*

*Г.А. Журавлева*

Кафедра генетики и биотехнологии, Санкт-Петербургский государственный университет, г. Санкт-Петербург

#### **Введение:**

Нонсенс-супрессия, то есть способность прочитывать стоп-кодона как значимые в процессе трансляции, является важным явлением как для фундаментальных исследований, так и прикладных, так как значительная часть наследственных заболеваний связана с наличием преждевременных стоп-кодонов. Молекулярные механизмы, обуславливающие поддержание определенного уровня нонсенс-супрессии остаются во многом не изученными. Усиление нонсенс-супрессии в клетке может являться следствием нарушений в работе факторов терминации трансляции eRF1 и eRF3, однако и другие разнообразные факторы

также вовлечены в контроль точности терминации трансляции. Так например, мутации или изменения в уровне экспрессии фактора элонгации трансляции eEF1A также влияют на уровень нонсенс-супрессии. Дрожжи *Saccharomyces cerevisiae* являются удобным модельным объектом для изучения трансляции благодаря консервативности механизмов работы аппарата синтеза белка.

#### **Материалы и методы:**

В последнее время активно развиваются технологии редактирования генома. Благодаря высокой эффективности гомологичной рекомбинации, с помощью системы CRISPR/Cas9 можно осуществлять разнообразные манипуляции с геномом дрожжей. Мы разработали методику на основе CRISPR/Cas9 позволяющую вносить точковые мутации в жизненно-важные гены.

#### **Результаты:**

Полученную методику мы опробовали на примере мутации *sup35-25* в гене, кодирующем фактор терминации трансляции eRF3. Мы также создали систему, позволяющую с помощью CRISPR/Cas9 вносить практически любые изменения в ген *SUP35* и осуществили встраивание гена *GFP* в различные части рамки считывания *SUP35*. Также мы создали систему, позволяющую вносить случайные мутации в гены *TEF1* и *TEF2*, кодирующие фактор элонгации трансляции eEF1A. С её помощью нам удалось отобрать несколько ранее не описанных нелетальных мутаций в гене *TEF2*.

#### **Заключение:**

Таким образом использование CRISPR/Cas9 значительно помогает в исследованиях механизмов регуляции точности трансляции.

Работа поддержана грантом РНФ 23-14-00063.

Матвеевко Андрей Георгиевич, научный сотрудник кафедры Генетики и биотехнологии СПбГУ, Санкт-Петербург, Россия.

Телефон: +7 (911) 911-10-91

E-mail: a.matveenko@spbu.ru

#### **48. ВЫДЕЛЕНИЕ НОВЫХ ТЕРМОФИЛЬНЫХ ЦЕЛЛЮЛОЛИТИКОВ, ПОТЕНЦИАЛЬНЫХ СОСТАВЛЯЮЩИХ БИОПРЕПАРАТОВ ДЛЯ КОМПСТИРОВАНИЯ НАВОЗА.**

*А.В. Ракитин, А.П. Лукина, И.А. Панова, Л.Б. Глухова, М.Р. Авакян, О.В. Карначук*

Размещение и переработка отходов широкомаштабного производства сельскохозяйственных животных представляют серьезную проблему. Одним из путей переработки навоза животных служит компостирование с целью дальнейшего использования в качестве удобрений. Микроорганизмы, разлагающие полимеры – целлюлозу и лигнин, могут значительно ускорять процесс «созревания» компоста. В настоящее время недостаточно внимания уделяют проверке микроорганизмов-гидролитиков на отсутствие устойчивости к антибиотикам. Целью настоящего исследования было выделение бактерий, обладающих гидролитическими свойствами, из компоста (перегноя), а также микробиоты сельскохозяйственных животных, выращиваемых путем отгонно-пастбищного скотоводства и не получающих добавок антибиотиков и проверка их активности в условиях модельного полигона компостирования.

Из компоста (навоз) и фекалий коров породы Галловей и двугорбых верблюдов выделены термофильные целлюлолитические бактерии, относящиеся к семействам *Oscillospiraceae* (штамм 1324), *Thermoanaerobacteraceae* (штаммы 1250 и 1255), *Bacillaceae* (штамм 1268), и *Paenibacillaceae* (штамм 1281). Штаммы были выделены в чистую культуру и активно использовали микроструктурную целлюлозу и фильтровальную бумагу (Ватман №1) в качестве единственного источника органического вещества. В экспериментах по компостированию вносили отдельные культуры и консорциумы микроорганизмов в свежий навоз. Эффективность компостирования определяли путем анализа содержания целлюлозы до и после внесения бактерий. Целлюлозу определяли методом Геннеберга и Штомана (Методы определения содержания сырой клетчатки с применением промежуточной фильтрации. ГОСТ Р 52839 2007). Эксперименты на двух полигонах показали, что внесение культур снижало концентрацию целлюлозы с  $27.5 \pm 4.09$  до  $1.03 \pm 0.057$  % от сухого веса в течение месяца. Концентрация целлюлозы снижалась без внесения микроорганизмов до  $16.3 \pm 0.57$  в течение одного года, до  $6.0 \pm 0.5$  в течение

трех лет и  $5.33 \pm 0.57$  % от сухого веса навоза в течение 6 лет хранения в компостных кучах.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019-2027 годы (Соглашение № 075-15-2021-1401 от 03 ноября 2021 года).

Ракитин Анатолий Владимирович, доцент кафедры физиологии растений, биотехнологии и биоинформатики Национального исследовательского Томского государственного университета (НИ ТГУ), Томск, Россия.

Телефон: +7 (995) 533-41-13

E-mail: sibbotsad@gmail.com

#### **49. РАЗНООБРАЗИЕ ГРИБОВ ДОННЫХ ГРУНТОВ ГЛУБОКОВОДНОЙ ЗОНЫ ОЗЕРА БАЙКАЛ**

*Кураков А.В., Федорова М.Ф.*

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

Данных о видовом разнообразии грибной биоты в донных грунтах озер на больших глубинах крайне мало, и это касается и озера Байкал – крупнейшего по запасам воды, самого глубокого озера на нашей планете.

Целью работы было определение видового состава грибов донных грунтов глубоководной зоны о. Байкал.

Образцы грунтов отбирали с глубин в 350, 598, 650, 935 и 1200 м в ходе экспедиций Лимнологического института СО РАН. Выделение грибов проводили методом посева мелкоземом на питательные среды (сусло-агар, Сабуро) с цефалоспорином из свежих образцов и после их непродолжительного хранения при +5 °С. Грибы изолировали также с субстратов-приманок (стерильные древесные опилки, полоски фильтровальной бумаги, крахмал и агар-агар), которые помещали в образцы грунтов. Инкубировали посева и образцы с приманками в аэробных и анаэробных условиях при +7 °С. Штаммы идентифицировали по морфолого-культуральным признакам и молекулярно-генетически. Одновременно провели выявление состава грибов метабаркодингом ДНК из этих образцов методом высокопроизводительного секвенирования ITS1 и ITS2 участков рДНК.



Методом посева и приманок из грунтов глубоководной зоны изолировали 33 вида, 22 родов, 14 порядков, 7 классов и 2 отделов – Ascomycota и Basidiomycota. При аэробной инкубации посевов из грунтов выделено 27 видов, анаэробной – 7, причем из них 6 видов не было изолировано в аэробных условиях. С использованием субстратов-приманок был выделен только 1 вид, на крахмале. Применение метабаркодинга позволило обнаружить в этих же образцах значительно большее разнообразие грибов – 121 вид из 89 родов, 37 порядков, 21 класса и 6 отделов – Ascomycota, Basidiomycota, Mortierellomycota, Mucoromycota, Glomeromycota, Chytridiomycota. Подавляющее большинство грибных нуклеотидных последовательностей, включая все отделы Rozellomycota и Aphelidiomycota, не были идентифицированы до вида или рода. Всего 4 вида установлено как культуральными методами, так и метабаркодингом. Итак, в донных грунтах глубоководной зоны о. Байкал выявлено 150 видов грибов из 100 родов, 40 порядков, 21 класса и 6 отделов. Обнаружены различия в составе микобиты с увеличением глубины отбора грунтов. На основании данных о частоте выявления видов, росте субстрате, внесенном в грунт и сведений об их физиологических свойствах выявлено около 10 видов, которые могут функционировать в глубоководных отложениях озера Байкал. Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (соглашение 075-15-2021-1396).

## **50. ПОЛУЧЕНИЕ ЭНДОЛИЗИНОВ СТАФИЛОКОККОВЫХ БАКТЕРИОФАГОВ SA120 И STE134 И ИЗУЧЕНИЯ ИХ АКТИВНОСТИ**

*Голосова Н.Н., Козлова Ю.Н., Матвеев А.Л.,  
Морозова В.В., Тикунов А.Ю.*

Институт химической биологии  
и фундаментальной медицины СО РАН,  
Новосибирск

Появление и распространение бактерий с множественной резистентностью к антибиотикам привело к необходимости разработки новых антибактериальных средств. В качестве потенциальных антибактериальных агентов рассматривают эндолизины. Эндолизины – это фаговые ферменты, способные разрушать пептидогликаны клеточной стенки бактерий.

Представители рода *Staphylococcus* являются комменсалами кожных и слизистых покровов человека и животных, однако при ослаблении иммунитета способны вызывать ряд инфекционных заболеваний, лечение которых может осложняться образованием биопленок, резистентных к антибиотикам. В геномах ранее изолированных бактериофагов SA120 и Ste134 (сем. *Rountreeviridae*), обладающих литической активностью в отношении *Staphylococcus aureus* и *Staphylococcus epidermidis*, соответственно, были выявлены гены, кодирующие эндолизины LysSA120 и LysSte134. В ходе работы получены штаммы *E. coli* M15/pQE-60\_LysSA120 и *E. coli* M15/pQE-60\_LysSte134, продуцирующие эндолизины. Зимографический анализ свойств эндолизинов LysSA120 и LysSte134 показал наличие у белков гидролитической активности относительно пептидогликана клеточных стенок клинических штаммов бактерий рода *Staphylococcus* из Коллекции экстремофильных микроорганизмов и типовых культур ИХБФМ СО РАН. Среди них есть штаммы *S. aureus*, *S. haemolyticus*, *S. epidermidis*, обладающие антибиотикорезистентностью. Эксперименты на биопленках, сформированных стафилококками, показали способность LysSA120 и LysSte134 разрушать биопленки.

Таким образом, получены штаммы-продуценты рекомбинантных эндолизинов LysSA120 и LysSte134 и показан широкий спектр их пептидогликан-гидролизующей активности.

Исследования выполнены при поддержке Госзадания 0245-2022-0005 (№ 075-03-2022-371/4) ИХБФМ СО РАН

## 51. ПРОЦЕСС АНАЭРОБНОГО ОКИСЛЕНИЯ ДВУХВАЛЕНТНОГО ЖЕЛЕЗА В ВОДОНОСНЫХ ГОРИЗОНТАХ ЕССЕНТУКСКОГО МЕСТОРОЖДЕНИЯ МИНЕРАЛЬНЫХ ВОД

В.А. Пихтерева<sup>1,2\*</sup>, С.Н. Гаврилов<sup>1</sup>, А.А. Клюкина<sup>1</sup>,  
А.Ю. Меркель<sup>1</sup>, Н.Ю. Чистякова<sup>3</sup>, Д.И. Комлева<sup>3</sup>,  
Д.Г. Заварзина<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ Биотехнологии РАН, г. Москва,

<sup>2</sup> Биологический факультет МГУ им.

М.В. Ломоносова, <sup>3</sup>Физический факультет МГУ  
им. М.В. Ломоносова

Ессентукское месторождение минеральных вод (ЕММВ) отличается большим разнообразием физико-химических условий в водоносных горизонтах. Верхнемеловой горизонт (К<sub>2</sub>) характеризуется карбонатными высокоминерализованными термальными восстановленными водами, а воды нижнемелового горизонта (К<sub>1</sub>) - пресные и слабо-окисигенированные. Ранее, в метагеномах вод 6-ти скважин ЕММВ были обнаружены гены, ответственные за процесс анаэробного окисления Fe(II) (Zavarzina et. al., in press), важного для подземной биосферы, где Fe(II) может быть альтернативой H<sub>2</sub>. Целью работы являлся поиск функциональных групп микроорганизмов, ответственных за процессы анаэробного окисления Fe(II) в ЕММВ.

В качестве объекта исследования были выбраны воды 9й и 46й скважин. Первая вскрывает воды горизонта К<sub>1</sub> (Т 22°C, рН 7,9, минерализация 0,4 г/л), вторая – воды горизонта К<sub>2</sub> (Т 40,5°C, рН 6,6-6,8, минерализация 6,8 г/л). Из накопительных культур с магнетитом (Fe<sub>3</sub>O<sub>4</sub>) и синтезированным ферригидритом (5Fe<sub>2</sub>O<sub>3</sub>\*9H<sub>2</sub>O) были сделаны пересевы на среды, содержащие сидерит (FeCO<sub>3</sub>) в качестве единственного донора электронов. Филогенетическое профилирование культур выявило накопление бактерий родов *Bradyrhizobium* (скв 9) и *Ciceribacter* (скв 46) порядка *Hyphomicrobiales* до 76% и 97% прочтений гена 16S рНК соответственно. Изменения в составе сидерита, сопровождающиеся накоплением магнетита, были подтверждены методом Мессбауэровской спектроскопии. Дальнейшие опыты показали, что обе бактерии являются факультативными анаэробами и могут расти аэробно, сбраживая фруктозу, или литоавтотрофно с сидеритом. Физико-химические параметры роста обеих бактерий соответствуют условиям водоносных горизонтов: *Ciceribacter sp.*

развивается при температуре 37°C и рН 6,5-6,7; *Bradyrhizobium sp.* растёт при температуре 30°C и рН 8,0, являясь алкалотолерантом.

Таким образом, неожиданно, в глубинных водоносных горизонтах ЕММВ были обнаружены микроорганизмы, типичные для ризосферы, способные к росту в автотрофных анаэробных условиях с Fe(II) в качестве единственного донора электронов и CO<sub>2</sub> в качестве предполагаемого акцептора.

Пихтерева Валерия Александровна, м.н.с. ФИЦ Биотехнологии РАН

Телефон: +7 (915) 424-95-61

E-mail: pikhtereva.valeria@gmail.com

## 52. АРКТИЧЕСКИЙ ПЛАВУЧИЙ УНИВЕРСИТЕТ – НОВАЯ ПЛОЩАДКА ДЛЯ МОНИТОРИНГА И КОМПЛЕКСНОГО ИЗУЧЕНИЯ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ

Кашин А.С.<sup>1</sup>, Аксёнов А.С.<sup>1</sup>, Гончаров А.Е.<sup>2,3</sup>,  
Назаров П.А.<sup>4,5</sup>, Намсараев З.Б.<sup>6</sup>, Сабуров А.А.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Северный (Арктический) федеральный университет имени М.В. Ломоносова, Архангельск

<sup>2</sup> Институт экспериментальной медицины, Санкт-Петербург

<sup>3</sup> Северо-западный государственный университет им. И.И. Мечникова, Санкт-Петербург

<sup>4</sup> Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Москва

<sup>5</sup> Московский физико-технический институт, Москва

<sup>6</sup> НИЦ «Курчатовский институт», Москва

### Введение:

На фоне климатических изменений высокоширотная Арктика становится важнейшим полигоном для изучения микроорганизмов, играющих ключевую роль в сохранении местных экосистем, их потенциала, а также мониторингу распространения эмерджентных патогенов, в том числе бактерий с множественной лекарственной устойчивостью.

### Материалы и методы:

«Арктический Плавучий университет» – это уникальная научно-образовательная морская экспедиция на борту НИС «Профессор Молчанов» и НЭС «Михаил Сомов». С 2021 года на базе АПУ проводятся регулярные комплексные исследования арктической микробиоты: установление взаимос-

вязи между эмиссией углекислого газа и разнообразием микробных сообществ; биопроспектинг потенциальных психрофильных продуцентов ферментных и антимикробных препаратов; исследования патогенного и эпидемического потенциала бактерий; обнаружение некультивируемых эндемичных организмов местной микрофлоры.

#### **Результаты:**

С использованием технологий высокопроизводительного секвенирования были получены следующие результаты: обнаружено, что наибольшее разнообразие и выброс CO<sub>2</sub> наблюдались на островах Хукера и Хейса архипелага Земля Франца-Иосифа, в то время как разнообразие и уровни выбросов CO<sub>2</sub> были ниже на Новой Земле; идентифицированы генотипы бактерий различных видов, сочетающие наличие в геноме детерминант патогенности и множественной лекарственной устойчивости; также установлено наличие генов помпы OqxAB; идентифицированы генотипы потенциальных психрофильных продуцентов карбогидраз.

#### **Заключение:**

Полученные результаты свидетельствуют о необходимости включения микробиологического мониторинга, основанного на высокопроизводительном секвенировании, в структуру государственной системы мониторинга многолетней мерзлоты.

Кашин Андрей Сергеевич, студент кафедры биологии, экологии и биотехнологии ФГАОУ ВО «Северный (Арктический) федеральный университет имени М.В. Ломоносова», Архангельск, Россия.  
Телефон: +7 (952) 300-53-21  
E-mail: kashin.a@edu.narfu.ru

### **53. CAR1 КАК НОВЫЙ СЕЛЕКТИВНЫЙ МАРКЕР ДЛЯ ГЕННОЙ ИНЖЕНЕРИИ ВИННЫХ ДРОЖЖЕЙ**

*Ураков В.Н., Марданов А.В., Ружицкий А.О., Александров А.И., Равин Н.В., Кушниров В.В.*

ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва

Существенной проблемой при разработке промышленных дрожжей, и винных дрожжей в частности, является недостаток или отсутствие селективных маркеров. Таким маркером может стать ген аргиназы *CAR1*, нарушение которого полезно тем, что уменьшает накопление канцерогена этилкарбамата (ЭК) в вине. Делеция этого гена значитель-

но снижает способность дрожжей утилизировать аргинин в качестве источника азота, и мы использовали этот эффект двумя способами.

Нашей первой задачей было удаление гена *CAR1* у триплоидного винного штамма *S. cerevisiae* I-328 при помощи технологии CRISPR/Cas9. Мы расщепляли хромосомы Cas9 по двум альтернативным сайтам, соответствующим пятому и 614-му нуклеотидам открытой рамки считывания гена *CAR1*, и разрыв исправляли за счет донорной ДНК, в которой отсутствовала кодирующая область *CAR1*. Чтобы отличить клоны, гомозиготные по делеции *CAR1* от гетерозиготных, полученные CRISPR-трансформанты анализировали по способности расти на среде с аргинином в качестве единственного источника азота. Гомозиготы по *car1Δ* не росли на этой среде, в отличие от гетерозигот. Корректность модификаций была подтверждена ПЦР-анализом и затем полногеномным секвенированием. Дополнительной характеристикой гомозиготного по *car1Δ* штамма является двукратное снижение накопления ЭК в среде, выявленное при помощи GC-MS. Таким образом, ген *CAR1* можно использовать в качестве удобного локуса для вставки различных генетических конструкций.

Далее, мы трансформировали штамм, гомозиготный по *car1Δ*, при помощи плазмиды, содержащей интактный ген *CAR1* в качестве селективного маркера. Это показывает, что ген *CAR1* можно применять в качестве плазмидного маркера для проведения дополнительных CRISPR/Cas9-модификаций. В случае потери плазмиды штамм сохраняет фенотип *Δcar1*, благотворно влияющий на свойства вина и позволяющий осуществлять дальнейшие изменения в геноме.

Таким образом, ген *CAR1* является удобным селективным маркером в генной инженерии полиплоидных, в частности винных дрожжей, например, при использовании технологии CRISPR/Cas9.

Работа поддержана Федеральной научно-технической программой развития генетических технологий на 2019–2027 годы «РАЗВИТИЕ ТЕХНОЛОГИЙ ГЕНОМНОГО РЕДАКТИРОВАНИЯ ДЛЯ РЕШЕНИЯ ИННОВАЦИОННЫХ ЗАДАЧ ПРОМЫШЛЕННЫХ И ПИЩЕВЫХ БИОТЕХНОЛОГИЙ», Соглашение № 075-15-2021-1071 от 28.09.2021

Ураков Валерий Николаевич, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.  
Телефон: +7 (985) 939-10-05  
E-mail: valery.urakov@gmail.com

#### **54. УЧАСТИЕ НУКЛЕОИД-АССОЦИИРОВАННОГО БЕЛКА Dps В ПРОТЕКЦИИ БАКТЕРИАЛЬНЫХ КЛЕТОК ПРИ СТРЕССЕ МЕДЛЕННОГО ВЫСУШИВАНИЯ**

Лойко Н.Г.<sup>1</sup>, Терешкина К.Б.<sup>2</sup>, Коваленко В.В.<sup>2</sup>, Моисеенко А.В.<sup>2,3</sup>, Терешкин Э.В.<sup>2</sup>, Соколова О.С.<sup>3</sup>, Крупянский Ю.Ф.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН просп. 60-летия Октября, 7, корп. 2, г. Москва, 117312, РФ

<sup>2</sup> Федеральный исследовательский центр химической физики им. Н.Н. Семенова РАН ул. Косыгина, 4, г. Москва, 199991, РФ

<sup>3</sup> Московский государственный университет, Биологический факультет, Москва, 119234, РФ

#### **Введение:**

Постепенное обезвоживание является одним из частых смертельных, но при этом малоизученных стрессов, с которым бактериальные клетки постоянно сталкиваются в окружающей среде при пересыхании их микроэктопа, а также в промышленных процессах. Понимание адаптационных механизмов, помогающих бактериям пережить этот стресс, является важной микробиологической, биотехнологической и медицинской задачей. Целью данного исследования стало изучение стрессопротекторной роли белка Dps в переживании клетками *E. coli* множественного стресса высушивания.

#### **Ключевые слова:**

ДНК-связывающий белок Dps; множественный стресс высушивания; *Escherichia coli*, кристаллы ДНК-Dps, выживание бактерий.

#### **Материалы и методы:**

В работе использовались современные микробиологические методы, визуализация объектов с помощью сканирующей и трансмиссионной электронной микроскопии (СЭМ, ТЭМ), а также методы молекулярной динамики.

#### **Результаты:**

В нашей работе с помощью сконструированных генетических моделей *E. coli*, позволяющих получать бактериальные клетки со сверхпродукцией белка Dps, впервые продемонстрирована протекторная функция этого белка при множественном стрессе высушивания. Было показано, что титр жизнеспособных клеток после регидратации в опытных вариантах со сверхэкспрессией белка Dps был выше в 1.5 - 8.5 раз. С помощью СЭМ и ТЭМ было показано изменение морфологии и ультраструктуры клеток при высушивании. Применение методов молекулярной динамики позволило объяснить протекторную функцию белка Dps.

#### **Заключение:**

В работе получены приоритетные результаты, касающиеся вопросов сохранения бактериальной ДНК в клетках при полном высушивании и участии в этом процессе белка Dps. Результаты работы и выводы будут полезны не только для микробиологов, но и для людей, связанных с биотехнологией и медициной.

#### **Благодарность:**

Работа выполнена за счет средств гранта РФФ 23-24-00250.

Лойко Наталия Геннадиевна, научный сотрудник лаборатории выживаемости Федерального государственного учреждения «Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук» (ФИЦ Биотехнологии РАН), Москва, Россия.

Телефон: +7 (910) 404-40-88

E-mail: loikonat@mail.ru

**55. МИКРОБИОМЫ ЛИШАЙНИКОВ  
РОДА *CLADONIA* ИМЕЮТ  
СХОДНЫЙ ТАКСОНОМИЧЕСКИЙ  
СОСТАВ, КОТОРЫЙ НЕ ЗАВИСИТ  
ОТ ГЕОГРАФИЧЕСКОГО ПОЛОЖЕНИЯ  
ЭКОСИСТЕМЫ**

Панкратов Т.А.<sup>1</sup>, Мелехин А.В.<sup>2</sup>, Самылина О.С.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Федеральный исследовательский центр  
«Фундаментальные основы биотехнологии»  
Российской академии наук, Москва, Россия

<sup>2</sup> Полярно-альпийский ботанический  
сад-институт им. Н.А. Аврорина Кольского  
научного центра Российской академии наук,  
Апатиты, Россия

**Введение:**

Лишайники рода *Cladonia* являются доминирующими в экосистемах севера России и образуют значительные запасы биомассы. Состав микробных сообществ этих лишайников изучен слабо. Полностью отсутствует сравнительный анализ таксономической структуры бактериобиомов (ББ) этих лишайников, произрастающих в различных климатических зонах. Определение доминирующих групп бактерий в сочетании с данными об их ранее определенных характеристиках может дать ответ на вопрос об их функциональной роли в лишайниковых симбиозах.

**Ключевые слова:**

Лишайники, *Cladonia*, микробиом, симбиозы, *Rhodospirillales*, *Hypohomiales*.

**Материалы и методы:**

Выделение ДНК проводили с использованием набора Power Soil (MO BIO Laboratories, Inc., Carlsbad, CA, United States). Определение таксономического состава ББ проводилось методом NGS с использованием платформы Illumina MiSeq. Проанализировано 8 образцов.

**Результаты:**

Показано, что доминирующей группой во всех образцах (от Карелии до Шантарских островов) были бактерии семейства *Acetobacteraceae*, ацидофильная группа, и преобладали ранее описанные бактерии родов *Lichenicola* и *Lichenicoccus*. Вторая доминирующая группа – представители *Hypohomiales*, представленные родами *Lichenibacterium*, *Lichenhabitans* и *Lichenifustis*. Сравнение вклада различных типов (филумов) по-

казало, что *Pseudomonadota* и *Acidobacteriota* являются главными компонентами ББ лишайников рода *Cladonia*.

**Заключение:**

На основании данных анализа ББ лишайников рода *Cladonia* мы предполагаем, что в его состав определяется кислотностью среды (рН 4 – 5) и приводит к доминированию двух функциональных групп – аноксигенных фототрофов и гидролитиков. Состав микробиома не зависит существенно от географического расположения экосистемы.

Панкратов Тимофей Анатольевич, старший научный сотрудник лаборатории выживаемости микроорганизмов, Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук, Москва, Россия  
Телефон: +7 (916) 255-60-82  
E-mail: tpankratov@gmail.com

**56. РАЗЛОЖЕНИЕ ПЛАСТИКОВ  
ТЕРМОФИЛЬНЫМИ  
МИКРООРГАНИЗМАМИ**

Соколова Т.Г.<sup>1</sup>, Провоторова Е.А.<sup>2</sup>, Шапагин А.В.<sup>4</sup>,  
Панова Т.В.<sup>3</sup>, Миронов В.В.<sup>5</sup>, Клюкина А.А.<sup>1</sup>,  
Дукат А.М.<sup>2</sup>, Бонч-Осмоловская Е.А.<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup> Отдел биологии экстремофильных  
микроорганизмов ИНМИ РАН им.  
С.Н. Виноградского ФИЦ «Основы  
биотехнологии» РАН

<sup>2</sup> Кафедра микробиологии, биологический  
факультет им. М.В. Ломоносова

<sup>3</sup> Кафедра высокомолекулярных соединений,  
химический факультет им. М.В. Ломоносова

<sup>4</sup> Лаборатория структурно-морфологических  
исследований, Институт физической химии  
и электрохимии им. А.Н. Фрумкина

<sup>5</sup> Группа микробных процессов конверсии  
органических отходов ФИЦ «Основы  
биотехнологии» РАН

Неуклонно растущее пластиковое загрязнение и несовершенство существующих методов переработки пластиковых отходов делают необходимым разработку биотехнологий их переработки на основе активных штаммов, разлагающих пластики, и, соответственно, поиск таких штаммов. Целью нашей работы был поиск и исследование термофильных прокариот, разрушающих наиболее распространенные виды пластика –полиэтилен

(ПЭ), полиэтилентерефталат (ПЭТ) и поливинило-вый спирт (ПВС). Нагревание пластиков, имеющих частично кристаллическое, частично аморфное строение, таких как ПЭ или ПЭТ, до температуры, близкой к температуре плавления, увеличивает долю аморфной части и делает материал более доступным для микроорганизмов, в том числе способных расти при повышенной температуре.

На средах, содержащих исследуемые виды пластиков в качестве единственных или основных источников углерода и энергии, были поставлены накопительные культуры, инокулятом для которых служили пробы из природных или антропогенных термальных местообитаний. Разложение пластиков оценивалось с помощью спектрофотометрии, гравиметрии, сканирующей электронной микроскопии, измерением краевого угла смачивания, оценкой степени кристалличности по температуре плавления. Рост микроорганизмов наблюдали с помощью люминисцентной микроскопии. Состав сообществ определяли методом высокопроизводительного профилирования вариабельных участков генов 16S рНК.

В ходе работы из образцов горячих источников Камчатки были отобраны сообщества аэробных и анаэробных микроорганизмов, разлагающих ПЭ. При этом в аэробных сообществах (70°C) доминировали бактерии родов *Geobacillus*, *Thermus*, *Chloroflexi*, *Rhodothermus*. В анаэробных накопительных культурах (78°C), основными компонентами были представители родов *Thermoanaerobacterium* и *Dictyoglomus*. Также из горячих источников Камчатки была получена накопительная культура гипертермофильных (90°C) аэробных прокариот, активно разлагающих ПЭТ, убыль исходной массы которого составила 80% за 42 дня. Из ТБО была получена культура экстремально термофильных аэробных микроорганизмов (70°C), разлагающих ПВС (37% за 17 суток), причем основным компонентом этого сообщества был *Thermus* sp.

Таким образом, часто встречающиеся в термофильных микробных сообществах представители хорошо известных таксонов оказались способными к разложению нехарактерных для природных мест обитания высокополимерных соединений абиотического происхождения.

Соколова Татьяна Геннадиевна, старший научный сотрудник лаборатории метаболизма экстремофильных прокариот ИНМИ РАН им. С.Н. Виноградского ФИЦ «Основы биотехнологии» РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (905) 731-83-09

E-mail: tatso2204@gmail.com

## 57. АНАЛИЗ БИОФАРМАЦЕВТИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА ЭКСТРЕМОФИЛЬНЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ ОЗЕРА БАЙКАЛ

*В.Н. Шелковникова<sup>1</sup>, М.Е. Дмитриева<sup>1</sup>,*

*А.Ю. Бельишенко<sup>1</sup>, Е.В. Малыгина<sup>1</sup>,*

*Н.А. Имидоева<sup>1</sup>, Тельнова Т.Ю.<sup>1</sup>,*

*Д.В. Аксёнов-Грибанов<sup>1</sup>*

<sup>1</sup>Иркутский государственный университет,  
Иркутск, Россия

Окислительный стресс является одной из основных причин развития многих заболеваний человека, в т.ч. затрагивающих репродуктивную систему. Нынешние методы лечения бесплодия не гарантируют наступление беременности. В связи с этим возникает необходимость новых агентов, которые могут выступить прототипами действующих веществ при разработке лекарственных препаратов. *Озеро Байкал является перспективным местом для поиска новых природных соединений, т.к. организмы озера обитают в условиях повышенного окислительного фона. Поэтому мы предположили, что в таких условиях сформировались экстремофильные микроорганизмы, которые обладают механизмами защиты и синтезируют антиоксиданты. Целью данного исследования являлась оценка антиоксидантного потенциала экстремофильных микроорганизмов озера Байкал. Объектом исследования являлись оксифильные микроорганизмы, выделенные из очагов гипероксии озера. Пробоотбор воды проведен в пос. Большое Голоустное и Бугульдейка из 9 зон с различными концентрациями кислорода. Из проб воды были выделены микроорганизмы в условиях повышенного содержания кислорода.*

Идентификацию штаммов проводили по гену 16S рНК. Качественную оценку антиоксидантной активности проводили методом DPPH. Анализ антиоксидантного потенциала проводили с помощью подходов ВЭЖХ-МС. Идентификацию природных соединений проводили с применением **базы данных DNP**.

**На данный момент идентифицировано 15, среди которых 7 были идентифицированы как *Pseudomonas* sp., 4 как *Flavobacterium* sp., 3 как *Janthinobacterium* sp. и 1 как *Aquaspirillum* sp.**

**Среди выделенных штаммов было показано, что антиоксиданты синтезируют 9 из них, в т.ч. 3 *Flavobacterium* sp., 1 *Janthinobacterium* sp., 3 *Pseudomonas* sp. и 1 *Aquaspirillum* sp.** Установлено, что *Aquaspirillum* sp. синтезирует антиоксиданты

Н-ацетил-4-гидроксibenзиламин (CAS № 34185-04-1) и Арзанол (CAS № 32274-52-5).

Работа выполнена при финансовой поддержке проекта Минобрнауки России FZZE 2021-0013.

Шелковникова Виктория Николаевна, лаборант-исследователь лаборатории Экспериментальной нейрофизиологии НИЧ Иркутского государственного университета, Иркутск, Россия. Телефон: +7 (924) 751-58-50

E-mail: shelkovnikova551@gmail.com

### 58. «АНАЛИЗ БИОРАЗНООБРАЗИЯ ГРИБНЫХ СИМБИОНТОВ ТРЮФЕЛЕВЫХ ГРИБОВ»

Имидоева Н.А.<sup>1</sup>, Малыгина Е.В.<sup>1</sup>,

Дмитриева М.Е.<sup>1</sup>, Бельшенко А.Ю.<sup>1</sup>,

Шелковникова В.Н.<sup>1</sup>, Аксёнов-Грибанов Д.В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Иркутский государственный университет

Трюфельные грибы являются малоизученной группой организмов. Данные грибы зачастую рассматриваются как деликатес, который выращивается в почве, тогда как внимание его биотехнологической значимости практически не уделено. Известно от 80 до 220 видов трюфельных грибов. Однако число истинных трюфелей, собираемых в природе, снижается. Поэтому одним из перспективных направлений выступает разработка методик культивирования трюфелей в лабораторных условиях. Проблемой является наличие многочисленных симбионтов в плодовом теле трюфелей, мешающих получению его чистой культуры.

Целью исследования является выделение и идентификация чистых культур грибов-симбионтов трюфелей, препятствующих получению его мицелия, для разработки методов борьбы с ними. Для этого фрагменты глебы плодовых тел черного трюфеля *Tuber* sp. были гомогенизированы в стерильной дистиллированной воде и посеяны газоном на солодовый и картофельно-декстрозный агар. Для предотвращения контаминации в среды были добавлены антибиотики, такие как, цефтриаксон и фурацилин.

Далее, выделенные 12 грибных культур были идентифицированы, как грибы, принадлежащие родам *Trichothecium* sp., *Fusarium* sp., *Bjerkandera* sp., *Clonostachys* sp., *Amphinema* sp., *Inocube* sp., *Peniophora* sp., *Hypopichia* sp. Известно, что *Trichothecium* sp., *Bjerkandera* sp., и *Clonostachys* sp. являются фитопатогенами, а грибы

рода *Fusarium* sp. – эндофиты грибов и растений. *Amphinema* sp., *Peniophora* sp., *Inocube* sp. присутствуют в почве, в которой растут трюфельные грибы. Грибы рода *Hypopichia* sp. являются симбионтами трюфелей, однако, данные о роли этих грибов немногочисленны.

Таким образом, учитывая полученное на данном этапе, разнообразие грибных симбионтов трюфелей, можно предположить, что данные грибы играют роль в формировании плодовых тел трюфельных грибов. Данное исследование дает новое и актуальное представление о микробиоме трюфелей и поднимает вопросы, касающиеся функционирования и эволюции грибных штаммов, ассоциированных с трюфельными грибами.

Работа выполнена при финансовой поддержке проекта Минобрнауки России FZZE 2021-0013.

Имидоева Наталья Александровна, лаборант-исследователь лаборатории Экспериментальной нейрофизиологии НИЧ Иркутского государственного университета, Иркутск, Россия.

Телефон: +7 (902) 543-73-32

E-mail: nat.imidoeva@gmail.com

### 59. РАЗНООБРАЗИЕ МИКРООРГАНИЗМОВ НАЗЕМНЫХ ГРЯЗЕВЫХ ВУЛКАНОВ

Слободкин А.И., Меркель А.Ю., Хомякова М.А., Слободкина Г.Б., Ратникова Н.М., Русанов И.И., Караевская Е.С., Фролова А.А., Строева А.Р., Черных Н.А.

Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН

**Грязевой вулканизм — геологическое явление, оказывающее значительное влияние на баланс атмосферного метана.** Грязевые вулканы, обычно связанные с месторождениями углеводородов, изливают потоки вещества с глубины нескольких километров, и таким образом служат «окнами в подземную биосферу». Мы исследовали разнообразие прокариот в наземных грязевых вулканах полуострова Тамань и Западного Кавказа культуральными и молекулярными методами. Нами описано более десяти новых таксонов анаэробных бактерий. Филогенетическое положение, физиология и возможная экологическая роль новых изолятов разнообразны. Микроорганизмы цикла серы включают новые виды сульфатвосстанавливающих и сероокисляющих бактерий. Представитель нового рода *Pelomicrobium methylotrophicum* обладает широ-

кими метаболическими возможностями, включая нитратредукцию, литоавтотрофию и метилотрофию. Бактерия, относящаяся к широко распространенной, ранее некультивируемой актинобактериальной группе OPB41 описана как представитель нового порядка *Anaerosomatases*, *Anaerosoma tenue*. Многие из выделенных микроорганизмов являются экстремофилами – алкалифилами или термофилами. Молекулярно-экологические исследования показали, что большинство микробных сообществ изученных нами грязевых вулканов содержит анаэробных метаноокисляющих архей (ANME), культивирование которых представляет собой сложную задачу. Мы получили накопительные культуры микроорганизмов, осуществляющих анаэробное окисление метана с различными акцепторами электронов. На основании метагеномных данных мы предполагаем, что окисление метана происходит с участием различных бактериальных партнеров. Наши исследования расширяют знания о филогенетическом и метаболическом разнообразии прокариот наземных грязевых вулканов.

Работы проводились при финансовой поддержке гранта РФФ 22-14-00011

Слободкин Александр Игоревич, заведующий лабораторией, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (905) 712-97-10

E-mail: aslobodkin@mail.ru

## **60. МАРИЯ ГЕОРГИЕВНА БРАЖНИКОВА (1913-1998) (К 110-ЛЕТНЕМУ ЮБИЛЕЮ УЧЁНОЙ)**

*Маланичева И.А.*

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Научно-исследовательский институт по изысканию новых антибиотиков имени Г.Ф. Гаузе»

М.Г.Бражникова известна пионерскими исследованиями по химии антибиотиков различных классов с антибактериальной и противоопухолевой активностью. Вместе с академиком Г.Ф.Гаузе, Мария Георгиевна вошла в историю науки об антибиотиках как создатель первого отечественного антибиотика - грамицидина С, с которого (вместе с выделенным в те годы пенициллином) началась эра антибиотиков.

После окончания в 1938 г. Биологического факуль-

тета МГУ им. М.В.Ломоносова, работала во Всесоюзном Институте Экспериментальной Медицины (ВИЭМ), с 1942 по 1949 гг – в Институте малярии и медицинской паразитологии, где в 1944 г. успешно защитила кандидатскую диссертацию «Исследование проницаемости эритроцитов для лития». В 1942 г. М.Г.Бражникова вместе с Г.Ф.Гаузе получила из *Bacillus brevis* первый оригинальный отечественный антибиотик грамицидин С. Её награда - Сталинская премия 3 степени.

С 1949 г. М.Г.Бражникова - сотрудник Лаборатории антибиотиков АМН СССР, где продолжила исследования по химии антибиотиков. В 1953 г. она защитила докторскую диссертацию «Получение, очистка и исследование свойств новых антибиотиков», в которой были обобщены результаты изучения грамицидина С, иверина и альбомидина.

В 1953 г. Лаборатория была преобразована в Институт по изысканию новых антибиотиков АМН СССР, где М.Г.Бражникова возглавляла Отдел химии антибиотиков, а последние годы работала профессором-консультантом.

У М.Г.Бражниковой более 200 научных трудов, в том числе 28 авторских свидетельств СССР, 1 патент РФ, главы для 5 коллективных сборников по актуальным проблемам клинического применения новых антибиотиков. Она - автор 9 регламентов промышленного производства антибиотиков, под её научным руководством были выполнены 24 кандидатские и 2 докторские диссертации.

М.Г.Бражникова - выдающийся учёный, доктор биологических наук (1954 г.), профессор (1958 г.), награждена орденом «Знак почёта», медалями «В память 800-летия Москвы», «За доблестный труд. В ознаменование 100-летия со дня рождения В.И.Ленина», «30 лет Победы в Великой отечественной войне 1941-1945», является лауреатом Сталинской премии.

Маланичева Ирина Алексеевна, старший научный сотрудник Сектора поиска природных соединений, преодолевающих устойчивость бактерий, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Научно-исследовательский институт по изысканию новых антибиотиков имени Г.Ф. Гаузе», Москва, Россия.

Телефон: +7 (909) 937-08-66

E-mail: malanicheva.irina@yandex.ru



## 61. БАКТЕРИИ-ДЕСТРУКТОРЫ ФТАЛАТОВ В ТЕХНОГЕННОЙ ПОЧВЕ И РИЗОСФЕРЕ РАСТЕНИЙ РАЙОНА ПРОМЫШЛЕННЫХ СОЛЕРАЗРАБОТОК

Корсакова Е.С., Пьянкова А.А., Нечаева Ю.И., Назаров А.В.

«Институт экологии и генетики микроорганизмов УРО РАН» — филиал ФГБУН ПФИЦ УРО РАН, Пермь, Россия

Фиторемедиация как способ очистки загрязненных почв с использованием микроорганизмов, ассоциированных с растениями, становится все более перспективным направлением. Однако функционирование подобных систем, обеспечивающих разложение органических поллютантов (на примере фталатов), часто ограничивается экологически неблагоприятными характеристиками почвы, в т.ч. засолением.

Цель настоящего исследования – оценка общей численности микроорганизмов и количества бактерий-деструкторов фталатов в ризосфере доминирующих видов растений района солеразработок и в почве без растений.

С территории района промышленных солеразработок Пермского края были отобраны почвенные образцы: 1) с участков, расположенных в 1-1,5 м от солеотвала с хлоридно-сульфатным засолением и минерализацией почвы 1,33-1,38%; 2) с участков без засоления в 8 и 730 м от солеотвала. Концентрация дибутилфталата в почвах составляла 1,0-2,6 мг/кг, диоктилфталата – 0,8-2,4 мг/кг.

Методом количественного ПЦР-анализа проведен подсчет общего количества бактериальных генов 16S рРНК в тотальной ДНК из образцов ризосферы растений (бескильницы расставленной (*Puccinellia distans* (Jacq.) Parl.), ежи сборной (*Dactylis glomerata* L.), вейника наземного (*Calamagrostis epigeios* (L.) Roth), и почвы без растений, который составлял  $3,2 \cdot 10^{10}$  и  $2 \cdot 10^7$  копий гена на 1 г почвы, соответственно. Разница в количестве бактерий между ризосферными и почвенными образцами с площадок без засоления была менее значительной и отличалась лишь на порядок. Показано, что численность бактерий-деструкторов фталатов (24-65% от общего количества гетеротрофных бактерий) в ризосфере растений в несколько раз выше, чем в почве без растений: в ризосфере бескильницы расставленной – в 3,9-10,0 раза, ежи сборной – в 2,5-4,6 раза, вейника наземного – в 3,3-5,0 раз.

В результате проведенных исследований были выде-

лены галотолерантные бактерии-деструкторы фталатов, которые в ассоциации с ризосферой растений могут быть использованы в дальнейшем как основа разработки биотехнологических методов очистки почв района промышленных солеразработок. Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 23-24-00308).

Корсакова Екатерина Сергеевна, научный сотрудник лаборатории микробиологии техногенных экосистем «Института экологии и генетики микроорганизмов УРО РАН» – филиала ФГБУН ПФИЦ УРО РАН, Пермь, Россия.

Телефон: +7 (342) 280-84-31

E-mail: korsakovaekaterina08@gmail.com

## 62. ФОСФОНАТАЗНЫЕ ОПЕРОНЫ ПОЧВЕННЫХ БАКТЕРИЙ-ДЕСТРУКТОРОВ ОРГАНОФОСФОНАТОВ РОДА *ACHROMOBACTER*

Эпиктетов Д.О.<sup>1</sup>, Свиридов А.В.<sup>1</sup>,  
Тарлачков С.В.<sup>1,2</sup>, Леонтьевский А.А.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ «Пушкинский научный центр биологических исследований Российской академии наук» (Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрабина РАН)

<sup>2</sup> Филиал Института биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук

У почвенных бактерий-деструкторов гербицида глифосата *Achromobacter insolitus* и *A. aegrifaciens* обнаружен феномен индукции синтеза фосфонатазы (фосфоноацетальдегидгидролазы, ЕС 3.11.1.1) при росте на минимальных средах с глифосатом в качестве единственного источника фосфора. Фосфонатазы изучаемых штаммов были очищены до электрофоретически гомогенного состояния и охарактеризованы. Ферменты отличались по своим кинетическим характеристикам и ряду других параметров от ранее описанных фосфонатаз. Впервые выявлен феномен разделения фосфонатазы *A. insolitus* на две стабильные изоформы. Проведено секвенирование геномов исследуемых бактерий. Идентифицированы гены фосфонатаз (*PhnX*), LysR-подобного активатора транскрипции (сенсор на субстрат) и железосодержащей монооксигеназы PhnHD. В составе фосфонатазных оперонов у ахромобактеров отсутствовали гены 2-аминоэтилфосфонат аминотрансферазы (PhnW, ЕС

2.6.1.37); вместо них выявлено наличие генов, кодирующих гипотетическую флавиновую оксидазу HpnW. Проведенное моделирование *in silico* показало, что наиболее вероятным субстратом для PhnHD является 1-гидрокси-2-аминоэтилфосфонат, а HpnW – ряд производных глицина, структурно схожих с глифосатом, что указывает на существование ранее не описанного варианта фосфонатного метаболического пути. С учетом наличия в составе изученного генного кластера гена белка-сенсора LysR, можно предположить, что глифосат узнается данной регуляторной системой как субстрат одной из новых оксидоредуктаз, что косвенно подтверждается литературными данными о специфичности в отношении глифосата целого ряда флавиновых оксидаз, гомологичных HpnW.

С помощью конструкций на базе вектора pET-22b были успешно получены суперпродуценты гипотетических оксидаз HpnW и PhnHD штамма-деструктора глифосата *A. aegrifaciens* Kg 16. Проводится изучение свойств новых ферментов, поиск субстратов и разработка методик определения их активности.

Работа поддержана Российским Научным Фондом (проект РНФ 23-24-00152)

Эпиктетов Дмитрий Олегович, младший научный сотрудник лаборатории микробной энзимологии, ФИЦ «Пушкинский научный центр биологических исследований Российской академии наук» (Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН), Пушкино, Россия.

Телефон: +7 (925) 264-76-08

E-mail: epiktetoff@gmail.com

### **63. ЭКЗООЛИГОСАХАРИДЫ RHIZOBIUM LEGUMINOSARUM BV. VICIAE С МУТАЦИЯМИ В ГЕНАХ ГЛИКОЗИЛГИДРОЛАЗ PSSW, PLYB И PLYC**

Канапина А.Ш.<sup>1</sup>, Марченков В.В.<sup>2</sup>, Сурин А.К.<sup>2</sup>,  
Ашина Н.П.<sup>1</sup>, Ивашина Т.В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ ПНЦБИ РАН Институт биохимии  
и физиологии микроорганизмов им.

Г.К. Скрыбина, Пушкино,

<sup>2</sup> ФГБУ Институт белка РАН, Пушкино

Актуальность исследования механизмов процессинга экзополисахаридов ризобий, роли в этом процессе гидролитических ферментов и изучения структурных особенностей экзоолигосахари-

дов (ЭОС) обусловлена участием ЭОС в развитии азотфиксирующего симбиоза.

Ранее с использованием методов масс-спектрометрии были определены структуры низкомолекулярных форм экзополисахарида (ЭОС), продуцируемых симбиотическими азотфиксирующими бактериями *Rhizobium leguminosarum* bv. *viciae* VF39 и установлено, что ЭОС являются мономерами, димерами и тримерами повторяющегося октасахаридного звена кислого высокомолекулярного экзополисахарида (Канапина и др., 2020). Показано, что в деполимеризации полисахарида участвует периплазматическая гликозилгидролаза PssW, ген которой входит в состав хромосомного кластера Pss-I, контролирующего биосинтез ЭПС. Считают, что в процессинге высокомолекулярного ЭПС участвуют и внеклеточные полисахаридлиазы PlyABC семейства PL-6 (CAZy; www.cazy.org). Для выяснения функций этих ферментов исследованы свойства мутантных штаммов *plyBC* и *pssWplyBC*, а также выполнен сравнительный масс-спектрометрический анализ ЭОС, продуцируемых *pssW*, *plyB* и *pssWplyB* штаммами.

Показано, что увеличение вязкости культуральной среды у мутантов происходит за счет синтеза ЭПС с более высокой степенью полимеризации повторяющихся звеньев. У мутантов выявлено снижение образования кислых ЭОС. Так, у одиночных мутантов *pssW* и *plyB* наблюдалось незначительное уменьшение в культуральной среде моно-, ди- и тримеров октасахаридов, в то время как у двойного мутанта *pssWplyB* происходило снижение всех форм ЭОС на 70%. У штамма с делецией генов *plyBC* отсутствовали моно-, ди- и тримеры октасахаридов, а введение дополнительной мутации по гену *pssW* в штамм *plyBC* снижало и образование олигомеров с большей степенью полимеризации.

Эти результаты позволяют предположить, что периплазматическая гликозилгидролаза PssW участвует в образовании форм ЭПС более восприимчивых к гидролизу внеклеточными лиазами PlyBC, за счёт контроля длины растущих цепей, и, возможно, за счет секреции ЭПС с измененным уровнем ацетилирования.

Результаты масс-спектрометрии ЭОС свидетельствуют о структурной идентичности моно-, ди- и тримеров октасахаридов, продуцируемых мутантами *pssW*, *plyB* и *pssWplyB* аналогичным формам у штамма дикого типа VF39. При этом гептасахариды, обнаруживаемые на спектрах ЭОС одиночных мутантов и VF39, у мутанта *pssWplyB* отсутствовали. Показано, что PlyB и PssW расщепляют

$\beta$ -1,4 гликозидные связи Glc-Glc и GlcA-Glc главной цепи ЭПС, соответственно. На основании анализа масс-спектров промежуточных минорных форм димеров предложена схема сайтов гидролиза ЭПС. Мы полагаем, что основным белком деполимеризации ЭПС до низкомолекулярных форм является фермент, который расщепляет ту же связь GlcA-Glc, что и гидролаза PssW. Кроме того, по-видимому, существует ещё один белок, который расщепляет связь Glc-GlcA. Возможно, что такими активностями обладают полисахаридлиазы PlyC и PlyA.

#### Литература:

Канапина А.Ш. и др. Микробиология, 2020, т. 89, №5, с. 522-534.

### 64. DESULFOSPOROSINUS CUPRIRESISTENS SP. NOV. УЧАСТВУЮТ В АКТИВНОМ ВОССТАНОВЛЕНИИ СУЛЬФАТОВ В ОКИСЛЕННЫХ ОСАДКАХ ХВОСТОХРАНИЛИЩА ДОБЫЧИ ВОЛЬФРАМА

И.А. Панова, И.И. Русанов, Э.В. Данилова,  
М.Р. Авакян, Н.В. Равин, О.В. Карначук

Несмотря на небольшую долю в сообществах некоторые микроорганизмы обладают высокой активностью и могут оказывать значительное влияние на биогеохимические процессы в биотопах. Подобные микроорганизмы известны в литературе под названием «редкая биосфера». Представители рода *Desulfosporosinus* относятся к одному из классических примеров «редкой биосферы» болот, где они составляют менее 0.006 % сообщества, осуществляя при этом активное восстановление сульфата и способствуя быстрому циклированию серы между окисленным и восстановленным состоянием. Целью настоящего исследования было определение скорости сульфатредукции в высокоокисленных осадках хвостохранилища добычи вольфрама откуда ранее был выделен ацидофильный *Desulfosporosinus* sp. BG и определение его роли в сообществе сульфатредуцирующих прокариот.

Измеренная с использованием радиоактивного сульфата скорость сульфатредукции была высокой и достигала  $3286 \pm 300$  nmol S/мл/сут. Профилирование по гену 16S рРНК показало, что представители *Desulfosporosinus* составляли не более 0.01% в сообществе прокариот. Определение последовательности генома штамма BG подтвер-

дило, что бактерия относится к новому виду, для которого предложено название *Desulfosporosinus cupriresistens* sp. nov. отражающее повышенную устойчивость бактерии к меди. Ближайшим родственником штамма BG со средним сходством нуклеотидной последовательности (ANI) 81.37% был *Candidatus Desulfosporosinus infrequens*, представитель «редкой биосферы» болот, осуществляющий интенсивную сульфатредукцию не путем увеличения численности, а за счет увеличения количества рибосом в клетке. Значения ANI между двумя геномами валидно описанных родственников составляли 79.82% с *D. metallidurans* и 78.76% с *D. fructosivorans*. Штамм BG использует ацетат, лактат, пируват, малат, сукцинат, пальмитат, бутират, этанол, бутанол, пропанол, глицерин, фруктозу и сахарозу в качестве доноров электронов и сульфат, сульфит, тиосульфат и нитрат в качестве акцепторов электронов. Диапазон значений pH для роста составляет 1.3-5.5, с оптимумом 4.0. Штамм растет в узком диапазоне температуры от 28 до 37 °C, с оптимумом 28 °C. Рост возможен при концентрациях NaCl в среде от 0 до 4%, оптимум 0.1%. Определение скорости сульфатредукции и изучение физиологии штамма поддержано грантом РФФ 21-14-00114 (ОВК), определение последовательности генома – грантом РФФ 22-14-00178 (НВР) Панова Инна Андреевна, старший преподаватель кафедры физиологии растений, биотехнологии и биоинженерии Национального исследовательского Томского государственного университета (НИ ТГУ), Томск, Россия.

Телефон: +7 (952) 800-55-46

E-mail: Kia.98@mail.ru

### 65. СИНТРОФНОЕ РАЗЛОЖЕНИЕ АЦЕТАТА СУЛЬФИДОГЕННОЙ АССОЦИАЦИЕЙ АНАЭРОБНЫХ МЕЗОФИЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ

Галушко Александр Сергеевич<sup>1</sup>, Розанова Елена Петровна<sup>2</sup>

<sup>1</sup> ФГБНУ Агрофизический научно-исследовательский институт

<sup>2</sup> Институт Микробиологии имени Виноградского РАН

Из пластовых вод нефтяного месторождения Апшеронского полуострова была выделена культура 1105 БК сульфидогенных анаэробных мезофильных бактерий, способных расти используя ацетат в качестве единственного донора электронов и сульфат в качестве терминального акцептора электронов [1].

Штамм 1105, выделенный из этой культуры на среде с лактатом и сульфатом и идентифицированный как *Desulfomicrobium apsheronum*, не обладал способностью расти за счет разрушения ацетата [2,3]. Однако, он хорошо рос как хемолитогетеротроф за счет окисления водорода и восстановления сульфата в присутствии ацетата [2,3]. Исследование образования сероводорода культурой 1105 БК, обработанной разными антибиотиками показало, что сульфидогенное разложение ацетата могло быть ингибировано некоторыми антибиотиками, в то время как окисление водорода не было ингибировано [3]. Во время окисления ацетата содержание водорода в газовой фазе варьировало между 1,5 и 2,5 Ра. Таким образом, исходная культура 1105 БК содержала несколько бактерий, потенциально способных осуществлять синтрофное окисление ацетата [4].

**Филогенетическое исследование генов 16S рРНК бактерий культуры 1105 БК показало присутствие 3 видов бактерий, которые можно отнести к родам *Desulfuromonas*, *Desulfomicrobium* и *Desulfobulbus*. Известно, что представители последних 2 родов не способны диссимиляторно окислять ацетат, в то время как все виды рода *Desulfuromonas* способны окислять ацетат, используя реакции цикла трикарбоновых кислот [5]. Полученные данные свидетельствуют, что о способности бактерий рода *Desulfuromonas* разрушать органическое вещество за счет синтрофного взаимодействия с водород – использующими микроорганизмами.**

#### Литература

1. Розанова Е.П., Назина Т.Н. Разложение ацетата бинарной синтрофной ассоциацией, включающей сульфатвосстанавливающие бактерии // Микробиология. 1985. Т. 54. Вып 3. С. 497 – 499.
2. Розанова Е.П., Назина Т.Н., Галушко А.С. Выделение нового рода сульфатвосстанавливающих бактерий и описание нового вида этого рода *Desulfomicrobium apsheronum* gen. nov. sp. nov. // Микробиология. 1988. Т. 57. № 4. С. 634–641.
3. Галушко А.С., Розанова Е.П. Сульфидогенное окисление ацетата мезофильной синтрофной ассоциаций анаэробных бактерий // Микробиология. 1996. Т. 65. № 2. С. 154–159.
4. Rozanova, E., A. Galushko, and T. Nazina. 1990. An acetate-decomposing sulphidogenic syntrophic association, p. 469-470. In J. P. Belaich, M. Bruschi, and J.-L. Garcia (ed.), *Microbiology and biochemistry of strict anaerobes involved in interspecies hydrogen transfer*. Plenum Press, New York.
5. Kuever, J., Rainey, F.A. and Widdel, F. (2015). De-

sulfuromonas. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (eds M.E. Trujillo, S. Dedysh, P. DeVos, B. Hedlund, P. Kämpfer, F.A. Rainey and W.B. Whitman).

*Галушко Александр Сергеевич*, ведущий научный сотрудник сектора экологической микробиологии ФГБНУ Агрофизический научно-исследовательский институт, Санкт-Петербург, Россия.

Телефон: +7 (931) 349-38-24

E-mail: galushkoas@inbox.ru

## 66. ГЕНЕТИЧЕСКИЙ И ФУНКЦИОНАЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ХОЛОДОЧУВСТВИТЕЛЬНОГО ФЕНОТИПА БАКТЕРИОФАГА БУРКХОЛЬДЕРИЙ АМР1.

*Мария А. Летарова<sup>1</sup>, Павел А. Иванов<sup>1</sup>, Мария Н. Крупская<sup>1</sup>, Илья Ш. Белалов<sup>1</sup>, Владислав И. Богдан<sup>1</sup>, Марта Р.Д. Клуки<sup>2</sup>, Эдуард Е. Галёв<sup>2</sup>, Андрей В. Летаров<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> Институт Микробиологии им.

С.Н. Виноградского

<sup>2</sup> Лестерский Университет, Великобритания

Бактериофаги комплекса *Burkholderia pseudomallei/thailandensis* являются важным природным фактором, который контролирует появление возбудителя мелиоидоза *B. pseudomallei* в почвенно-водной среде эндемичных регионов. Из таких фагов наиболее часто выделяется подовирус *Autographiviridae phiBp\_AMP1*. В отличие от модельного фага T7, AMP1-подобные вирусы считались умеренными, хотя лизогенизация штамма-хозяина с помощью AMP1 так и не была убедительно продемонстрирована. AMP1 активно лизирует штаммы хозяина и образует бляшки при 37°C, но не может литически расти при 25°C. Этот фенотип холодочувствительного (CS) роста может быть вовлечен в регуляцию сложной картины сезонности мелиоидоза.

Мы создали устойчивые к холоду (СТ) мутанты бактериофага AMP1, который растет при 25°C. При секвенировании обнаружили ряд генетических изменений. Все секвенированные мутанты CS-фенотипа бактериофага AMP1 содержали изменения в ORF3. Некоторые из этих мутантов также имели измененную ORF14. У СТ-мутантов SPL1 был делетирован фрагмент от середины ORF3 до середины ORF7. Мы попытались восстановить недостающие кластеры оказалось, что сверхэкспрессия *gp3* приводит не к восстановле-

нию CS-фенотипа в SPL1 или других устойчивых к холоду мутантах, а к индукции холодоустойчивого фенотипа в фаге AMP1 дикого типа. Интересно, что сверхэкспрессия слитого гена *gr3-gr7*, образованного делецией в SPL1, оказалась токсичной для клеток и подавляла любой рост фага. В свою очередь, экспрессия *gr14* не оказывала заметного влияния на образование бляшек мутантов AMP1 или СТ. Таким образом, мы заключаем, что СТ-фенотип не связан с истощением какого-либо критического фактора (факторов) при более низкой температуре, а является результатом действия кодируемого вирусом температурного сенсора с участием белков *gr3* и, возможно, *gr14*.

Летарова Мария Анатольевна, младший научный сотрудник лаборатории вирусов микроорганизмов института микробиологии им. С.Н. Виноградского РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (919) 729-57-83

E-mail: sulfatreduction@gmail.com

## **67. ИЗМЕНЕНИЯ КАТАБОЛИЗМА ЧИСТЫХ КУЛЬТУР И МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ В БИОЭЛЕКТРОХИМИЧЕСКИХ СИСТЕМАХ ПОД ВЛИЯНИЕМ ЭЛЕКТРИЧЕСКОЙ СТИМУЛЯЦИИ ВНЕШНЕЙ ЦЕПИ**

*Самков А.А., Волченко Н.Н., Круглова М.Н.,  
Беспалов А.В., Худокормов А.А.*

ФГБОУ ВО «Кубанский государственный  
университет»

Применение принципов биоэлектрокатализа в микробных технологиях требует наработки фундаментально-научной и практической экспериментальной базы, основанной на использовании биоэлектрохимических систем (БЭС) на базе микробных топливных элементов. Связь микробиома анаэробной зоны БЭС и электрохимических процессов, проходящих под влиянием поляризации электродов, дает возможность развития нового инструмента влияния на процессы, осуществляемые микроорганизмами. Использованы БЭС на базе микробных топливных элементов мембранного и безмембранного типа, с искусственной и естественной поляризацией внешних цепей, по разному сочетающихся между собой. В качестве биологических объектов использованы культура *Shewanella oneidensis* MR-1 и микробиоценоз донных отложений.

Обнаружено изменение удельной скорости обесцвечивания трифенилметанового и азокрасителя *S. oneidensis* MR-1, в зависимости от наличия и полярности подключения источника тока, а также иммобилизации клеток. При биодegradации в мембранных и безмембранных БЭС пестицида имидаклоприда, моно- и дициклических ароматических углеводородов, сырой нефти обнаружены изменения степени degradation соответствующих поллютантов, а также относительной представленности (экспрессии) ряда катаболических генов в анодной зоне.

Результаты позволяют оценить связь полярности внешней электрической стимуляции БЭС и направленности/интенсивности катаболических процессов, а также их качественных изменений.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-24-00401.

Самков Андрей Александрович, доцент кафедры генетики, микробиологии и биохимии ФГБОУ ВО «КубГУ», Краснодар, Россия

Телефон: +7 (918) 458-97-65

E-mail: andreysamkov@mail.ru

## **68. УСТОЙЧИВАЯ МИТОХОНДРИАЛЬНАЯ ГЕТЕРОПЛАЗМИЯ У ДРОЖЖЕЙ**

*Муравьев Г.С.<sup>1</sup>, Кашко Н.Д.<sup>2</sup>, Кнорре Д.А.<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, факультет биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

<sup>2</sup> НИИ физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского, Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия

Гетероплазмия – это состояние, когда в одной эукариотической клетке присутствует несколько вариантов мтДНК с разной нуклеотидной последовательностью. С митохондриальной гетероплазмией сопряжены многие генетические заболевания человека. Поэтому изучение закономерностей наследования мтДНК в чередующихся поколениях клеток и многоклеточных организмов представляет общий и прикладной интерес.

Обычно за счёт дрейфа генов через несколько поколений в каждой клетке остается только один вариант мтДНК (состояние гомоплазмии). Но для некоторых организмов описаны случаи стабильной гетероплазмии, сохраняющейся в течение многих

поколений. В этой работе мы исследовали возможность поддержания стабильной гетероплазмии в клетках дрожжей *Saccharomyces cerevisiae* в ситуации, когда в клетках присутствуют мтДНК дикого типа  $rho^+$  и вариант мтДНК с обширной делецией  $HS\ rho^-$ , сохранивший лишь небольшой фрагмент мтДНК.

Была написана пара праймеров для идентификации  $rho^-$  мтДНК. Однако мы обнаружили, что ПЦР приводила к образованию специфичного продукта и тогда, когда в качестве матрицы использовалась тотальная ДНК дикого типа  $rho^+$  штамма *W303-1A*, но не  $rho^+$  штамма *BY4741* или  $rho^0$  штамма, в котором отсутствовала мтДНК.

Полученные результаты могут свидетельствовать о том, что в штамме дрожжей *W303-1A* уже присутствуют варианты мтДНК с похожей делецией. Это возможно, если высока вероятность подобной делеции и такие  $rho^-$  мтДНК сохраняются в клетках в состоянии гетероплазмии за счет преимущества в скорости репликации внутри клетки и, поэтому, сопутствуют мтДНК дикого типа.

Чтобы непосредственно проверить такую возможность, мы скрестили  $rho^-$  клетки дрожжей с  $rho^+$  клетками дикого типа, в которых отсутствовала сопутствующая  $rho^-$  мтДНК. Наши результаты показывают, что в клетках дрожжей возможна ситуация, когда мутантный эгоистичный вариант мтДНК с обширной делецией сопутствует мтДНК дикого типа в течение множества поколений.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (грант 22-14-00108).

Муравьев Георгий Сергеевич, студент факультета биоинженерии и биоинформатики МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия.

Телефон: +7 (985) 132-87-60

E-mail: murgeo13@fbb.msu.ru

## 69. МИКРОБНЫЕ СООБЩЕСТВА ДОННЫХ ОТЛОЖЕНИЙ В СЕВЕРНОЙ ЧАСТИ БАРЕНЦЕВО-КАРСКОГО ШЕЛЬФА И ИХ СВЯЗЬ С ЗОНАМИ ФОКУСИРОВАННОЙ РАЗГРУЗКИ УГЛЕВОДОРОДНЫХ ГАЗОВ

Строева А.Р.<sup>1</sup>, Мельник А.Д.<sup>1</sup>, Клюкина А.А.<sup>2</sup>,  
Пирогова А.С.<sup>1</sup>, Полудеткина Е.Н.<sup>1</sup>,  
Токарев М.Ю.<sup>1</sup>, Ахманов Г.Г.<sup>1</sup>, Меркель А.Ю.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, г. Москва

<sup>2</sup> ФИЦ Биотехнологии РАН, г. Москва

Южные части Баренцева (БМ) и Карского (КМ) морей относятся к наиболее изученным областям Арктического шельфа с подтвержденной промышленной нефтегазоносностью осадочных бассейнов. Северные области Баренцево-Карского шельфа изучены гораздо слабее, однако, по имеющимся геолого-геофизическим данным также обладают высоким углеводородным (УВ) потенциалом. Целью настоящей работы является изучение разнообразия микроорганизмов (МО) в донных отложениях в северной части БМ и КМ, обитающих при низких температурах и использующих УВ в качестве субстрата, и, следовательно, способных являться индикаторами нефтепроявлений. В ходе экспедиций, организованных МГУ имени М.В. Ломоносова в рамках программы TTR (Training-Through-Research) при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации, были отобраны образцы донных отложений: в северной части БМ в ходе экспедиции TTR-20 на НИС «Академик Николай Страхов» - 94, на севере КМ в ходе TTR-21 на НИС «Академик Борис Петров» - 142 пробы. Помимо микробиологических исследований в районах работ в исследуемых морях были проведены комплексные геолого-геофизические изыскания: 2D многоканальная сейсморазведка, акустическое профилирование, съемка рельефа дна многолучевым эхолотом, геохимические и литологические исследования отобранных проб донных отложений. Тотальную ДНК микробных сообществ из проб выделяли на судне сразу после отбора образцов. Затем в лаборатории был проведен анализ состава микробных сообществ методами NGS профилирования по гену 16S рРНК.

По результатам профилирования были выделены наиболее распространенные группы МО в донных отложениях. Для образцов КМ: некультивируе-

мые бактерии (НБ) класса *Phycisphaerae* (гр. SG8-4), НБ семейства *Anaerolineaceae*, НБ семейства *Desulfosarcinaceae* (гр. SEEP-SRB1), НБ глубокого филогенетического кластера NB1-j, протеобактерии родов *Woeseia* и *Pseudomonas*, сульфатредукторы рода *Desulfatiglans*. Для образцов БМ: НБ семейства *Hyphomicrobiaceae*, НБ семейства *Anaerolineaceae*, НБ семейства *Desulfobulbaceae*, актинобактерии рода *Rhodococcus*, протеобактерии рода *Woeseia*, НБ семейства *Desulfosarcinaceae* (гр. Sva0081). На основе данных о филогенетическом разнообразии МО исследуемых морей применялся анализ  $\beta$ -разнообразия. Нами были проанализированы закономерности распределения МО в зависимости от глубины от поверхности дна, полигонов исследования, наличия зон фокусированной флюидоразгрузки, геоморфологических особенностей рельефа дна, литологического состава донных отложений и др. Было показано, что микробные сообщества всех категорий образцов отличаются друг от друга достоверно ( $p$ -value < 0.005). Важно отметить, что микробные сообщества зон флюидоразгрузки отличаются от фона особенно значительно ( $p$ -value < 0.001). Согласно однофакторному анализу, наблюдается явная корреляция следующих групп МО с зонами фокусированной разгрузки УВ газов: гр. MSBL5, р. SCGC\_AB\_539\_J10 (представители класса *Dehalococcoidia*), р. *Desulfatiglans*, НБ глубокой линии JS1 (ф. *Caldatribacteriota*), НБ порядка *Aerophobales*.

Проведенное исследование является продолжением серии работ по изучению и оценке закономерностей распространения МО в придонных экотопах северных морей с использованием NGS и современных статистических подходов в экологии МО. В дальнейшем возможно использование корреляции микробных сообществ с геолого-геохимическими данными как нефтегазопроисследовательских критериев на акваториях.

Исследование выполнено при поддержке РФФИ № 20-54-20001 Норв\_т.

Строева Александра Романовна, старший научный сотрудник кафедры микробиологии МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия  
Телефон: +7 (916) 876-60-50  
E-mail: a.r.stroeva@yandex.ru

## 70. НОВЫЕ БИОКАТАЛИЗАТОРЫ НА ОСНОВЕ *RHODOCOCCLUS* ДЛЯ ПОЛУЧЕНИЯ ВОДОРАСТВОРИМЫХ АКРИЛОВЫХ ГЕТЕРОПОЛИМЕРОВ

*Новиков А.Д., Лавров К.В., Шемякина А.О., Гречишников Е.Г., Герасимова Т.В., Калинина Т.И., Леонова Т.Е., Рябченко Л.Е., Яненко А.С.*

НИЦ «Курчатовский институт»,  
Курчатовский Геномный центр, Москва

### Ключевые слова:

*Rhodococcus*, акриловые мономеры, акриламид, биокатализ.

Водорастворимые акриловые гетерополимеры используются в нефте- и газодобыче, горном деле, очистке воды, в бумагоделательной и лакокрасочной промышленности. В получении акриловых мономеров, из которых синтезируются полимеры, есть ряд технологических сложностей, связанных с принципиальными недостатками традиционных химических способов. Биокаталитические способы синтеза мономеров могут улучшить эффективность их получения.

Нами были сконструированы четыре штамма *Rhodococcus*, производных штамма *R. rhodochrous* M8 - биокатализаторы (БК) для производства акриловой кислоты и смесей акриловых мономеров, состоящих из акриламида, акриловой кислоты, и N-изопропилакриламида. Новые БК обладают высокими уровнями акриламид-гидролизующей (АГ) и акриламид-трансферазной (АТ) активностей, и различаются соотношениями этих активностей. Три уровня АГ-активности обеспечиваются разными наборами эндогенных амидаз штамма, а два уровня АТ-активности - геном ациламидазы из *R. qingshengii* TA37 под промотором генов нитрилгидратазы. В зависимости от соотношения АГ- и АТ-активности можно получать как мономеры акриловой кислоты (до 54%), акриламида (до 60%), N-изопропилакриламида, так и смеси мономеров в различных соотношениях. На основе этих штаммов разработан прототип новой технологической концепции биокаталитического синтеза акриловых мономеров для получения водорастворимых акриловых гетерополимеров, содержащих ценные N-алкилакриламидные звенья. Исследование выполнено при финансовой поддержке Тематического плана НИЦ «Курчатовский институт».

Новиков Андрей Дмитриевич, старший научный сотрудник, лаборатории молекулярной биотехнологии Геномного центра “Развитие генетических технологий для промышленной микробиологии” КК НБИКС-ПТ, НИЦ “Курчатовский институт”, Москва, Россия.

Телефон: +7 (967) 125-90-96

E-mail: alexm19@mail.ru

## **71. РАЗРАБОТКА СИНБИОТИЧЕСКОГО ПРЕПАРАТА НА ОСНОВЕ ПРОБИОТИЧЕСКИХ ЛАКТОБАКТЕРИЙ И АГРОМИНЕРАЛОВ И ЕГО ОЦЕНКА НА ПЕРЕПЕЛАХ**

Гаврилова Е.А.<sup>1</sup>, Карасева О.С.<sup>1</sup>, Монир Я.М.<sup>1</sup>,  
Ежкова А.М.<sup>2</sup>, Ежков В.О.<sup>2</sup>, Никитина Е.В.<sup>1,3</sup>,  
Яруллина Д.Р.<sup>1</sup>, Каюмов А.Р.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, Россия

<sup>2</sup> Казанская государственная академия ветеринарной медицины имени Н.Э. Баумана, Казань, Россия

<sup>3</sup> Казанский национальный исследовательский технологический университет, Казань, Россия

Применение кормовых добавок на основе пробиотических препаратов и агроминералов способствует улучшению иммунного статуса животных и птицы, стимуляции роста и развития молодняка и повышению качества получаемой продукции. Целью работы являлась разработка синбиотического препарата на основе новых штаммов лактобактерий и агроминералов (бентонит и цеолит). В работе использовали штаммы: *Lactiplantibacillus plantarum* AG10, *Lactiplantibacillus plantarum* AG16, *Ligilactobacillus salivarius* LS 4-4, *Lactiplantibacillus plantarum* FCa3L, выделенные из растительного сырья, и штамм *Limosilactobacillus fermentum* HFD1 и из кишечника человека.

После исследования штаммов на антагонистическую активность и сохранение жизнеспособности при добавлении агроминералов провели оценку влияния препарата на перепелов (работа выполнена с одобрения локального этического комитета КФУ - протокол №40 от 9 марта 2023). Опыт проводился в два этапа. В ходе первого эксперимента группы перепелов получали в качестве добавки разных пробиотических штаммов, выращенный в молочной сыворотке. Контрольная группа получала только молочную сыворотку. Во втором эксперименте группы перепелов получали комби-

нацию пробиотических штаммов, продемонстрировавших высокие показатели в первом опыте, и агроминералов. На протяжении экспериментов птиц взвешивали и оценивали прирост биомассы. По окончании опытов оценили массу различных внутренних органов птиц, показатели биохимического и форменного анализа крови, оценили показатели качества яиц и мяса, состав микробиоты кишечника. В работе проведен сравнительный анализ данных показателей у различных групп птиц.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (проект РНФ-22-16-00040)

E-mail: Alalila@yandex.ru

## **72. СРАВНИТЕЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ РЕЗИСТОМА ПОЧВ КОНВЕНЦИАЛЬНОЙ И ОРГАНИЧЕСКОЙ СИСТЕМ ЗЕМЛЕДЕЛИЯ**

Алексей С. Васильченко<sup>1</sup>, Дарья В. Пошвина<sup>1</sup>,  
Денис С. Груздев<sup>2</sup>, Евгений О. Бурлаков<sup>3,4</sup>,  
Сергей В. Кравченко<sup>1</sup>, Анастасия В. Васильченко<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Лаборатория антимикробной резистентности Института экологической и сельскохозяйственной биологии (X-Bio) Тюменского государственного университета, Тюмень, Российская Федерация.

<sup>2</sup> SciBear OU, Tartu Mnt 67/1-13b, Kesklinna Linnaosa, 10115 Таллинн, Эстония.

<sup>3</sup> Международная комплексная научно-исследовательская лаборатория изменения климата, землепользования и биоразнообразия, Институт экологической и сельскохозяйственной биологии (X-Bio), Тюменский государственный университет, Тюмень

<sup>4</sup> Научно-исследовательский институт математики, физики и информатики Тамбовского государственного университета имени Державина, Тамбов, Российская Федерация.

### **Введение:**

Метагеномные исследования различных почвенных сред выявили широкое распространение генов устойчивости к антибиотикам (англ. ARG – antibiotic resistance gene) по всему миру. В этом исследовании мы применили shotgun-секвенирование микробиомов почв, относящихся к органической и конвенциональной (интенсивного типа) системе земледелия.



## Материалы и методы:

В качестве объектов исследований были взяты образцы почв. 1) конвенциональная система: севооборот: озимая пшеница - озимая пшеница - горох - озимая пшеница (*Triticum durum* Desf). Поле было обработано минеральными удобрениями, семена обрабатывали фунгицидами «Страйк форте». 2) органическая система: севооборот: горох – рожь – чечевица – полба (*Triticum spelta*). Семена обрабатывали биопрепаратами «БСКА-3». Удобрения не вносились. Метагеномное секвенирование проводили с использованием платформы HiSeq X Ten Illumina. Таксономическая принадлежность была присвоена с использованием Kaiju v. 1.5 с базой данных NCBI BLAST NR v.2017-05-16. Обрезанные парные чтения были проанализированы на наличие ARG с использованием конвейера ARGs-OAP 2.0, как описано (Yang et al. 2016; Yin et al. 2018).

## Результаты:

Во всех образцах мы идентифицировали в общей сложности 21 ARG, среди которых ванкомицин ( $10^{-2}$  копии/16S рРНК) и карбомицин ( $10^{-5}$  копий/16S рРНК) были наиболее и наименее распространенными ARG, соответственно. Мы обнаружили, что резистомы почв различались между системой органического земледелия и традиционной, со значительной разницей в обилии генов тетрациклина и макролида (почва с глубины 0-5 см); гены множественной устойчивости и хинолоны (почва с глубины 5-15 см). Напротив, почвы конвенционального хозяйства содержали больше копий генов устойчивости к фосмидомицину и бета-лактаму (0-5 см). Детальный анализ микробного сообщества показал, что численность 14 родов в верхнем слое почвы (0-5 см) и 53 родов в слое 5-15 см, существенно различалась между органическим и конвенциональным полями. Рассчитанные коэффициенты ранговой корреляции Спирмена показали значимые ( $R_s > 0,8$ ) корреляции (положительные и отрицательные) между 18 родами и 6 ARG. Анализ реконструированных геномов, показал, что некультивируемые бактерии и археи, включая бактерии *Vinatia*, потенциально могут нести гены устойчивости к гликопептидным и фторхинолоновым/тетрациклиновым антибиотикам.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках Федеральной научно-технической программы развития генетиче-

ских технологий на 2019-2027 годы (соглашение №075-15-2021-1345, Уникальный идентификатор проекта RF----193021X0012).

Автор для корреспонденции:  
avasilchenko@gmail.com

## 73. ИДЕНТИФИКАЦИЯ РНК-ВИРУСОВ В МЕТАТРАНСКРИПТОМАХ ИЗ ОЗ.

### БАЙКАЛ

Потапов С.А., Белых О.И.

Вирусные сообщества в водных экосистемах являются чрезвычайно разнообразными и включают вирусы, поражающие бактерии, археи, эукариотические микро- и макроорганизмы. Вирусы могут быть представлены как ДНК, так и РНК геномами. В этом исследовании мы затронули только РНК-содержащие вирусы и идентифицировали их в метатранскриптомах, полученных из оз. Байкал. Образцы воды отобраны на центральных станциях трёх котловин в объёме 100 литров со станции. Для удаления бактерио-, фито- и зоопланктона пробы фильтровали последовательно через ряд фильтров, фильтрат менее 0,2 мкм использован для концентрирования. РНК из концентрата экстрагировали с помощью ExtractRNA (Евроген), секвенирование проводили на приборе DNBSEQ-400 (MGI Tech, Китай). Биоинформатический анализ выполнен, используя ряд программ: FastQC, Trimmomatic, SPAdes, MetaGeneMark, Diamond и др., а также базы данных NCBI NT, NR и RVMT.

Используя базы данных NCBI идентифицированы семейства вирусов с +оцРНК: *Dicistroviridae*, *Nodaviridae*, *Endornaviridae*, *Narnaviridae*, *Tombusviridae*, дцРНК вирусы семейств *Picobirnaviridae*, *Totiviridae*, *Partitiviridae*, а также неклассифицированные, относящиеся к порядку *Picornavirales* и к реалму *Riboviria*. Представители выявленных вирусов поражают растения, грибы, беспозвоночных. Среди идентифицированных белков преобладали гипотетические и РНК-зависимая РНК полимеразы. Выявление RdRp по базе RVMT показало сходство белков от 26 до 93%. Применяя базу данных RVMT, удалось дополнительно выявить семейство *Botourmiaviridae* (+оцРНК). Выявлено два полных предполагаемых генома РНК-вирусов, длина последовательностей составила 8,2 и 8,8 тыс. нуклеотидов.

Таким образом, впервые в оз. Байкал с помощью метатранскриптомики выявлены РНК-содержащие вирусы, определено большее разнообра-

зие одноцепочечных РНК вирусов с положительным смыслом.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-24-00612.

Потапов Сергей Анатольевич, научный сотрудник лаборатории водной микробиологии Лимнологического института СО РАН, Иркутск, Россия.

Телефон: +7 (3952) 42-54-15

E-mail: poet1988@list.ru

#### 74. ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ КЛИНИЧЕСКИХ ШТАММОВ *Mycobacterium bovis*/*M. caprae*

Терентьева Д.Р.<sup>1</sup>, Савова-Лалковска Т.<sup>2</sup>,  
Димитрова А.<sup>2</sup>, Боновска М.<sup>3</sup>, Мокроусов И.В.<sup>1</sup>,  
Вылчева В.<sup>3</sup>

<sup>1</sup> НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Санкт-Петербург

<sup>2</sup> Национальный диагностический

и исследовательский ветеринарный медицинский институт им. проф. Г. Павлова, София, Болгария

<sup>3</sup> Институт микробиологии им. Стефана Ангелова Болгарской академии Наук, София, Болгария

#### Введение:

Туберкулез крупного рогатого скота, вызываемый *Mycobacterium bovis* или *M. caprae*, является важным зоонозным заболеванием, серьезно влияющим на мировое животноводство. Для реализации мер по надзору и контролю за этим заболеванием необходимы надежные инструменты для изучения его передачи. Цель исследования состояла в оценке генетического разнообразия *M. bovis*/*M. caprae* в Болгарии и их места в глобальном разнообразии *M. bovis*.

#### Материалы и методы:

Изучено 43 изолята *M. bovis*/*M. caprae*, полученных от крупного рогатого скота в различных фермах Болгарии в 2015-2021 гг. Штаммы типировали по 13 локусам VNTR. Полногеномное секвенирование (WGS) было выполнено для 34 изолятов. Данные подвергали филогенетическому и статистическому анализу.

#### Результаты:

Ветви *M. bovis* и *M. caprae* были четко разделены на филогенетическом дереве, построенном на основе VNTR типирования. Более крупная и территориально рассредоточенная группа *M. caprae*

была представлена большим разнообразием, чем группа *M. bovis*. (Индекс Хантера-Гастона HGI 0,67 против 0,60). В целом было выделено шесть кластеров (от 2 до 19 изолятов) и девять одиночных изолятов (HGI по всем локусам 0,79). Локус QUB3232 оказался наиболее дискриминирующим (HGI 0,64). Четыре локуса (ETRA, ETRB, Mtub21 и MIRU16) позволили выявить различия только между *M. bovis* и *M. caprae*. Сравнение с опубликованными данными VNTR из 11 стран показало как общую гетерогенность глобальной популяции, так и преимущественно локальную эволюцию клональных комплексов. 34 изолята с данными VNTR и WGS были использованы для сравнения методов: 13-VNTR (HGI = 0,71) и WGS (все изоляты были уникальными, но некоторые различались только по 1–3 SNP).

#### Заключение:

Шесть локусов могут быть рекомендованы для первичного генотипирования изолятов *M. bovis*/*M. caprae* в Болгарии: ETRC, QUB11b, QUB11a, QUB26, QUB3232 и MIRU10 (HGI 0,77). VNTR-типирование на основе ограниченного числа локусов представляется полезным для первичного эпидемиологического надзора за туберкулезом.

Терентьева Дарья Романовна, м.н.с. лаборатории молекулярной эпидемиологии и эволюционной генетики, ФБУН НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Санкт-Петербург 197101 Россия

Телефон: +7 (913) 416-35-60

E-mail: dariateren1@gmail.com

#### 75. ГЕНЕТИЧЕСКИЙ И ФУНКЦИОНАЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ХОЛОДОЧУВСТВИТЕЛЬНОГО ФЕНОТИПА БАКТЕРИОФАГА БУРКХОЛЬДЕРИЙ AMР1.

Мария А. Летарова<sup>1</sup>, Павел А. Иванов<sup>1</sup>,  
Мария Н. Крупская<sup>1</sup>, Илья Ш. Белалов<sup>1</sup>,  
Владислав И. Богдан<sup>1</sup>, Марта Р.Д. Клуки<sup>2</sup>,  
Эдуард Е. Галёв<sup>2</sup>, Андрей В. Летаров<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Институт Микробиологии им.

С.Н. Виноградского

<sup>2</sup> Лестерский Университет, Великобритания

Бактериофаги комплекса *Burkholderia pseudomallei/thailandensis* являются важным природным фактором, который контролирует появ-

ление возбудителя мелиоидоза *B. pseudomallei* в почвенно-водной среде эндемичных регионов. Из таких фагов наиболее часто выделяется подовирус *Autographiviridae phiVp\_AMP1*. В отличие от модельного фага T7, AMP1-подобные вирусы считались умеренными, хотя лизогенизация штамма-хозяина с помощью AMP1 так и не была убедительно продемонстрирована. AMP1 активно лизирует штаммы хозяина и образует бляшки при 37°C, но не может литически расти при 25°C. Этот фенотип холодоустойчивого (CS) роста может быть вовлечен в регуляцию сложной картины сезонности мелиоидоза.

Мы создали устойчивые к холоду (СТ) мутанты бактериофага AMP1, который растет при 25°C. При секвенировании обнаружили ряд генетических изменений. Все секвенированные мутанты CS-фенотипа бактериофага AMP1 содержали изменения в ORF3. Некоторые из этих мутантов также имели измененную ORF14. У СТ-мутантов SPL1 был делетирован фрагмент от середины ORF3 до середины ORF7. Мы попытались восстановить недостающие кластеры и оказалось, что сверхэкспрессия *gp3* приводит не к восстановлению CS-фенотипа в SPL1 или других устойчивых к холоду мутантах, а к индукции холодоустойчивого фенотипа в фаге AMP1 дикого типа. Интересно, что сверхэкспрессия слитого гена *gp3-gp7*, образованного делецией в SPL1, оказалась токсичной для клеток и подавляла любой рост фага. В свою очередь, экспрессия *gp14* не оказывала заметного влияния на образование бляшек мутантов AMP1 или СТ. Таким образом, мы заключаем, что СТ-фенотип не связан с истощением какого-либо критического фактора (факторов) при более низкой температуре, а является результатом действия кодируемого вирусом температурного сенсора с участием белков *gp3* и, возможно, *gp14*.

Летарова Мария Анатольевна, младший научный сотрудник лаборатории вирусов микроорганизмов института микробиологии им. С.Н. Виноградского РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (919) 729-57-83

E-mail: [sulfatreduction@gmail.com](mailto:sulfatreduction@gmail.com)

## 76. БИОРЕМЕДИАЦИОННЫЙ ПОТЕНЦИАЛ РИЗОБИЙ

*А.Ю. Муратова, С.Н. Голубев, И.Ю. Сунгурцева, Турковская О.В.*

Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов ФИЦ Саратовский научный центр РАН, Саратов, Россия

Физиолого-биохимические особенности ризобий, обусловленные тесным взаимодействием с растением и связанные с азотфиксацией и утилизацией широкого спектра органических соединений, могут иметь большое значение для биоремедиации загрязненных агроландшафтов. К настоящему времени есть сведения об утилизации ризобиями алифатических и ароматических углеводов, включая полициклические (ПАУ), хлорорганики и пестицидов. Кроме того, ризобии могут быть эффективны в биоремедиации почв, загрязненных тяжелыми металлами. Однако катаболические пути, ферменты и гены, связанные с деградацией органических поллютантов и устойчивостью к металлам, у ризобий изучены недостаточно.

На базе Коллекции ризосферных микроорганизмов ИБФРМ РАН (<http://collection.ibppm.ru>) проводятся исследования по выделению и изучению биоремедиационного потенциала ассоциативных и симбиотических микроорганизмов. С использованием молекулярно-генетических методов, хроматографии и спектрометрии для ряда коллекционных представителей семейства *Rhizobiaceae* (родов *Ensifer*, *Rhizobium*) идентифицированы гены, кодирующие компоненты ферментных комплексов, участвующих в расщеплении ПАУ и гербицида глифосата, определены ключевые метаболиты и ферменты катаболизма ПАУ, охарактеризована устойчивость к тяжелым металлам (Ni, Cd, Zn и Cu). Результаты собственных исследований и анализ опубликованных данных свидетельствуют о природном сочетании у ризобий широких катаболических возможностей, которые делают их перспективными для решения задач очистки и восстановления почв от органических и неорганических загрязнений.

Исследование выполнено при поддержке РФФИ (проект № 23-24-00578).

Муратова Анна Юрьевна, зав. лабораторией экологической биотехнологии  
ИБФРМ РАН, Саратов, Россия  
Телефон: +7 (904) 242-50-48  
E-mail: [muratova\\_a@ibppm.ru](mailto:muratova_a@ibppm.ru)

## 77. СОЗДАНИЕ ПРОДУЦЕНТОВ АМИНОКИСЛОТ С РАЗВЕТВЛЁННОЙ БОКОВОЙ ЦЕПЬЮ НА ОСНОВЕ *CORYNEBACTERIUM GLUTAMICUM*

Шереметьева Марина Евгеньевна, Ануфриев К.Э.,  
Розанцева В.В., Рябченко Л.Е., Леонова Т.Е.,  
Калинина Т.И., Герасимова Т.В., Яненко А.С.

НИЦ «Курчатовский институт», Курчатовский  
геномный центр

L-изомеры валина, лейцина и изолейцина составляют группу протеиногенных аминокислот с разветвлённой боковой цепью (ВСАА, англ. branched-chain amino acids). Это незаменимые аминокислоты, то есть они не синтезируются в организме высших животных и должны поступать с пищей. Содержание ВСАА в кормовом растительном белке, используемом в животноводстве, недостаточно для сбалансированного рациона. Обогащение ими кормов приводит к повышению качества и количества мяса. В РФ, как везде в мире, потребление ВСАА растёт, но их производство у нас пока отсутствует и должно быть создано для повышения продовольственной безопасности нашей страны.

ВСАА производятся преимущественно биотехнологическим способом, ключевой элемент которого – штаммы-продуценты. За основу для них часто берут *Corynebacterium glutamicum*, безопасную неприхотливую бактерию с гибким метаболизмом. Конструируют штаммы при помощи метаболической инженерии – изменения генов с известными функциями, направленного на увеличение выхода целевого продукта. Реализация такого подхода требует понимания биохимии, генетики и физиологии базового организма и наличия инструментов модификации его генома – для *C. glutamicum* есть и то, и другое.

Пути биосинтеза всех ВСАА у *C. glutamicum* тесно связаны: в них участвуют одни и те же ферменты (продукты генов *ilvBNCDE*), которым нужны одни и те же предшественник (пируват) и кофактор (НАДФН). За перенос ВСАА через клеточную стенку отвечают общие системы экспорта и импорта (BrnFE и BrnQ, соответственно). Данное исследование посвящено, прежде всего, разработке нами штамма *C. glutamicum* – продуцента валина (продуктивность более 65 г/л за 48 часов ферментации). Представлены стратегии активации реакций биосинтеза валина, минимизации образования побочных продуктов, увеличения в клетках

пула пирувата и НАДФН, усиления вывода валина из клеток, оптимизации условий ферментации. Полученные результаты проанализированы с точки зрения их применимости как задела для создания продуцентов лейцина и изолейцина.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ (грант №075-15-2019-1659).

### Ключевые слова:

*Corynebacterium glutamicum*, L-валин, L-лейцин, L-изолейцин, штамм-продуцент, метаболическая инженерия.

Шереметьева Марина Евгеньевна, старший научный сотрудник Курчатовского геномного центра НИЦ «Курчатовский институт», Москва, Россия. Телефон: +7 (915) 212-99-92.

E-mail: m.e.sheremetieva@gmail.com.

## 78. ВЛИЯНИЕ ЭКСПРЕССИИ ГЕНА МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК ПОЛИМЕРАЗЫ Г *MP1* В ДРОЖЖАХ *SACCHAROMYCES CEREVISIAE* НА СУПРЕССИВНОСТЬ МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК

*Х.Х. Епремян*<sup>1,2</sup>, *М. Касьянова*<sup>2</sup>, *Н.Д. Кашко*<sup>2</sup>,  
*Д.А.Кнорре*<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Федеральное государственное учреждение  
«Федеральный исследовательский центр  
«Фундаментальные основы биотехнологии»  
Российской академии наук», Москва

<sup>2</sup> Научно-исследовательский институт физико-химической биологии имени А.Н.Белозерского  
Московского государственного университета,  
Москва

Для лабораторных штаммов дрожжей *Saccharomyces cerevisiae* описаны неспособные к дыханию штаммы с фенотипом *petite*, содержащие мтДНК с делециями (*rho*<sup>-</sup>). При скрещивании клеток этих штаммов с клетками дикого типа (*rho*<sup>+</sup>) получают зиготы, содержащие одновременно два варианта мтДНК: *rho*<sup>+</sup> и *rho*<sup>-</sup>. За несколько поколений, потомки таких зигот теряют один или другой вариант мтДНК: отношение числа *rho*<sup>-</sup> потомков такого скрещивания от их общего числа называется «супрессивностью» *rho*<sup>-</sup> штамма. Мы предположили, что супрессивность *rho*<sup>-</sup> штамма будет зависеть от соотношения числа копий *rho*<sup>-</sup> и *rho*<sup>+</sup> мтДНК в исходных гаплоидных штаммах:

в частности увеличение общего количества копий мтДНК дикого типа в клетке должно снижать супрессивность. Чтобы проверить это предположение, мы варьировали количество копий мтДНК с помощью изменения экспрессии гена митохондриальной ДНК полимеразы  $\gamma$  *MIP1*, помещенного под регулируемый галактозный промотор  $P_{GAL}$ . Мы показали, что повышенная экспрессия этого гена приводит к приблизительно двукратному увеличению числа копий мтДНК в клетках. Этот результат указывает на то, что количество *Mip1r* лимитирует репликацию мтДНК в клетках дрожжей. Однако, вопреки ожиданию, скрещивание *rho*-штамма с штаммом с повышенной экспрессией *MIP1* приводило к увеличению супрессивности *rho*-штамма. Более того, скрещивание  $P_{GAL}$ -*MIP1 rho+* с штаммом дикого типа само по себе приводило к дестабилизации митохондриального генома. Мы предполагаем, что повышенная экспрессия *MIP1* приводит к увеличению вероятности появления мутантных вариантов мтДНК, которые вытесняют варианты мтДНК дикого типа в состоянии гетероплазмии. Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ №22-14-00108

Епремян Хорен Хачатурович, младший научный сотрудник, МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия  
Телефон: +7 (917) 575-35-60  
E-mail: k.epremyan19@gmail.com

## **79. ВЛИЯНИЕ СТОКОВ ОЧИСТНЫХ СООРУЖЕНИЙ Г. ПУЩИНО НА РАСПРОСТРАНЕНИЕ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ В ВОДНОЙ СРЕДЕ**

Измалкова Т.Ю., Сазонова О.И., Кошелева И.А.  
ФИЦ «Пушинский научный центр биологических исследований РАН», (Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрябина РАН)

Микроорганизмы играют важную роль в экосистемах пресных водоёмов. Однако структура водных микробных сообществ весьма лабильна и подвержена воздействию как природных, так и антропогенных факторов. Повсеместное использование антимикробных препаратов становится глобальной экологической проблемой, поскольку приводит к селекции резистентных к ним бактерий и появлению новых детерминант устойчивости, в том числе в водной среде.

Целью работы являлось изучение влияния сточных вод очистных сооружений г. Пушкино на изменение состава микробного сообщества на примере бактерий рода *Pseudomonas*, а также на содержание в воде, седиментах и песке береговой зоны реки Ока антибиотикорезистентных микроорганизмов и детерминант множественной лекарственной устойчивости.

Пробы отбирали в районе трёх пляжей в окрестностях г. Пушкино, один из которых расположен приблизительно в 250 м вниз по течению от стока очистных сооружений в р. Оку. Бактериальные штаммы, изолированные методом прямого посева, тестировали на устойчивость к 8 антимикробным препаратам. Определение содержания зубактерий и псевдомонад в пробах воды и седиментов проводили методом количественной ПЦР в реальном времени.

Обнаружено почти десятикратное увеличение содержания микроорганизмов, устойчивых к аминогликозидам в пробах воды, отобранных ниже сброса сточных вод очистных сооружений. Промонстрирована роль очистных сооружений г. Пушкино в распространении в водной среде мультирезистентных штаммов, а также плазмид группы несовместимости A/C (*IncA/C*). Данные плазмиды преобладают среди патогенных штаммов *Enterobacteriaceae* и отвечают за распространение клинически значимых генов устойчивости: цефалоспориныазы,  $bla_{CMY}$  и карбапенемазы,  $bla_{NDM}$ . Показано, что стоки очистных сооружений влияют как на общее содержание зубактерий в донных отложениях, так и увеличивают процентное содержание псевдомонад в них, изменяя тем самым состав микробного сообщества.

Измалкова Татьяна Юрьевна, старший научный сотрудник лаборатории биологии плазмид ФИЦ «Пушинский научный центр биологических исследований РАН», (Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрябина РАН), Пушкино, Россия.  
Телефон: +7 (926) 164-82-84  
E-mail: tatiz@pbcras.ru

## 80. ПРОБЛЕМА АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ. РЕГИОНАЛЬНЫЕ АСПЕКТЫ

*Н.В. Бугеро, Ильина Н.А., Н.В. Иванова,  
Повторейко А.В.*

ФГБОУ ВО «Псковский государственный  
университет»

### **Введение:**

В настоящее время устойчивость к антибиотикам возрастает до угрожающе высоких уровней и является глобальной проблемой систем здравоохранения разных стран. Всемирная организация здравоохранения (ВОЗ) неоднократно призывала к действиям по борьбе с растущей глобальной устойчивостью к антибиотикам, включив устойчивость бактерий в список 10 наиболее серьезных угроз человечеству. К критически высокому уровню приоритетности (тяжелые инфекционные заболевания, угрожающие жизни пациента и увеличивающие риск летального исхода): устойчивость к карбапенемам вследствие выделения бета-лактамаз: *A. baumannii*, *P. aeruginosa*, *Enterobacteriaceae*. Вторая и третья группы в списке – категории с высоким и средним уровнем приоритетности – включают другие бактерии с растущей лекарственной устойчивостью, которые вызывают более распространенные заболевания, такие как гонорея и пищевое отравление. К группе с высоким уровнем приоритетности: *E. faecium* - устойчив к ванкомицину; *S. aureus* - к метициллину, а также умеренно чувствителен или устойчив к ванкомицину; *H. pylori* - к кларитромицину; *Campylobacter* spp., *Salmonellae* - к фторхинолонам; *N. gonorrhoeae*, устойчивы к цефалоспорином, фторхинолонам. Они могут вызывать тяжелые и часто смертельные инфекции, такие как инфекции кровотока и пневмонию.

В связи с этим целью работы явилось изучение региональных факторов развития устойчивости к антибиотикам в условиях пандемии новой коронавирусной инфекции.

### **Материалы и методы:**

использованы данные о реализации противовирусных, антибактериальных лекарственных препаратов в розничном сегменте в Государственном предприятии Псковской Области «Фармация» за 2019 и 2020 годы, оценивалась общая структура приобретенных населением лекарственных препаратов (ЛП) в стоимостном и натуральном выражении,

структура ассортимента закупленных ЛП по кварталам. Также проанализированы локальные данные микробиологической лаборатории Псковская областная клиническая инфекционная больница об этиологии возбудителей внебольничных и госпитальных инфекций в пандемический период.

### **Результаты:**

установлено, что в 2019 году общий ассортимент на 57,7% приходился на противовирусные препараты, 10,1% на иммунокорректирующие средства, 32,2% - на антибактериальные препараты. В 2020 году общий ассортимент на 35% приходился на препараты противовирусной терапии, 6,1% на иммунокорректирующие средства, 58,9% - на антибактериальные препараты. Объем аптечных продаж антибактериальных лекарственных препаратов в 2020 году в натуральном выражении увеличился в 11,2 раза по отношению к 2019 году. Наиболее сильный рост зафиксирован в отношении потребления макролидов за счет многократного повышения использования азитромицина, уровень продаж которого увеличился более чем в 61 раз по сравнению с допандемическим периодом. Согласно данным «горячей линии», по поступившим обращениям граждан, в Пскове 72% пациентов покупали антибиотики без рецептов и принимали их без назначения врачей.

### **Выводы:**

слабые меры контроля розничного отпуска антибиотиков привели к безрецептурному доступу к данной группе препаратов и созданию условий для прогрессирования антибиотикорезистентности. Большинство госпитализированных пациентов с COVID-19 получали лечение антибиотиками широкого спектра действия, что создает предпосылки для формирования антибиотикорезистентности основных видов микроорганизмов, циркулирующих в стационарах.

Бугеро Нина Владимировна, профессор кафедры фундаментальной медицины и общей патологии, директор института медицины и экспериментальной биологии ФГБОУ ВО «Псковский государственный университет», г. Псков, Россия.

Телефон: +7 (921) 957-20-84

E-mail: bugero@mail.ru

## 81. РАНОЗАЖИВЛЯЮЩАЯ АКТИВНОСТЬ ИММОБИЛИЗОВАННОГО НА ХИТОЗАНЕ ФИЦИНА

*Д.Р. Байдамшина*<sup>1</sup>, *Е.Ю. Тризна*<sup>1</sup>, *М.Г. Холявка*<sup>2</sup>,  
*М.Н. Агафонова*<sup>1</sup>, *М.Н. Чиркова*<sup>1</sup>,  
*О.С. Васильева*<sup>1</sup>, *А.Р. Каюмов*<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Казанский (Приволжский) федеральный университет, 420008, г. Казань, Республика Татарстан, ул. Кремлевская, 18

<sup>2</sup> Воронежский государственный университет, 394036, г. Воронеж, Воронежская область Университетская пл., 1

### Введение:

Условно-патогенные бактерии, такие как *S. Aureus*, являются распространенными комменсалами человека, и в большинстве случаев не приводят к развитию заболеваний. В условиях подавленного иммунитета эти оппортунистические патогены активно размножаются и приводят к развитию тяжелых инфекционных заболеваний, в том числе внутрибольничных инфекций, часто со смертельным исходом.

### Материалы и методы

Для исследования скорости ранозаживления и микробной деконтаминации в паравертбральной области крыс была создана круглая рана диаметром 1 см и инфицирована культурой *S. aureus*. Через сутки после инфицирования и на протяжении 15 суток раны обрабатывали исследуемыми растворами один раз в сутки.

### Результаты

У крыс, получавших какое-либо лечение, 50% закрытие раны наблюдалось на 4-е сутки после начала лечения, в то время как в контрольной группе аналогичный эффект был достигнут только на 6-е сутки. Очищение ран наблюдали на 6-й день у крыс, обработанных растворимым или иммобилизованным фицином и на 10-й день у крыс, обработанных хитозаном или хитотрипсином. В контрольной группе подобный эффект можно было наблюдать только на 15-е сутки. В случае с комплексом фицин и антибиотик были получены аналогичные результаты, при обработке фицином закрытие раны на 50% наблюдалось на 4-е сутки, а также количество КОЕ снизилось на 3 логарифмических порядка на 4-й день, в то время как добавление фицина приводило к достижению того же эффекта уже через двое суток лечения, что свидетельствует о повышении эффективности противомикробных препаратов.

### Заключение

Таким образом, фицин в растворимой и иммобилизованных формах представляет интерес как средство с ранозаживляющей активностью.

Работы проводили с соблюдением этических норм и с одобрения Локального этического комитета К(П)ФУ (протокол № 14 от 08.02.2019 г.).

Работа выполнена за счет средств субсидии, выделенной Казанскому федеральному университету для выполнения государственного задания в сфере научной деятельности. Проект № FZSM-2022-0017.

Байдамшина Диана Рафисовна, научный сотрудник НИЛ «Природные антимикробные препараты» ФГАОУ ВО Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, Россия.

Телефон: +7 (987) 422-43-30

E-mail: dianabaidamshina@yandex.ru

## 82. ПОЛИСАХАРИДНЫЙ СУБСТРАТ ДЛЯ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ ПРОДУЦЕНТОВ ГЛИКОЗИЛ-ГИДРОЛАЗ

*Майорова К.А.*<sup>1</sup>, *Аксёнов А.С.*<sup>1</sup>, *Шевченко А.Р.*<sup>1</sup>,  
*Родичева М.А.*<sup>1</sup>, *Телицын В.Д.*<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Северный (Арктический) федеральный университет имени М. В. Ломоносова, Архангельск

<sup>2</sup> МГУ им. М.В. Ломоносова, хим. ф-т, Москва

### Введение:

Для микробиологического синтеза комплексов целлюлолитических ферментов в питательных средах необходимы растворимые источники углерода (глюкоза) и нерастворимые – целлюлоза (не менее 50%), в качестве которой в промышленности применяют ее микрокристаллическую производную (МКЦ) (Korotkova et al, 2023). Однако, существуют методы получения подобных полисахаридных субстратов при совместной химической и биокаталитической переработке древесной массы. Данный подход позволяет более селективно удалять те или иные компоненты, а также получать биомодифицированную целлюлозу с заданными свойствами, необходимыми для грибных продуцентов ферментов (Shevchenko et al, 2023).

### Материалы и методы:

Ферментативный гидролиз хвойной сульфитной целлюлозы промышленной выработки осуществлен с применением комплексов гликозил-гидро-

лаз *P. verruculosum* в лабораторном биореакторе при загрузке субстрата 10% по ранее подобранным параметрам и методам анализа (Aksenov et al, 2020).

#### **Результаты:**

Получены образцы модифицированной целлюлозы, в которых за сутки биомодификации удалось достичь повышения содержания чистой целлюлозы до 80% при условии конверсии 30% массы субстрата в глюкозу. Кристалличность полученных образцов составляет 48% и близка к показателю для товарной МКЦ **Флюцель 102** CAS 9004-34-6 (Индия). Раствор сахаров с преобладанием глюкозы рекомендовано применять в качестве подпитки при микробиологической конверсии сульфитных щелоков на том же производстве или реализовать в качестве основного компонента питательных сред для микробиологии.

#### **Заключение:**

Результаты исследования создают фундаментальные основы для применения продуктов биомодификации древесной целлюлозы как ключевых субстратов для культивирования продуцентов целлюлолитических ферментов. Технология позволяет производить биокатализаторы в месте их непосредственной реализации.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФ (проект № 22-24-20136).

Майорова Ксения Александровна, студентка-бакалавр по направлению «Биотехнологии», Северный Арктический федеральный университет им. М. В. Ломоносова, Архангельск, Россия.

Телефон: +7 (902) 193-22-45

E-mail: majorova.k@edu.narfu.ru

### **83. НОВЫЕ ЛИТОТРОФНЫЕ ПРОКАРИОТЫ ИЗ НАЗЕМНЫХ ГРЯЗЕВЫХ ВУЛКАНОВ**

*Г.Б. Слободкина, Н.М. Ратникова, А.Ю. Меркель,  
А.И. Слободкин*

Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского,  
ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва

Грязевые вулканы представляют собой геологические образования, где под воздействием высокого пластового давления на поверхность Земли извергаются грязевые массы и газы. Микробные сообщества наземных грязевых вулканов в настоящее

время недостаточно изучены и активно исследуются. Из наземных грязевых вулканов Краснодарского края нами были выделены три факультативно-анаэробные литоавтотрофные бактерии. Штаммы SHN287<sup>T</sup>, SB48<sup>T</sup> и SN1189 также могут использовать органические субстраты. В анаэробных условиях они используют нитрат или закись азота (N<sub>2</sub>O) в качестве акцептора электронов. Штамм SHN287<sup>T</sup> представляет новый вид рода *Roseovarius*, *R. autotrophicus*. Это первый представитель рода, способный к литоавтотрофии, анаэробному росту, денитрификации, окислению водорода, серы и тиосульфата. Сравнение геномов *Roseovarius* показало, что полный набор генов для фиксации CO<sub>2</sub> есть только у SHN287<sup>T</sup> и *R. salinarum*; гидрогеназы присутствуют у филогенетически обособленной группы штаммов, родственных SHN287<sup>T</sup>; гены окисления серы и денитрификации широко распространены среди представителей рода. Штаммы SB48<sup>T</sup> и SN1189 представляют новый вид рода *Sedimenticola*, *S. hydrogenitrophicus*, и фенотипически схожи с представителями этого рода. Филогеномный анализ показал, что род *Sedimenticola* принадлежит к филогенетически обособленной группе морских бактерий, которую мы предлагаем рассматривать как новое семейство *Sedimenticolaceae*. Эта группа представлена, в основном, композитными геномами. Многие виды являются эндосимбионтами беспозвоночных. На сегодняшний день только 5 штаммов, представляющих 3 вида предлагаемого семейства, выделены в чистую культуру. Метаболизм новых изолятов указывает на разнообразие их экологических ролей в наземных грязевых вулканах. Они могут быть первичными продуцентами органических веществ или участвовать в трансформации органических соединений, связанной с биогеохимическими циклами азота и серы.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФ, проект 22-24-00540.

Слободкина Галина Борисовна, ведущий сотрудник лаборатории разнообразия и экологии экстремофильных микроорганизмов, Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (906) 743-74-38

E-mail: gslobodkina@mail.ru



## 84. РОДОКОККИ КАК ОСНОВА БИОСЕНСОРОВ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ НИЗКОМОЛЕКУЛЯРНЫХ ОРГАНИЧЕСКИХ СОЕДИНЕНИЙ

Кувичкина Т.Н., Капаруллина Е.Н., Доронина Н.В.,  
Решетилов А.Н.

ФИЦ «Пушкинский научный центр биологических исследований РАН», (Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН)

Родококки как основа микробного биосенсора могут быть полезны для определения низкомолекулярных органических соединений растворимых в воде. Ими могут быть алифатические: метанол, этанол, изобутанол, изопропанол, моноароматические: орто-фталат натрия; 2,4-динитрофенол; катехол и бензимидазольный фунгицид карбендазим. Названные соединения окисляются ферментными системами родококков с потреблением молекулярного кислорода, измеряемого кислородным электродом.

Целью работы являлось создание макетов биосенсоров для определения названных соединений с использованием родококков.

Родококки выращивали в периодических условиях в колбах на качалке. Выращенную биомассу отделяли центрифугированием, ресуспендировали. Аликвоту суспензии помещали на носитель, (иммобилизация методом физической адсорбции). Биорецептор, фиксировали на измерительной поверхности кислородного электрода. Максимальная скорость изменения выходного сигнала  $di/dt$  (нА/с) была связана пропорциональной зависимостью со скоростью изменения концентрации потребленного кислорода.

Для определения метанола, этанола, изопропанола и изобутанола, метиламина и динатриевой соли орто-фталевой кислоты в качестве биорецептора был использован штамм *Rhodococcus wratislaviensis* ВКМ Ас-2782, выделенный из прибрежной зоны Азовского моря. Для определения 2,4-динитрофенола в качестве биорецептора был штамм *Rhodococcus erythropolis* HL PM, выделенный из воды реки Рейн. Штамм *Rhodococcus qingshengii* G1 Mm 1, выделенный из глины Мёртвого моря, может быть основой для определения катехола, а также карбендазима. Оценка содержания вещества микробным биосенсором не является высоко специфической, однако может быть применена для решения ряда аналитических задач.

Кувичкина Татьяна Николаевна кандидат биологических наук научный сотрудник лаборатории биосенсоров Института биохимии и физиологии им. Г.К. Скрыбина РАН Пушкинского научного центра биологических исследований ФИЦ  
Телефон: +7 (985) 663-25-46  
E-mail: kuv@ibpm.pushchino.ru

## 85. РАЗНООБРАЗИЕ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ МЕТАНОВЫХ ПОКМАРКОВ ГОТЛАНДСКОЙ ВПАДИНЫ И ФИНСКОГО ЗАЛИВА БАЛТИЙСКОГО МОРЯ

Валерий Лисун<sup>1</sup> Аспирант ВШЖС БФУ имени  
И. Канта., Богдан Ефименко<sup>1</sup>, Александра  
Клюкина<sup>2</sup>, Александр Меркель<sup>2</sup>, Марина Ульянова<sup>3</sup>,  
Виктория Скрипская<sup>1</sup>, Сергей Гаврилов<sup>2</sup>,  
Константин Попадъин<sup>1,4</sup>

<sup>1</sup> Балтийский Федеральный Университет им.  
И. Канта, ул. Невского, 14, Калининград, Россия,  
236016

<sup>2</sup> Институт микробиологии им.  
С.Н. Виноградского, Исследовательский Центр  
Биотехнологий РАН, Ленинский проспект, 33/2,  
Москва, Россия, 119071

<sup>3</sup> Институт океанологии им. П.П. Ширшова РАН,  
Нахимовский проспект, 36, Москва, Россия,  
117997

<sup>4</sup> Центр интегративной геномики, Университет  
Лозанны, Лозанна, Швейцария

Как известно, метан в глубоководных вулканах и покмарках Мирового океана имеет несколько источников происхождения - термогенный и микробный. Метан микробного происхождения образуется вследствие анаэробного разложения органических веществ прокариотами у поверхности дна. Основными производителями метана являются метаногенные археи, кроме того, последние исследования выявили производство метана различными представителями фитопланктонов и цианобактерий [1.2].

Ключевые слова: Метановые покмарки, метаногенез, JS1, Балтийское море, Готландская впадина, Финский залив.

В настоящей работе было впервые проведено профилирование по гену 16S рРНК донных осадков в районе двух ранее неисследованных метановых выходов неясного генезиса, расположенных в покмарках Готландской впадины и Финского залива Балтийского моря. Для профилирования по V4

участью гена 16S рРНК пробы ила, взятые в ходе 51 рейса НИС «Академик Сергей Вавилов», были заморожены, затем в чистых условиях тотальная ДНК была выделена, очищена и амплифицирована с использованием нескольких универсальных праймеров. секвенирование ампликонов проводили по технологии нового поколения Illumina на секвенаторе MiSeq. Данные после секвенирования были демультимплексированы в программной среде QIIME 2. Далее был исследован таксономический состав образцов с помощью байесовского классификатора по базе данных SILVA, исследования альфа и бета разнообразия проводились в среде QIIME 2 и визуализировались в пакете vegan для R.

В результате впервые были получены профили микробных сообществ двух ранее неисследованных покмарков, включающие более 25 филумов архей и бактерий. Доминирующими группами бактерий являются: филумы *Actinobacteriota*, *Caldatribacteriota*, *Chloroflexi*, *Planctomycetota*, *Proteobacteria*, *Desulfobacterota*, *Armatimonadota*, *Acidobacteriota*, *Bacteroidota*, *Gemmatimonadota*, *MBNT15* и *NB1-j*. Другие группы бактерий, а также археи в целом, менее представлены в изученных образцах. Обнаружена неизвестная группа *Mycobacteria* из филума *Actinobacteriota*. Анализ разнообразия, показал, что самые разнообразные сообщества располагаются на 2 см глубине и значительно отличаются между двумя покмарками, хотя и есть схожие сообщества в нижних слоях, также определено что нахождение некоторых таксонов коррелирует с глубиной как например *Caldatribacteriota*. Сообщество архей представлено группами *Asgardarchaeota* класса *Lokiarchaeia* (1-1,5%), *Crenarchaeota* класса *Bathyarchaeia* (0-1%), филум *Thermoplasmata* класса *Thermoplasmata* - около 1%, *Nanoarchaeota* класса *Nanoarchaeia* 0,7 -1%. Также был обнаружен неизвестный род морских микобактерий из филума *Actinobacteria*. Согласно полученным данным, была показана связь между концентрацией метана и филумом *Chloroflexi*.

## 86. РЕГУЛИРУЕМАЯ ГИБЕЛЬ КЛЕТОК ДРОЖЖЕЙ КАК МЕХАНИЗМ КОЛЛЕКТИВНОЙ ЗАЩИТЫ ОТ КСЕНОБИОТИКОВ

Киреева Н.А.<sup>1,2</sup>, Соколов С.С.<sup>2</sup>, Галкина К.В.<sup>1,2</sup>, Кнорре Д.А.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Факультет биоинженерии и биоинформатики МГУ, Ленинские горы 1–73

<sup>2</sup> Институт физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского МГУ имени М.В. Ломоносова, Ленинские горы, 1–40, Москва, 119899

В суспензии микроорганизмов часть клеток погибает даже при воздействии мягкого стресса. Этот процесс обычно регулируется генетически и тогда называется “регулируемой гибелью клетки”. При этом, мертвые клетки оказывают влияние на сопротивляемость стрессу оставшихся в живых клеток. Так, например, мертвые клетки дрожжей высвобождают питательные вещества и ферменты, способствующие обезвреживанию экзогенных токсинов. Мы предположили, что сопряженная с гибелью клетки пермеабиллизация плазматической мембраны у субпопуляции дрожжей в клеточной суспензии может увеличивать приспособленность популяции в целом за счет абсорбции липофильных токсичных веществ. Мы установили, что добавление мертвых клеток дрожжей снижает токсичность антимикотика амфотерицина В и липофильного катиона додецил-трифенилфосфония для остальных клеток в суспензии. Более того, добавление к суспензии клеток штамма *Δlam1234*, неустойчивых к амфотерицину В, значительно увеличивает концентрацию этого антимикотика, необходимого, чтобы полностью подавить рост клеток в суспензии. Однако добавление клеток с делецией гена протеолипида РМР3, также гиперчувствительных к полиеновым макролидам, не приводило к подобному эффекту. Вероятно, для того, чтобы мертвые и гиперчувствительные клетки оказывали защитный эффект, важно, чтобы в процессе гибели клетки шли процессы, способные увеличить ее адсорбционную емкость по отношению к липофильным антимикотикам. Работа выполнена при поддержке РФФ № 23-14-00172.

Киреева Наталия Александровна, младший научный сотрудник НИИ ФХБ им. А.Н. Белозерского, Москва, Россия.

Телефон: +7 (916) 074-51-17

E-mail: kireeva.natale@gmail.com

## 87. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ КОНТЕКСТ-ЗАВИСИМЫХ ПОТОКОВЫХ МОДЕЛЕЙ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ МЕТАБОЛИЧЕСКИХ РАЗЛИЧИЙ У МЕТАНОТРОФНЫХ БАКТЕРИЙ *METHYLOTUVIMICROBIUM ALCALIPHILUM* 20Z<sup>R</sup> В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ИСТОЧНИКА УГЛЕРОДА И СОСТАВА СРЕДЫ ДЛЯ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ

Куляшов Михаил Андреевич<sup>1,2,3</sup>, Колмыков С.К.<sup>1,3</sup>,  
Хамильтон Р.<sup>4</sup>, Хлебодарова Т.М.<sup>1,5</sup>,  
Калюжная М.Г.<sup>4</sup>, Акбердин И.Р.<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup> Научно-технологический университет  
«Сириус», Сириус, Россия

<sup>2</sup> Новосибирский государственный университет,  
Новосибирск, Россия

<sup>3</sup> ООО «Биософт.РУ», Новосибирск, Россия

<sup>4</sup> San Diego State University, San Diego, USA

<sup>5</sup> ФИЦ ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия

### Введение:

К настоящему времени хорошо изучены основные метаболические этапы утилизации метана микроорганизмами. Однако детальное понимание молекулярно-генетических механизмов в различных условиях до сих пор отсутствует. В работе нами было проведено детальное теоретическое исследование молекулярных механизмов регуляции экспрессии генов у бактерии *Methylo-tuvimicrobium alcaliphilum* 20Z<sup>R</sup> (далее 20Z<sup>R</sup>) на основе интеграции оригинальных транскриптомных данных в метаболическую модель 20Z<sup>R</sup>.

### Ключевые слова:

Потоковое моделирование, метанотрофы

### Материалы и методы:

Для интеграции транскриптомных данных в модель была использована опубликованная и экспериментально верифицированная математическая модель для 20Z<sup>R</sup>, iIA407. Для интеграции использовались оригинальные данные для 8 условий роста культуры бактерий: по четыре на каждый источник углерода (метан или метанол), а также с учетом различных комбинаций металлов (меди, кальция, лантаноидов и вольфрама) в составе среды культивирования.

### Результаты:

В результате, полученные контекст-зависимые модели показали изменения скорости роста в зависимости от условий культивирования

20Z<sup>R</sup> в сравнении с исходной моделью. Более того, предсказанные с помощью моделей распределения потоков для каждого из экспериментальных условий были отображены на метаболических картах. Это позволило выявить функциональные изменения в метаболических потоках в зависимости от исходного субстрата и состава среды культивирования. Одним из таких изменений является активация реакции, катализируемой формилгидрогеназой (FDH), при сравнении результатов симуляции контекст-зависимой с исходной моделью. Также в присутствии вольфрама активность FDH повышалась в сравнении с другими контекст-зависимыми моделями без присутствия W.

### Заключение:

Таким образом, использование контекст-зависимых моделей даёт возможность к более детальному исследованию и точному прогнозированию метаболизма 20Z<sup>R</sup> в зависимости от используемых субстратов и состава среды для роста метанотрофной бактерии.

Куляшов Михаил Андреевич, младший научный сотрудник, Университет Сириус, Сириус, Россия.

Телефон: +7 923-100-99-72

E-mail: m.kulyashov@mail.ru

Финансирование проекта осуществляется при поддержке гранта РФФИ №23-24-00606.

## 88. ОЦЕНКА ТАКСОНОМИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА ТЕРМАЛЬНОГО ИСТОЧНИКА КУЧИГЕР (БАЙКАЛЬСКАЯ РИФТОВАЯ ЗОНА)

*Раднагуруева А.А. Лаврентьева Е.В.*

Институт общей и экспериментальной биологии  
СО РАН

### Введение:

Кучигерские источники расположены в северо-восточной части Баргузинской котловины. Характерная особенность этих источников – разные температурные условия воды - от холодных до теплых и очень горячих с общим дебетом 10-11 л/с. По химическому составу воды Кучигерских горячих источников фторидно-гидрокарбонатно-сульфатные натриевые и отнесены к термам кудурского типа. [Намсараев и др., 2007]. По минеральному составу являются низко минерализованными и по газовому составу относятся к CH<sub>4</sub>-N<sub>2</sub> термам [Zipra et al. 2019].

Цель работы – оценить таксономическое разнообразие микробного сообщества воды и донных осадков в естественных выходах термального источника Кучигер.

#### Ключевые слова:

Термальный источник, таксономическое разнообразие, высокопроизводительное секвенирование.

#### Материалы и методы

Пробы воды и донных осадков были отобраны в местах естественной разгрузки глубинных термальных вод в 2016 г. На месте отбора проб измеряли температуру, pH, окислительно-восстановительный потенциал (Eh) и минерализацию воды.

Выделение ДНК из осадков и воды проводили с помощью набора DNeasy PowerSoil Kit (Qiagen, США) по протоколу производителя. Качественную и количественную оценку полученных препаратов ДНК проводили с помощью спектрофотометра Nanodrop 1000 (Thermo Fisher Scientific, США). Регион V3-V4 гена 16S рНК был амплифицирован с помощью праймеров 343F (5'-CTCCTACGGRRSGCAGCAG-3') и 806R (5'-GGACTACNVGGGTWTCTAAT-3'), содержащих адаптерные последовательности (Illumina), линкер и баркод [Fadrosh et al., 2014]. Амплификацию проводили в условиях описанных ранее [Brouchkov et al., 2017]. Ампликоны смешивали по 200 нг каждый и чистили в 1% агарозном геле с помощью набора MinElute Gel Extraction Kit (Qiagen). Секвенирование проводили в ЦКП "Геномика" СО РАН (ИХБФМ СО РАН) на секвенаторе MiSeq (Illumina), используя набор Reagent Kit v3 (2 × 300, Illumina).

Полученные парные последовательности анализировались с помощью UPARSE скриптов, используя Usearch v11.0 [Edgar, 2013]. Биоинформатическая обработка была проведена в ноябре 2017 г. и включала перекрывание парных ридов, фильтрацию по качеству и длине, учет одинаковых последовательностей, отбрасывание синглетонов, удаление химер и получение ОТЕ (Операционные Таксономические Единицы) с помощью алгоритма кластеризации UPARSE. Таксономическая принадлежность последовательностей OTU определялась с помощью SINTAX [Edgar, 2016] и референсной базы 16S RDP training set v16 [Wang et al., 2007].

Альфа разнообразие анализировали Usearch. Серверы NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) и EzBioCloud (<https://www.ezbiocloud.net/>) были использованы для поиска ближайших гомологов.

#### Результаты:

Температура изливающихся вод в момент отбора составила 40,4 °С, значения pH 9.2-10.2. Исследуемые местообитания характеризовались восстановленными условиями, окислительно-восстановительный потенциал был в пределах – 35 - -400 мВ. Общая минерализация в исследуемых источниках составляла 0,3 - 0,5 мг/дм<sup>3</sup>.

В результате секвенирования ампликонов было получено в общей сложности 107619 последовательностей, отнесенных к 211 ОТЕ.

Диаграмма Венна показала, что число уникальных прокариотных ОТЕ, обнаруженных в образцах воды и донных осадков, составило 107 (50,7%) и 53 (25,1%). Общие бактериальные и архейные ОТЕ для образцов воды и донных осадков составили 51 ОТЕ или 24,2 %. Оценка индексов разнообразия по Шеннону и видовое богатство, оцененное с помощью индекса Chao1 выявила наибольшее разнообразие микробного сообщества в воде.

Высокопроизводительное секвенирование по гену 16S рНК в термальном источнике Кучигер показало, что домен *Bacteria* был доминирующим прокариотным компонентом по сравнению с доменом *Archaea* и составил в микробном сообществе воды 96,9 % и в донных осадках - 99,8%.

В микробных сообществах филум *Proteobacteria* (29,5-53,7%) являлся доминирующим и представлен классами  $\alpha$ -,  $\beta$ -,  $\delta$ - и  $\sigma$ -*Proteobacteria*. Субдоминантами в изученных образцах являлись филумы *Firmicutes* (7,5-20,7%), *Chloroflexi* (8,7-29%), *Nitrospirae* (3,1-8,2%), *Acetothermia* (0,5-8,9%) и *Actinobacteria* (1,3-3,4%), где их соотношение варьировало в зависимости от биотопа.

Деятельность микробного сообщества в термальных источниках зависит от поступления с подземными водами биогенных элементов и субстратов для биохимических реакций и от абиотических факторов, таких как порода, температура и химический состав воды [Намсараев и др., 2007].

Так, в термальном источнике Кучигер состав микробного сообщества воды и донных осадков в транзитной зоне смешения подземных и поверхностных вод представлен различными филогенетическими группами, характеризующиеся различными типами метаболизма и способные использовать широкий спектр доноров и акцепторов электронов. Хемолитотрофные бактерии, такие как *Thiobacillus*, *Thermodesulfobivrio*, *Geobacter*, *Gallionella* являлись доминирующей группой в изученных микробных сообществах воды и донных

осадков. Хемоорганотрофные бактерии принадлежали родам *Litorilinea* и уникальным таксономическим группам *Acetothermia\_genera\_incertae\_sedis*, *Aminicenantes\_genera\_incertae\_sedis*.

Таким образом, можно предположить, что микробное сообщество воды и донных осадков в термальном источнике Кучигер участвуют в трансформации химических веществ, образовании и потреблении газов, в биогеохимических циклах углерода и серы, формировании химического состава и лечебного фактора вод и донных осадков. Исследования выполнены в рамках НИР «Микробные сообщества экстремальных природных экосистем Байкальского региона: структурно-функциональная организация и биотехнологический потенциал», Рег. № 121030100229-1

Раднагуруева Арюна Арсалановна, научный сотрудник лаборатории микробиологии Института общей и экспериментальной биологии СО РАН, Улан-Удэ, Россия.

Телефон: +7 (924)-650-99-06

E-mail: aryuna\_rg@mail.ru

**89. “JUMBO” ФАГ AERS\_266,  
СПЕЦИФИЧНЫЙ К БАКТЕРИЯМ  
ВИДА *AEROMONAS SALMONICIDA*:  
БИОЛОГИЧЕСКИЕ СВОЙСТВА  
И ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА**

*Морозова В.В.*<sup>1</sup>, *Козлова Ю.Н.*<sup>1</sup>, *Тикунов А.Ю.*<sup>1</sup>,  
*Бардашева А.В.*<sup>1</sup>, *Жиравская Е.В.*<sup>1</sup>,  
*Федорец В.А.*<sup>1,2</sup>, *Ушакова Т.А.*<sup>1</sup>, *Тикунова Н.В.*<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Институт химической биологии  
и фундаментальной медицины СО РАН,  
Новосибирск, Россия

<sup>2</sup> Новосибирский государственный университет,  
Новосибирск, Россия

Бактерии рода *Aeromonas* широко распространены в различных водных экосистемах, а также могут быть выделены из различных других источников, таких как морепродукты, молочные продукты, мясо, овощи, хлорированная вода и др. Вид *Aeromonas salmonicida* является возбудителем септицемии у рыб, приводящей к внутренним и наружным кровотечениям, экзофтальму, гниению хвоста и гибели рыбы. Аэромонадные инфекции у рыб в основном лечатся антибиотиками; однако интенсивное их применение привело к появлению резистентности в бактериальных популяциях. Поэтому рассматриваются альтернативные

методы лечения для замены или дополнения антибиотикотерапии в аквакультуре, и фаготерапия может быть одним из них.

Ключевые слова: *Aeromonas salmonicida*, бактериофаг, phiKZ, геном, мультисубъединичная РНК-полимераза

Впервые был выделен и охарактеризован новый “Jumbo” фаг *Aeromonas salmonicida* AerS\_266 и его штамм-хозяин *A. salmonicida* СЕМТС 4537. Фаг и его хозяин были выделены из образца, взятого в загрязненном пруду в г. Новосибирске, РФ. Фаг AerS\_266 способен инфицировать только мезофильные штаммы *A. salmonicida* и демонстрирует медленный литический жизненный цикл. Геном AerS\_266 имеет длину 243 674 п.н., и содержит 254 предполагаемых гена, 84 из них кодируют белки с предсказанной функцией, а три гена соответствуют тРНК. В геноме фага были обнаружены гены, кодирующие две мультисубъединичные РНК-полимеразы, чималлин и белок PhuZ, поэтому AerS\_266 был отнесен к phiKZ-подобным бактериофагам. AerS\_266 - первый phiKZ-подобный фаг, заражающий *A. salmonicida*, так как ранее описанные аналогичные аэромонадные фаги с длинными геномами (>200 т.п.н.) были специфичны к *Aeromonas hydrophila* и *A. veronii*. Наиболее близким к AerS\_266 фагом является фаг *A. hydrophila* ZPАН34, принадлежащий к роду *Chaoshanvirus* (между геномами AerS\_266 и ZPАН34 71% выявлено нуклеотидного сходства).

Таким образом, впервые был найден phiKZ-подобный бактериофаг AerS\_266, специфичный к штаммам *A. salmonicida*.

Работа была поддержана проектом 2021-1930-ФП5-8365-8981 (Соглашение 075-15-2021-1085).

Морозова Вера Витальевна, старший научный сотрудник Лаборатории молекулярной микробиологии ИХБФМ СО РАН, Новосибирск, Россия

Телефон: +7 (913) 920-62-56

E-mail: Vera\_morozova@ngs.ru;  
morozova@niboch.nsc.ru

## 90. СТРУКТУРА И МЕТАБОЛИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ МИКРОБИОМА ПОВЕРХНОСТНОГО СЛОЯ ДОННЫХ ОТЛОЖЕНИЙ ОЗЕРА БАЙКАЛ ПО ДАННЫМ МЕТАГЕНОМНОГО АНАЛИЗА

Букин С.В.<sup>1</sup>, Харо-Морено Х.М.<sup>2</sup>, Ломакина А.В.<sup>1</sup>,  
Захаренко А.С.<sup>1</sup>, Шубенкова О.В.<sup>1</sup>,  
Колесников П.М.<sup>1</sup>, Родригес-Валера Ф.<sup>2</sup>,  
Букин Ю.С.<sup>1</sup>, Земская Т.И.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФГБУН Лимнологический институт Сибирского  
отделения РАН, Иркутск, Россия

<sup>2</sup> Университет Мигеля Эрнандеса, Аликанте,  
Испания

За последнее десятилетие проведено множество исследований, проливших свет на состав и структуру микробных сообществ донных отложений озера Байкал, их пространственную изменчивость и взаимосвязь с физико-химическими факторами среды. Однако, в их основе лежит анализ последовательностей маркерных генов (16S рРНК и др.), что не дает точного представления о экологической роли и об особенностях и возможной уникальности метаболизма большинства представителей микробиома. В данной работе проведен метагеномный анализ сообществ трех образцов поверхностного слоя (0-3 см) донных отложений озера Байкал, отобранных в 2019 и 2022 годах на глубоководной (1475 м) фоновой станции вблизи поселка Листвянка. В результате секвенирования на платформах Illumina и MGI TESH в формате 2X150 пн, суммарно получено 223,5 млн прочтений совместная сборка которых позволила реконструировать 35 геномов, оценочной полнотой более 50% и контаминационным показателем менее 10%. Собранные геномы позволяют оценить метаболические возможности представителей филумов, составляющих основу исследуемого микробиома – *Pseudomonadota* (10), *Desulfobacterota* (9), *Actinomycetota* (3), *Gemmatimonadota* (3), *Nitrospirota* (3), *Acidobacteriota* (2), *Chloroflexota* (2), *Candidatus Omnitrophica* (1), *Methylomirabilota* (1), *Thermoproteota* (1).

Исследования выполнены при поддержке гранта РФФ 22-14-00084.

Букин Сергей Викторович, научный сотрудник лаборатории микробиологии углеводородов ФГБУН Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук, Иркутск, Россия.

Телефон: +7 (964) 543-58-58

E-mail: sergeibukin@lin.irk.ru

## 91. АЭРОБНАЯ И АНАЭРОБНАЯ БИОДЕГРАДАЦИЯ УГЛЕВОДОРОДОВ НЕФТИ В ДОННЫХ ОТЛОЖЕНИЯХ ЯПОНСКОГО МОРЯ И ТАТАРСКОГО ПРОЛИВА

Пономарева А.Л., Еськова А.И., Полоник Н.С.,  
Шакиров Р.Б.

ФГБ УН Тихоокеанский океанологический  
институт им. В. И. Ильичева ДВО РАН,  
г. Владивосток, Россия

Наиболее широко описанными в литературе являются процессы аэробного окисления углеводородов в морских донных отложениях. При этом предполагается, что анаэробную биodeградацию осуществляют только облигатно анаэробные микроорганизмы, а возможное участие аэробных и факультативно-анаэробных микроорганизмов в анаэробном окислении углеводородов практически не изучено.

Исследование проводилось с помощью обнаружение биомаркеров аэробного и анаэробного разложения углеводородов (*alkBB*, *bssA*, *masD*) в морских донных отложениях и сравнения способности штаммов, выделенных в этих же районах, к анаэробному окислению углеводородов с помощью культуральных методов и хромато-масс-спектрометрии. Оценка способности к биodeградации нефти в анаэробных условиях культуральными методами позволила выявить большой вклад микроорганизмов в этот процесс, который не учитывали с помощью стандартных генов биомаркеров. Впервые мы выявили эту способность у 38 из 55 штаммов, принадлежащих к родам *Stenotrophomonas*, *Psychrobacter*, *Micrococcus* и *Peribacillus*.

Способность к деструкции в аэробных и/или анаэробных условиях завесила от рода изучаемого штамма. Анаэробная деградация преобладала в большей степени у представителей родов *Pseudomonas* и *Rhodococcus*.

Кроме этого, нами была выделена группа факультативно анаэробных микроорганизмов не способных к деструкции углеводородов в аэробных условиях, но способных к их утилизации в бескислородных условиях.

Работа выполнена в рамках гостемы «Исследование состояния и изменений природной среды на основе комплексного анализа и моделирования гидрометеорологических, биогеохимических, геологических процессов и ресурсов Дальнего Востока», (0211-2021-0012), АААА-А19-119122090009-2.

Пономарева Анна Леонидовна, старший научный сотрудник лаборатории комплексных исследований окружающей среды и минеральных ресурсов, ФГБ УН Тихоокеанский океанологический институт им. В. И. Ильичева ДВО РАН (ТОИ ДВО РАН), г. Владивосток, Россия  
Телефон: +7 (999) 040-04-66  
E-mail: [ponomareva.al@poi.dvo.ru](mailto:ponomareva.al@poi.dvo.ru)

## 92. ДНК-МЕТАБАРКОДИНГ ПРОКАРИОТНЫХ СООБЩЕСТВ МОЛЛЮСКОВ В РАЗЛИЧНЫХ РЕГИОНАХ РОССИИ

*А.С. Аксёнов*<sup>1,2</sup>, *О.Я. Кисиль*<sup>1,2</sup>, *А.В. Кропотин*<sup>1</sup>,  
*О.В. Аксёнова*<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики имени академика Н.П. Лавёрова УРО РАН, Архангельск, Россия

<sup>2</sup> Северный (Арктический) федеральный университет имени М.В. Ломоносова, Архангельск, Россия

### Введение:

При интеграции современных биотехнологических процессов, усовершенствовании пищевых технологий и охране окружающей среды все чаще применяются метагенетические подходы, позволяющие своевременно получать информацию об используемых микроорганизмах. В качестве носителей бактерий – потенциальных продуцентов промышленно-значимых метаболитов могут выступать различные виды моллюсков. Пресноводные моллюски в данном аспекте малоизучены, однако, за последнее десятилетие отмечается накопление генетической информации об ассоциированной с ними микрофлоре.

### Материалы и методы:

Образцы пресноводных моллюсков были собраны из 5 географических зон России: Сибирь, Арктика, Европейская часть России, северная и южная часть Дальнего Востока. Выделение ДНК из мягких тел моллюсков, а также внутренних органов, разрушение клеточных стенок микроорганизмов, создание библиотеки фрагментов гена 16S рРНК методом ПЦР с применением праймеров на варибельный участок V4, секвенирование и обработку данных осуществляли в соответствии с работой (Аксенов с соавт., 2023).

### Результаты:

Впервые получены данные о таксономическом разнообразии бактерий и архей, ассоциированных с пресноводными моллюсками в различных географических зонах России. Показано, что наиболее высокие индексы Шэннона, Симпсона и Chao1 характерны для микробных сообществ моллюсков юга Дальнего Востока. На различных таксономических уровнях показано разнообразие доминирующих прокариот моллюсков различных родов/видов. Первичный сравнительный анализ одних и тех же видов моллюсков в репрезентативной выборке продемонстрировал существенные различия в составе бактерий и архей, например, для прудовиков они заключаются в различной доле (отличие в 5 и более раз) архей, а также бактерий Cyanobacteria, Fusobacteria, Firmicutes, Actinobacterota.

### Заключение:

Дальнейший анализ таксономического состава бактерий позволит установить более глубокие биогеографические, меж- и внутри- видовые различия, а также выявить роль определенных бактерий и архей в функционировании моллюсков. Результаты получены с использованием оборудования ЦКП «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» ФГБНУ ВНИИСХМ. Исследования выполнены при финансовой поддержке РФФ (проект № 21-74-10155).

Аксенов Андрей Сергеевич, научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики имени академика Н.П. Лавёрова УРО РАН, Архангельск Россия.  
Телефон: +7 (921) 291-54-46  
E-mail: [a.s.aksenov@narfu.ru](mailto:a.s.aksenov@narfu.ru)

## 93. СЕРНЫЙ МЕТАБОЛИЗМ *THIOCAPSA BOGOROVII* BBS И РОЛЬ В НЕМ HYDSL-ГИДРОГЕНАЗЫ

*Петушкова Е.П., Хасимов М.Х., Цыганков А.А.*

Институт фундаментальных проблем биологии  
Российской академии наук – обособленное  
подразделение ФИЦ ПНЦБИ РАН, г. Пущино,  
Россия

С целью изучения особенностей серного метаболизма *T. bogorovii* BBS и роли в нем гидрогеназ полная последовательность генома бактерии сопоставлена с геномом другого представителя семейства *Chromatiaceae*, *Allochroium vinosum* DSM

180 °C, серный метаболизм которой изучен в деталях. Для этого были использованы возможности функциональной аннотации генов в базе данных KEGG, программное обеспечение для online анализа генома Subsystem Technology (RAST; version 2.0), проведен ручной поиск интересующих генов с помощью алгоритма tBlastn. Полученные результаты были сопоставлены с информацией о возможных путях окисления серы, обобщенной в обзорах К. Даль [1]. Составлена схема, отображающая выявленные на уровне генома реакции серного метаболизма *T. bogorovii* BBS. Предполагается, что возможная связь гидрогеназы HydSL *T. bogorovii* с серным метаболизмом заключается в том, что гидрогеназный-Isp1-Isp2 комплекс может переносить электроны от H<sub>2</sub>, окисляемого в периплазме, через мембрансвязанный b-цитохром (DsrM-подобный Isp1) и мембран-ассоциированный цитоплазматически ориентированный DsrK-подобный белок (Isp2) на цитоплазматический гетеродисульфид. При этом DsrC-дисульфид может быть донором серы для комплекса HydSL гидрогеназы и Isp1-Isp2 белков. Для уточнения белкового состава комплекса проведено его хроматографическое выделение и протеомный анализ фракции, обладающей активностью по восстановлению серы до сульфида. Полученные результаты обсуждаются в данной работе.

Dahl, C. (2017). Sulfur metabolism in phototrophic bacteria. *modern topics in the phototrophic prokaryotes: metabolism, bioenergetics, and omics*, 27-66

Петушкова Екатерина Павловна, старший научный сотрудник лаборатории биотехнологии и физиологии фототрофных организмов ИФПБ РАН – обособленного подразделения ФИЦ ПНЦБИ РАН, Пушкино, Россия

Телефон: +7 (496) 773-27-91

E-mail: peteka2008@gmail.com

#### 94. РОЛЬ ТРАНСПОРТА СТЕРИНОВ В СПОРУЛЯЦИИ ДРОЖЖЕЙ SACCHAROMYCES CEREVISIAE.

Сурикова Е.Д., Бартыш Е.А., Гольшиев С.А.,  
Кнорре Д.А., Северин Ф.Ф., Соколов С.С.

НИИ физико-химической биологии им.

А.Н. Белозерского, МГУ им. М.В. Ломоносова

В условиях голодания по азоту и глюкозе диплоидные клетки дрожжей *Saccharomyces cerevisiae* вступают в процесс споруляции, в результате которого клетка претерпевает мейоз и упаковывает образовавшиеся гаплоидные ядра в особые клетки - споры. Этим событиям сопутствует de novo образование нескольких клеточных структур: двух проспоровых мембран между которыми формируется особо прочная споровая клеточная стенка. Затем наружная проспоровая мембрана разрушается, а внутренняя становится плазматической мембраной споры. Споровая мембрана формирующейся гаплоидной клетки образуется из эндоплазматического ретикулума - компартмента, в котором концентрация стерина значительно ниже, чем в плазматической мембране. Мы показали, что нарушение генов транспортеров стерина семейства LAM, в зависимости от числа нарушенных генов, приводит к дефектам спорообразования от снижения числа спор в аске до полной неспособности образовывать споры. Споры мутантов по генам LAM обладают меньшей устойчивостью к стрессам, чем споры дикого типа. Сравнение электронных микрофотографий спор штаммов дикого типа и мутантов по генам LAM выявило, что в среднем клеточная стенка спор мутантов по генам LAM толще, а внешние слои могут отслаиваться или быть прерывистыми. Мы показали, что транспортеры стерина необходимы для спорообразования. Работа поддержана грантом РФФИ № 23-14-00172.

Соколов Святослав Сергеевич, старший научный сотрудник, НИИ физико-химической биологии им. А.Н.Белозерского, МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия,

Телефон: +7 (916) 182-19-13

E-mail: sviatoslav.sokolov@gmail.com



## 95. ЗАРОЖДЕНИЕ МЕТАБОЛИЗМА В ПЕРВИЧНЫХ ФОРМАХ ЖИЗНИ ЗАФИКСИРОВАННОЕ В ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ВЫХОДА БАКТЕРИАЛЬНЫХ КЛЕТОК ИЗ АНАБИОЗА

Компаниченко В.Н.<sup>1</sup>, Эль-Регистан Г.И.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Институт комплексного анализа региональных проблем ДВО РАН. Биробиджан  
<sup>2</sup> ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН, Москва

В докладе будет рассмотрена эволюция метаболических процессов в ходе зарождения жизни на Земле. Основой является разработанная концепция термодинамической инверсии, в рамках которой переход от химических к живым системам рассматривается через смену баланса «суммарный вклад энтропии ( $S_{\Sigma}$ ) / суммарный вклад свободной энергии ( $F_{\Sigma}$ )» от положительного к отрицательному [1]. Согласно инверсионному подходу, данный переход произошел через промежуточное состояние, которое поддерживалось в колебательном режиме. В микробиологии покоящаяся бактериальная клетка занимает аналогичное промежуточное положение между неживым и живым: она неспособна противодействовать росту энтропии, но сохраняет структурную память о предыдущем живом состоянии (например, запасенные транскрипты РНК). Из этого вытекает идея о возможности корреляции этих процессов - предбиологического и микробиологического, стартовой точкой которых является промежуточное состояние. В обоих случаях дальнейшее развитие метаболизма протекало на фоне увеличения резервов свободной энергии в системе, противоречивых трендов к гетерогенности и кооперации, превалирования синтеза над деструкцией. Используя экспериментально установленную последовательность метаболических изменений при выходе покоящейся клетки из анабиоза в качестве основы, выделяются следующие этапы зарождения метаболизма в колебательных условиях гидротермальных систем на ранней Земле:

1. Самосборка органических микросистем;
2. Их переход в промежуточное состояние, слабое дыхание (протоклетки);
3. Формирование белоксинтезирующего аппарата (живые субклетки);
4. Формирование генетического аппарата и ростового цикла (живые клетки).

Таким образом, этапы зарождения жизни законсервированы в этапах выхода покоящейся бактериальной клетки из анабиоза и каждый раз повторяются в ходе анабиотического процесса. Литература: [1] Kompanichenko V.N. Thermodynamic Inversion: Origin of Living Systems. Springer, Cham (Switzerland), 2017, 275p.

Компаниченко Владимир Николаевич, ведущий научный сотрудник Института комплексного анализа региональных проблем ДВО РАН, Биробиджан, Россия  
Телефон: +7 (914) 811-19-44  
E-mail: kompanv@yandex.ru

## 96. ВСЕ ЛИ РИБОСОМЫ В МИТОХОНДРИЯХ ДРОЖЖЕЙ ОДИНАКОВЫ?

Чичерин Иван Владимирович

### Аннотация:

Митохондрии являются органеллами эукариотической клетки, обеспечивающими энергетический обмен и ряд важных функций. Они произошли эволюционно от альфа-протеобактерий и сохранили собственный геном и аппарат экспрессии генов. Митохондриальные рибосомы в целом устроены по стандартному плану, но при этом имеют ряд отличительных особенностей. Одной из них является наличие большого количества рибосомных белков, не имеющих гомологов у прокариот, функции большинства из которых неизвестны. Существует гипотеза о белок-специфической трансляции, согласно которой состав митохондриальных рибосом не является постоянным и зависит от транскрибируемой мРНК. Гипотеза выглядит привлекательной для митохондрий дрожжей по ряду обстоятельств. Во-первых, в них синтезируется всего 8 белков; во-вторых, трансляция каждой мРНК регулируется уникальным набором трансляционных активаторов. В данной работе мы получили штаммы-мутанты дрожжей, содержащие аффинные тэги на нескольких белках митохондриальных рибосом и на активаторах трансляции. Мы очистили рибосомы методом аффинной хроматографии и проанализировали их состав с помощью масс-спектрометрии. Кроме того, мы определили мРНК, связанные с ними, методом количественной ПЦР. В результате мы обнаружили, что рибосомы, очищаемые за аффинные тэги на рибосомных белках, имеют сходный белковый состав. При этом белковый состав митохондриальных рибосом, очищаемых

за аффинный тэг на активаторе трансляции, имеет значительные отличия. Анализ мРНК показал, что в рибосомах, связанных с активатором, обнаруживаются всего 2 мРНК, в то время как в рибосомах, очищенных за тэги на миторибосомных белках, обнаруживаются практически все мРНК митохондрий.

## 97. МИКРОБНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ ПОЛУЧЕНИЯ ФИТОСТИМУЛИРУЮЩИХ ПРЕПАРАТОВ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ БАКТЕРИАЛЬНО-ГРИБНЫХ КУЛЬТУР

Цивилева О.М., Шатерников А.Н., Евсеева Н.В.

Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов, ФИЦ «Саратовский научный центр РАН» (ИБФРМ РАН), Саратов, Россия

Основой синтетических и природных стимуляторов роста растений могут быть химические соединения и продукты жизнедеятельности различных организмов соответственно. Метаболиты высших грибов-ксилотрофов как продуцентов разнообразных биологически активных веществ потенциально перспективны в качестве природных регуляторов роста растений, однако такие данные в литературе практически отсутствуют.

Целью работы был скрининг биопрепаратов, полученных на основе метаболитов ксилотрофных макромицетов, на предмет выявления положительного действия на физиолого-биохимические показатели проростков пшеницы с оценками эффекта бактериального микропартнера искусственных ассоциаций микроорганизмов. Для изготовления биопрепаратов использовали погруженные монокультуры базидиомицетов и их бинарные культуры с ростостимулирующими бактериями. В экспериментах, предшествующих получению биопрепаратов, осуществлена физиолого-биохимическая характеристика двойных культур ксилотрофных базидиомицетов *Flammulina velutipes*, *Ganoderma lucidum*, *Laetiporus sulphureus*, *Lentinula edodes*, *Pleurotus ostreatus* с бактериями. Изучены параметры, характеризующие видовые и штаммовые особенности физиологии роста макромицетов на питательных средах с бактериальными микросимбионтами родов *Bradyrhizobium*, *Pseudomonas*, *Stenotrophomonas*, в отношении погруженных культур.

Анализ экспериментальных данных по влиянию изучаемых препаратов микробного происхождения на проростки пшеницы позволил констати-

ровать, что ответная реакция растений пшеницы, проявляющаяся в положительных изменениях морфологических параметров растения, наиболее выражена в случае воздействия препаратов на основе *Ganoderma lucidum* 1315, *Laetiporus sulphureus* 120707, *Flammulina velutipes* 0535. При добавлении в среду выращивания пшеницы биобразцов из бинарных культур *G. lucidum* с бактериями *Bradyrhizobium japonicum*, *Stenotrophomonas* sp., *Pseudomonas fluorescens* и *Pseudomonas putida* наблюдали увеличение длины листа примерно на 20%, а также возрастание величин и сырой, и сухой биомассы проростков: сухого листа – в 1,5 раза, сухого корня – на 30%. Аналогично действовали препараты на основе *L. sulphureus*, выращенного с *B. japonicum*, *Stenotrophomonas* sp., *Ps. fluorescens* или *Ps. putida*: сырая и сухая биомасса листа проростков увеличивалась на 30% и 50% соответственно в сравнении с необработанными растениями. Метаболиты макромицета *F. velutipes*, культивируемого с любым из изученных штаммов бактерий, способствовали увеличению длины листа проростков пшеницы не менее чем на 15%. Выявленный вклад бактериального ассоцианта заключался не только в стимулировании роста базидиомицетов, но и усилении защитных свойств мицелия путем изменения редокс-статуса, усиленной биопродукции метаболитов как фенольной природы с антиоксидантными (фенольные кислоты) и ауторегуляторными (тирозол) свойствами, так и индольной природы со свойствами ауторегулятора, выявленного у низших грибов (триптофол), фитогормональными (ИУК и ее предшественники), а также биопродукции метаболитов с антибактериальными и антифунгальными свойствами (индол, 2-индолинон, производное изокумарина, производное 3-гидрокси-4-пиранона, производное 1,2-циклопентандиона).

Полученные результаты дают основание оценивать ряд биопрепаратов из грибных и бактериально-грибных культур в качестве средства, стимулирующего рост и развитие пшеницы.

Работа поддержана грантом Российского научного фонда (№ 22-24-00415).

Цивилева Ольга Михайловна, ведущий научный сотрудник ИБФРМ РАН, Саратов, Россия

Телефон: +7 (960) 346-25-02

E-mail: tsivileva\_o@ibppm.ru

## 98. РАЗНООБРАЗИЕ МИКРООРГАНИЗМОВ САПРОПЕЛЯ И ИХ ИСПОЛЬЗОВАНИЕ В БИОТЕХНОЛОГИИ УВЕЛИЧЕНИЯ НЕФТЕИЗВЛЕЧЕНИЯ ИЗ КАРБОНАТНЫХ КОЛЛЕКТОРОВ

*Д.Ш. Соколова*<sup>1</sup>, *М.Р. Хисаметдинов*<sup>2</sup>,  
*Т.Л. Бабич*<sup>1</sup>, *Е.М. Семенова*<sup>1</sup>, *А.А. Миних*<sup>3</sup>,  
*А.В. Марданов*<sup>1</sup>, *Т.Н. Назина*<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Институт микробиологии им.  
С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН,  
Москва, Россия

<sup>2</sup> Татарский научно-исследовательский  
и проектный институт нефти (ТатНИПИнефть),  
Бугульма, Россия

<sup>3</sup> ООО «НТЦ «Татнефть»

Основная область применения микробиологических методов увеличения нефтеизвлечения (ММУН) – коллектора терригенных отложений, сложенных песчаниками порового типа, тогда как применение этой группы методов в трещиноватых карбонатных отложениях осложнено геологическим строением, высокой вязкостью нефти и гидрофобностью. Совместно с институтом «ТатНИПИнефть» и ООО «НТЦ Татнефть» были выполнены исследования для разработки и испытаний новой технологии микробиологического воздействия для условий ПАО «Татнефть», включающей применение природных дисперсных материалов, обеспечивающих снижение проницаемости наиболее высокопроницаемых интервалов, при этом содержащих сообщество микроорганизмов, способных к выделению комплекса нефтевытесняющих агентов, улучшающих подвижность высоковязкой нефти в условиях наличия углеводородных и углеводных субстратов.

Выполнены микробиологические и молекулярно-экологические исследования микроорганизмов пластовых вод Архангельского и Ямашинского нефтяных месторождений с карбонатными коллекторами и высокоминерализованной пластовой водой. Проведен поиск субстратов, способствующих накоплению летучих кислот (ацетата, пропионата) и газа ( $H_2$ ,  $CO_2$ ), обладающих нефтевытесняющим эффектом. Бродильные бактерии из Архангельского месторождения использовали ряд органических субстратов (глюкозу, сахарозу, крахмал, глицерин, фумарат, цитрат, лактат, этанол) с образованием спиртов (метанола и этанола) и кислых продуктов (летучих кислот и углекислоты), накопление которых приводило к снижению рН сре-

ды с 7–7.2 до 4.7–6.2. В качестве органического субстрата был выбран крахмал, который вносили в сочетании с нестерильным мелкодисперсным сапропелем и минеральными солями азота и фосфора в виде  $(NH_4)_2PO_4$ . Исследования микробного сообщества сапропеля методом метабаркодинга генов 16S рРНК показали, что в его составе преобладают актинобактерии рода *Streptomyces*. Штаммы стрептомицетов, выделенные из сапропеля, были способны использовать *n*-алканы нефти с образованием биосурфактантов. Эти результаты свидетельствуют, что кроме блокирующего действия сапропеля, приводящего к увеличению охвата пласта воздействием, микробиота этого природного материала способствует более эффективному вытеснению нефти, по сравнению с вытеснением водой.

В ПАО «Татнефть» инициированы опытно-промышленные испытания разработанного метода, предварительные положительные результаты которых подтверждают данные лабораторных исследований.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (грант № 21-64-00019).

Соколова Дияна Шамилевна, старший научный сотрудник лаборатории нефтяной микробиологии ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (499) 135-03-41

E-mail: sokolovadiyana@gmail.com

## 99. РЕГУЛЯЦИЯ АТФАЗНОЙ АКТИВНОСТИ БАКТЕРИАЛЬНЫХ АТФ-СИНТАЗ В УСЛОВИЯХ МОДЕЛИРОВАНИЯ ДЕЭНЕРГИЗАЦИИ *IN VITRO*.

*Третьяков Данила, Лапашина Анна, Фенюк Борис*

Научно-исследовательский институт физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского, Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Москва

Известно, что АТФ-синтазы бактерий способны как синтезировать АТФ, так и гидролизовать его для поддержания на мембране протонного градиента. При этом клеткам важно контролировать процесс гидролиза, чтобы избежать истощения клеточного АТФ. Один из консервативных способов подавления АТФазной активности - это АДФ-ингибирование. Он представляет собой возможный переход фермента после акта гидролиза

АТФ в инактивированное состояние при нахождении в активном сайте АДФ без фосфата. Литературные данные говорят о разной силе данного механизма для различных видов, например АТФазная активность фермента *Escherichia coli* слабо подавляется присутствием в среде АДФ, в отличие от фермента *Bacillus sp. PS3*, активность которого ингибируется сильно.

Роль неорганического фосфата в регуляции АТФазной активности фермента также неоднозначна. С одной стороны, фосфат ингибирует гидролиз АТФ как продукт реакции, однако он также влияет на выраженность АДФ-ингибирования. Ранее исследования АДФ-ингибирования *in vitro* были осложнены невозможностью измерения кинетики реакций в присутствии АДФ и фосфатов одновременно. Это было связано с ограничением применимости имеющихся биохимических методов.

Нами был разработан метод измерения концентрации АТФ *in vitro*, лишенный этих ограничений. Метод основан на применении селективных белковых АТФ-связывающих флуоресцентных зондов, которые меняют спектральные свойства при связывании АТФ.

С помощью данного метода были впервые получены данные о регуляции АТФазной активности АТФ-синтаз *Escherichia coli*, *Bacillus subtilis* и *Bacillus sp. PS3* в условиях, моделирующих де-энергизацию клетки, а именно при высоких концентрациях АДФ и физиологических концентрациях фосфата. Парадоксальным образом фермент *Escherichia coli*, несмотря на описанный ранее в литературе слабый уровень АДФ-ингибирования, в условиях де-энергизации теряет большую часть своей активности. При этом ферменты *Bacillus subtilis* и *Bacillus sp. PS3*, которые, как предполагалось, инактивируются в условиях де-энергизации, напротив, сохраняли большую часть своей АТФазной активности. Также было обнаружено, что уровень АДФ-ингибирования АТФ-синтазы *Bacillus subtilis* снижается с повышением температуры. Ранее температурная зависимость данного механизма не обнаруживалась.

Третьяков Данила Олегович, ведущий инженер отдела информации научно-исследовательского института физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского, Московского государственного университета имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия.

Телефон: +7 (925) 819-04-63

E-mail: [tretyakov3927@gmail.com](mailto:tretyakov3927@gmail.com)

## 100. ВЛИЯНИЕ ИСТОЧНИКОВ АЗОТА И ФОСФОРА НА СОЛЮБИЛИЗАЦИЮ ФОСФОРА БАКТЕРИЯМИ

Сидоренко М.Л.

ФНЦ Биоразнообразия ДВО РАН

В настоящее время актуальным является поиск экологически чистых способов увеличения количества фосфора, доступного для растений. Один из таких – применение микроорганизмов, которые способны освобождают фосфор из нерастворимых соединений. Иногда активная работа микроорганизмов может быть единственным методом повышения уровня доступного фосфора. Часто разложение фосфора связывают с выделением тех или иных кислот, но взаимосвязи между содержанием органических кислот и количеством растворенного фосфора не обнаружено. Что косвенно указывает на то, что имеются и иные факторы, которые участвуют в процессах солюбилизации фосфора. Существует огромный интерес к возможности химического извлечения фосфора из неорганических соединений, которые сложно растворяются в воде: синтез органических кислот, ионов гидроксида, диоксида углерода и прочих веществ, способных растворять минералы. В данной работе мы рассмотрим результаты эксперимента, в котором исследовали механизм солюбилизации фосфора бактериями *Pantoea agglomerans* Ф19 ВКПМ В-13869, которые обладают ростостимулирующими и фитопротекторными свойствами в отношении зерновых культур, способствуют повышению их урожайности. Вследствие проведенных исследований было обнаружено, что растворение неорганического фосфора (трикальцийфосфат) тесно связано со снижением кислотности, что обусловлено действием бактерий. Для повышения растворимости фосфора требуется азот в форме аммония, в то время как азот в форме нитратов не оказывает влияния на скорость данного процесса. Вследствие уменьшения значения рН происходит выделение дополнительного количества фосфора. Помимо этого, источники углерода также воздействуют на выделение катионов фосфора. Следовательно, уровень кислотности уменьшался более эффективно при внесении глюкозы в окружающую среду в качестве единственного источника углерода. При сохранении других параметров, введение фруктозы приводило к уменьшению кислотности окружения в меньшей степени.

Сидоренко Марина Леонидовна, кандидат биоло-

гических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории почвоведения и экологии почв ФГБУН ФНИЦ Биоразнообразия ДВО РАН, Владивосток, Россия.

Телефон: +7 (914) 712-65-63

E-mail: sidorenko@biosoil.ru

### 101. СПЕЦИФИЧЕСКИЙ ОТВЕТ БАКТЕРИАЛЬНЫХ КЛЕТОК НА ДЕЙСТВИЕ В-ИОНОНА

Сидорова Д.Е.<sup>1</sup>, Мелькина О.Е.<sup>1</sup>, Кокшарова О.А.<sup>1,2</sup>,  
Вагнер Е.Н.<sup>3</sup>, Хмель И.А.<sup>1</sup>, Плюта В.А.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФГБУ КК НБИКС-ПТ НИЦ «Курчатовский институт», 123182, Москва

<sup>2</sup> НИИФХБ имени А.Н. Белозерского МГУ им. М.В. Ломоносова, 119992, Москва

<sup>3</sup> ФГБОУ ВО РХТУ им. Д.И. Менделеева, 125047, Москва

Летучие органические соединения (ЛОС), выделяемые микроорганизмами, обладают различной биологической активностью, однако механизмы действия ЛОС всё еще остаются малоизученными. В работе изучен ответ бактериальных клеток на действие ненасыщенного кетона  $\beta$ -иона, являющегося перспективным фармакологическим, биотехнологическим и с/х агентом. Исследование проводили с помощью биолюминесцентных штаммов *Escherichia coli*, содержащих индуцируемые промоторы, реагирующие на окислительный стресс, повреждение ДНК (SOS-ответ) и белков («тепловой шок»), транскрипционно слитые с репортерными генами *luxCDABE Photorhabdus luminescens*.

В клетках *E. coli* на окислительный стресс отвечают OxyR/OxyS и SoxR/SoxS регулоны, специфически активирующиеся при появлении пероксида водорода и супероксидного анион-радикала, соответственно. Показано, что  $\beta$ -ион вызывает окислительный стресс в клетках *E. coli* посредством индукции промоторов *PkatG* и *Pdps* (регулируемых OxyR), но не *PsoxS*. Влияние  $\beta$ -иона на индукцию промоторов *PibpA* и *PgrpE* (повреждение белков) и *PcolD* и *PdinI* (повреждение ДНК) было выражено слабо или отсутствовало.

Для сравнения способности  $\beta$ -иона вызывать окислительный стресс у грамположительных бактерий использовали биосенсор на основе *Bacillus subtilis*. Показано, что действие  $\beta$ -иона не вызывает окислительный стресс в клетках *B. subtilis* 168 pNK-MrgA даже при длительном времени ин-

кубации. Таким образом, впервые показан специфичный ответ бактериальных клеток на действие  $\beta$ -иона.

Работа частично финансировалась в рамках гос-задания НИЦ «Курчатовский институт» на 2022-2023 годы и соглашения с Минобрнауки № 075-15-2019-1659.

Сидорова Дарья Евгеньевна, младший научный сотрудник ФГБУ КК НБИКС-ПТ НИЦ «Курчатовский институт», 123182, Москва, Россия.

Телефон: +7 (916) 444-99-68

E-mail: misenok1@gmail.com

### 102. ПОИСК SPP1-ПОДОБНЫХ БАКТЕРИОФАГОВ *BACILLUS SUBTILIS* И ОПРЕДЕЛЕНИЕ ИХ ГЕНОМНОГО ПОЛИМОРФИЗМА

Гнучих Е.Ю.<sup>1</sup>, Хегай А.А.<sup>1,2</sup>, Прозоров А.И.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> НИЦ «Курчатовский институт», Курчатовский  
Геномный центр, Москва

<sup>2</sup> ФГБОУ ВО РХТУ им. Д.И. Менделеева, Москва

#### Ключевые слова:

Бактериофаг SPP1, *Bacillus subtilis*, система рекомбинации RecET, CRISPR/Cas.

SPP1 – это вирулентный бактериофаг семейства *Siphoviridae*, содержащий дцДНК, инфицирующий штамм *Bacillus subtilis* 168. Бактериофаг SPP1 содержит в геноме систему рекомбинации RecET. Система RecET интересна как элемент для создания эффективных методов введения мутаций в геном бактерий рода *Bacillus*.

Цель работы – поиск новых SPP1-подобных бактериофагов, инфицирующих *B. subtilis* 168, из природных источников различных локализаций. Было выделено 20 различных фагов, инфицирующих *B. subtilis* 168. У 9 были фенотипически схожие негативные колонии (крупные, около 2-4 мм в диаметре, четкий край, прозрачные, иногда ореол вокруг негативной колонии). С негативных колоний были поставлены ПЦР с олигонуклеотидами, написанными на области генов *recE*, *recT*, *ssb* бактериофага SPP1 (NC\_004166.2). У 9 фагов (схожих фенотипически) ПЦР прошла минимум по одному локусу, а у 4 из них - по всем трем локусам. Размеры ПЦР продукта соответствуют расчетным, что позволило предварительно отнести данные фаги к SPP1-подобным. ДНК фагов была выделена и обработана тремя рестриктазами. Рестрик-

ционный анализ подтвердил различие всех фагов. Выделенные образцы ДНК SPP1-подобных фагов были отправлены на полногеномное секвенирование. По его результатам будет проведен анализ геномного полиморфизма природных изолятов фага SPP1, а система рекомбинации RecET будет адаптирована к ранее сконструированным нами системам CRISPR/Cas, для создания более эффективных методов введения мутаций в геном бактерий рода *Bacillus*.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (Грант № 075-15-2019-1659).

Гнучих Евгений Юрьевич, научный сотрудник НИЦ “Курчатовский институт”, *Курчатовский Геомный центр*, Москва, Россия.

Телефон: +7 (967) 246-16-81

E-mail: gnuchih\_evgeniy@mail.ru

### 103. СРАВНЕНИЕ МЕХАНИЗМОВ АДАПТАЦИИ К ХОЛОДУ У ПСИХРОТОЛЕРАНТА *MUCOR SP.* И ПСИХРОФИЛА *MUCOR PSYCHROPHILUS*

В.М. Терёшина<sup>а, \*</sup>, Е.А. Януцевич<sup>а</sup>, О.А. Данилова<sup>а</sup>, Г.А. Кочкина<sup>б</sup>

<sup>а</sup> Институт микробиологии им.

С.Н. Виноградского, Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук. Ленинский пр-т, 33, 2, Москва, 119071, Россия

<sup>б</sup> Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, Пущино, 142290 Россия

В природе психротолерантность грибов встречается повсеместно, а психрофилия является редким явлением. Механизмы адаптации к холоду включают высокую ненасыщенность жирных кислот фосфолипидов, накопление в цитозоле осмолитов, синтез антифризных белков, пигментов, холодоактивных ферментов. Цель нашего исследования – сравнение состава мембранных липидов и осмолитов у психрофильного *Mucor psychrophilus* и психротолерантного *Mucor sp.* грибов. Липиды экстрагировали методом Николса и анализировали методом двумерной ТСХ и денситометрии с программным обеспечением DENS. Углеводы

экстрагировали кипящей водой, после удаления белков и заряженных соединений получали триметилсилильные производные, анализировали методом ГЖХ.

Психрофил растет в диапазоне от -2 до 20°C и имеет оптимум роста при температуре 12,5°C. Психротолерант растет в более широком диапазоне — от -2 до 26°C с оптимумом роста при 20°C. Профиль мембранных липидов у этих грибов сходен — доминирование небислойных липидов фосфатидных кислот и фосфатидилэтаноламинов на фоне низкого относительного содержания фосфатидилхолинов и стериннов. Общей закономерностью в составе мембранных липидов является снижение долей стериннов и фосфатидилхолинов при культивировании в условиях 4°C по сравнению с оптимальной температурой. При этом у обоих грибов степень ненасыщенности жирных кислот мембранных липидов варьировала в узких пределах (1,55–1,65), независимо от фазы роста и температуры культивирования. У обоих грибов при выращивании в оптимальных условиях в составе осмолитов доминирует трегалоза. При культивировании в условиях 4°C у психрофила доминируют трегалоза и глицерин, тогда как у психротолеранта — только трегалоза. При этом количество трегалозы у психротолеранта при 4°C вдвое выше, чем у психрофила.

Таким образом, у исследуемых грибов выявлены как общие закономерности в составе осмолитов, так и различия в их количестве на фоне постоянства состава мембранных липидов и их жирных кислот, что указывает на ключевую роль осмолитов в адаптации к холодным условиям.

Терёшина Вера Михайловна, ведущий научный сотрудник, рук. группы экспериментальной микологии, Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского, Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук, Москва, Россия.

Телефон: +7 (499) 135-01-69

E-mail: v.m.tereshina@inbox.ru

### 104. ИДЕНТИФИКАЦИЯ

# ГЕНА И ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА НОВОЙ ГРИБНОЙ СТЕРОИДНОЙ 7-ГИДРОКСИЛАЗЫ ШТАММА *CURVULARIA SP. ВКМ F-3040*

Коллеров В.В., Тарлачков С.В., Шутков А.А.,  
Донован М.В.

Институт биохимии и физиологии  
микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН,  
обособленное подразделение ФИЦ «Пушкинский  
научный центр биологических исследований  
РАН», 142290 Московская область, г. Пушкино,  
пр-т Науки, д. 5.

Разнообразие и уникальность грибных цитохром Р450 монооксигеназ (CYP), способных катализировать регио- и стереоспецифическое гидроксирование стероидов, делает их важным объектом в области микробиологического синтеза ценных гидроксистероидов. Препятствием на пути успешного использования цельноклеточных биокатализаторов является наличие в клетках мицелия помимо гидроксилазной активности сопутствующих ферментативных реакций, приводящих к образованию побочных стероидных метаболитов. Перспективным решением проблемы является идентификация генов, ответственных за синтез грибных гидроксилаз и их гетерологическая экспрессия в клетках бактерий или дрожжей с получением рекомбинантных продуцентов ценных гидроксированных стероидов.

Целью настоящей работы являлась идентификация гена и функциональная характеристика новой стероидной 7-гидроксилазы аскомицетного грибного штамма *Curvularia sp. ВКМ F-3040*, отобранного в ходе предварительного широкого скрининга мицелиальных грибов, как наиболее перспективного биокатализатора крайне редкой для микромицетов реакции 7β-гидроксирования, приводящей к образованию ценных 7-гидроксистероидов андростанового ряда – ключевых интермедиатов в синтезе противовоспалительных, нейропротекторных препаратов и ценных желчных кислот.

Высокопроизводительное секвенирование мРНК контрольного и индуцированного стероидом дегидроэпиандростероном (ДГЭА) мицелия *Curvularia sp.*, сборка транскрипта *de novo* и его аннотация выявили 10864 транскрипта с открытой рамкой считывания. Анализ дифференциальной экспрессии позволил обнаружить ген цитохрома Р450, уровень экспрессии которого в наибольшей степени возрастал в ответ на индукцию мицелия

ДГЭА. Среди транскриптов был найден также ген, кодирующий синтез НАДФН-цитохром Р450 редуктазы (CPR) – природного редокс партнёра гидроксилаз гриба.

С использованием кДНК, синтезированной на основе суммарной РНК индуцированного ДГЭА мицелия и сконструированных ген-специфических праймеров были амплифицированы кДНК последовательности генов Р450<sub>cur</sub> и CPR. На основе плазмидного вектора pBluescriptII KS (+) создана бицистронная кассета целевых грибных генов с последующим её клонированием в дрожжевой экспрессионный вектор pPICZA под контроль *AOX1* промотора. Электротрансформация полученной рекомбинантной плазмидой pPICZA-Р450<sub>cur</sub>-CPR компетентных клеток *P. pastoris* с отбором положительных трансформантов на среде с зеоцином позволили получить рекомбинантные штаммы *P. pastoris*-pPICZA-Р450<sub>cur</sub>-CPR с интегрированной в дрожжевую хромосому бицистронной экспрессионной кассетой грибных генов *p450<sub>cur</sub>* и *cpr*. Изучение биоконверсии андростадиендиона (АДД) и ДГЭА рекомбинантными дрожжами позволили определить функциональную активность грибной монооксигеназы, способной катализировать преимущественно реакцию 7β- и, в меньшей степени, 7α-гидроксирования стероидов андростанового ряда.

Полученные данные расширяют знания о Р450-монооксигеназах низших эукариот и открывают перспективы селективного синтеза ценных 7-гидроксистероидов рекомбинантными продуцентами, экспрессирующими ген новой грибной 7-гидроксилазы.

Работа поддержана Российским научным фондом (грант 21-64-0024).

E-mail: svkollerov@rambler.ru

## 105. ТВЕРДОФАЗНЫЙ СПОСОБ

## ПОЛУЧЕНИЯ ПРОБИОТИЧЕСКИХ КОРМОВЫХ ДОБАВОК ДЛЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ

Н.А. Ушакова, В.Г. Правдин, И.В. Правдин,  
Л.З. Кравцова

ФГБУН Институт проблем экологии и эволюции  
им. А.Н. Северцова РАН, ООО НТЦ БИО

В системе кормопроизводства широко применяются пробиотики - класс препаратов для регуляции и улучшения состава кишечной биоты животных. Разработаны высокоэффективные кормовые добавки ПроСтор и ГербаСтор с применением технологии твердофазного культивирования пробиотических штаммов *Bacillus subtilis*, *B. licheniformis*, *B. megaterium*. Препараты содержат живые бактерии и продукты их метаболизма, иммобилизованные на фитосорбенте – свекловичном жоме, а также лекарственные растения.

### Ключевые слова:

Кормовые пробиотики, твердофазная ферментация, биологическая эффективность

Современные пробиотические препараты представляют собой композиции про-, пребиотиков и метабитиков. Эффективность препаратов может быть повышена введением лекарственных растений. Особое внимание уделяется сохранению в комплексных препаратах метаболитов бактерий. В этих целях используется двухстадийная технология получения биологически активной кормовой добавки, включающая: глубинное аэробное культивирование пробиотических штаммов с получением жидкой культуры (первая стадия), и последующая твердофазная ферментация растительного сырья при затрудненном доступе кислорода (вторая стадия). Твердофазная ферментация проводится в условиях ограниченного доступа кислорода при температуре 35- 45°C, рН 7,5-8,0 и влажности смеси 43-48% в течение 48-50 ч. К полученной смеси добавляют сухие микроизмельченные порошки лекарственных растений (эхинацея, расторопша, душица, подорожник, ромашка, зверобой). Препараты ПроСтор и ГрбаСтор получены с применением твердофазной ферментации, но различаются штаммами микроорганизмов, составом растительного компонента и, как следствие - действием на животных.

Разносторонняя направленность действия активной пробиотической составляющей в комплексе с фитоконпонентами обеспечивает повышение продук-

тивности животных, повышение сохранности, увеличение переваримости кормов, замену кормовых антибиотиков, нормализацию работы желудочно-кишечного тракта, укрепление иммунитета.

Ушакова Нина Александровна, заведующая лабораторией инновационных технологий, главный научный сотрудник ФГБУН Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н.Северцова РАН, Москва, Россия

Телефон +7 (903) 519-66-48

E-mail: naushakova@gmail.com

## 106. НОВЫЕ ВИДЫ СЕМЕЙСТВА *GEODERMATOPHILACEAE* ИЗ ПУСТЫНЬ ЦЕНТРАЛЬНОЙ АЗИИ

С.В. Тарлачков<sup>1</sup>, И.П. Стародумова<sup>1</sup>, О.В. Буева<sup>1</sup>,  
Л.В. Лысак<sup>2</sup>, С.А. Субботин<sup>3</sup>, Л.И. Евтушенко<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Всероссийская коллекция микроорганизмов (ВКМ), Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, ФИЦ ПНЦБИ РАН, Пущино, Россия

<sup>2</sup>Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Москва, Россия

<sup>3</sup>Институт проблем экологии и эволюции им А.Н. Северцова РАН, Москва, Россия

Бактерии семейства *Geodermatophilaceae* (класс *Actinomycetes*) встречаются в различных экосистемах, являются типичными обитателями засушливых регионов с высоким уровнем солнечной радиации и высокогорных почв. Аэробы, способны расти на субстратах с низким содержанием питательных веществ. Зачастую являются пионерами колонизации каменистых поверхностей и играют решающую роль в формировании структуры микробных сообществ в пустынях.

Нами проведено таксономическое изучение 11 штаммов семейства *Geodermatophilaceae*, выделенных в 1991–1993 гг. из растений и соляных корок пустынь Кызылкум и Каракум и сохраняемых во Всероссийской коллекции микроорганизмов (ВКМ).

**Сравнительный анализ генов 16S рРНК, МАЛДИ масс-спектров и драфт-геномов показал, что штаммы представляют собой несколько новых видов родов *Modestobacter* и *Blastococcus*. Величины средней идентичности нуклеотидов (ANI) и цифровой ДНК-ДНК гибридизации (dDDH) между изученными штаммами и известными видами были ниже пороговых значений разграничения**



видов (95% и 70%, соответственно). Большинство изученных организмов оказались наиболее близкими к *Modestobacter caceresii*, обитателю пустыни Атакама – самой древней и самой засушливой пустыни на планете.

У всех изученных штаммов были обнаружены гены микробных родопсинов – светочувствительных мембранных белков с фотоэнергетической функцией. Филогенетический анализ и анализ аминокислот в ключевых позициях выявил 3 основные группы белков: DTE-группа (предположительно протонные насосы) и NDQ-группа (предположительно натриевые насосы) и гелиородопсины, функции которых не установлены.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ (Соглашение № 075-15-2021-1051).

Тарлачков Сергей Владимирович, научный сотрудник Всероссийской коллекции микроорганизмов (ВКМ) Института биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, ФИЦ ПНЦБИ РАН, Пущино, Россия

Телефон: +7 (916) 071-48-11

E-mail: sergey@tarlachkov.ru

### 107. РОЛЬ ОСМОЛИТОВ И МЕМБРАННЫХ ЛИПИДОВ В АДАПТАЦИИ АЦИДОФИЛЬНЫХ ГРИБОВ

Е.А. Януцевич<sup>a, \*</sup>, О.А. Данилова<sup>a</sup>, О.А. Грум-Гржимайло<sup>b,c</sup>, В.М. Терёшина<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Институт микробиологии им.

С.Н. Виноградского, Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук. Ленинский пр-т, 33, 2, Москва, 119071, Россия

<sup>b</sup> Беломорская биологическая станция им.

Н.А. Перцова Биологического факультета Московского государственного университета. Ленинские горы, МГУ, д.1, стр.12, Биологический факультет, ББС МГУ, Москва, 119234, Россия

<sup>c</sup> Лаборатория генетики, группа изучения растений, университет Вагенингена, пер.

Друвендал 1, Вагенинген, 6708PB Нидерланды

Считается, что основным механизмом адаптации к кислым условиям среды является поддержание внутриклеточного pH при помощи водородных помп. Нами было высказано предположение

об участии осмолитов и мембранных липидов в защите цитоплазматической мембраны от агрессивной кислой среды. Ранее мы впервые показали, что в мицелии ацидофильного базидиомицета *Sistotrema brinkmannii* содержится большое количество трегалозы. Для доказательства участия осмолитов в адаптации ацидофильных грибов мы изучили состав осмолитов и мембранных липидов еще у двух грибов: базидиомицета *Phlebiopsis gigantea* и аскомицета *Mollisia* sp. в динамике роста при оптимальных условиях (pH 4.0) и на границах диапазона роста (pH 2.6; 5.0 либо 6.0). Оба гриба относятся к облигатным ацидофилам, с оптимумом роста при pH 4.0, и отсутствием роста при pH 7.0. Было показано, что и у *P. gigantea*, и у *Mollisia* sp. трегалоза является одним из основных осмолитов, наряду с полиолами, на всех стадиях роста в оптимальных условиях (pH 4.0), что подтверждает участие осмолитов в адаптации к кислым условиям среды. Фосфатидные кислоты, наряду с фосфатидилэтаноламинами, фосфатидилхолинами и стеринами доминируют в составе мембранных липидов у обоих грибов, что также указывает на их роль в экстремофилии. Культивирование *P. gigantea*, имеющего узкий оптимумом роста при pH 4.0, на границах диапазона при pH 2.6 и 5.0 приводит к резкому снижению скорости роста, что сопровождается снижением уровня осмолитов и существенными изменениями в составе мембранных липидов. Напротив, у *Mollisia* sp. с широким диапазоном роста (pH 3.0–5.0) количество осмолитов или не меняется (при pH 6.0), или возрастает (при pH 2.6), при этом изменения в составе мембранных липидов незначительны, что подтверждает наше предположение о взаимосвязи изменений в мембранной и осмолитной системах грибов в ответ на стрессорные воздействия. В совокупности полученные данные доказывают участие осмолитов и мембранных липидов в адаптации ацидофилов. Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-74-00040, <https://rscf.ru/project/22-74-00040/>

Януцевич Елена Алексеевна, старший научный сотрудник группы экспериментальной микологии, Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского, Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук, Москва, Россия.

Телефон: +7 (499) 135-01-69

E-mail: e.a.ianutsevich@gmail.com

**108. ЧЕТВЕРТЬ ВЕКА «ОХОТЫ»  
ЗА МЕТАНОТРОФАМИ  
НЕКУЛЬТИВИРУЕМОЙ  
ГРУППЫ USCA $\alpha$ , ОКИСЛЯЮЩИМИ  
АТМОСФЕРНЫЙ МЕТАН  
В АВТОМОРФНЫХ ПОЧВАХ**

Дедыш С.Н., Данилова О.В., Белова С.Э.,  
Ошкин И.Ю., Мирошников К.К., Иванова А.А.

Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского,  
ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва

Окисление атмосферного метана автоморфными почвами было впервые показано в начале 90-х годов XX века. Первые данные о филогенетической принадлежности осуществляющих этот процесс метанотрофов были получены в 1999 г. при исследовании кислых лесных почв, функционирующих в качестве «стока» атмосферного CH<sub>4</sub>. Выявленные в этих почвах фрагменты гена *pmoA*, кодирующего мембранную метанмонооксигеназу, принадлежали метанотрофам некультивируемой группы класса *Alphaproteobacteria*, получившей название Upland Soil Cluster Alpha (USC $\alpha$ ).

Представители USC $\alpha$  широко распространены в автоморфных почвах бореальной зоны и зоны тундры, однако все попытки получить их в культурах на протяжении следующей четверти века неизменно заканчивались неудачей. Сборка метагеномов представителей USC $\alpha$  показала их родство с метанотрофами рода *Methylocapsa*. Первый изолят, филогенетически близкий метанотрофам группы USC $\alpha$ , '*Methylocapsa gorgona*' MG8, был выделен из мхов субарктических экосистем. Этот метанотроф способен «жить на воздухе», окисляя газы атмосферы, такие как CH<sub>4</sub>, H<sub>2</sub> и CO, а также фиксируя N<sub>2</sub> и CO<sub>2</sub>. Несмотря на значимость этой находки, штамм MG8 не является истинным представителем группы USC $\alpha$ , а задача получения культур этих метанотрофов остается актуальной.

Работы по выделению целевых бактерий из почв субарктической тундры позволили получить изолят, штамм D3k7, занимающий промежуточное филогенетическое положение между '*M. gorgona*' MG8 и представителями группы USC $\alpha$ . Последовательность *PmoA* штамма D3k7 обнаруживает наибольшее сходство с таковыми в метагеномах, полученных из субарктических почв. Штамм D3K7 способен к росту при низких температурах, до 5°C, а также к использованию не толь-

ко метана, но и ацетата, в качестве субстрата. Анализ генома штамма D3K7 позволил провести сравнение совокупности имеющихся в нем генов с таковыми в ранее полученных метагеномах истинных представителей группы USC $\alpha$ . Выделение штамма D3k7 - это еще один шаг, приближающий исследователей к разгадке феномена группы USC $\alpha$ .

Работа поддержана Российским Научным Фондом (проект № 21-14-00034).

Дедыш Светлана Николаевна, зав. лабораторией,  
ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва.

Телефон: +7 (903) 723-15-80

E-mail: dedysh@mail.ru

**109. ПОИСК БАКТЕРИОФАГОВ,  
СПЕЦИФИЧНЫХ В ОТНОШЕНИИ  
БАКТЕРИЙ РОДА *RHODOCOCCLUS***

Токмакова И.П., Новиков А.Д., Самарин А.А.,  
Яненко А.С.

НИЦ «Курчатовский институт», Курчатовский  
Геномный центр, Москва

**Ключевые слова:**

*Rhodococcus*, бактериофаг, рекомбиназы, гесЕТ

Бактериофаги, как наиболее представленная форма жизни на земле, являют собой грандиозный и мало изученный молекулярно-генетический резервуар, который может быть продуктивно исследован. Они играют ключевую роль в поддержании баланса всех исследованных микробных экосистем.

Представители рода *Rhodococcus* одни из наиболее перспективных для разработки цельноклеточных биокатализаторов, поскольку они обладают значительным разнообразием ферментов, что обуславливает их генетическую, метаболическую и эволюционную пластичность. Разработка и широкое внедрение эффективного инструментария для геномного редактирования этих бактерий сдерживается низким уровнем активности рекомбинационных систем в природных штаммах. Для преодоления этих трудностей применяют инструменты, разработанные на основе рекомбинационных систем бактериофагов.

Целью данной работы был поиск и выделение новых бактериофагов, специфичных в отношении бактерий рода *Rhodococcus*. Поиск проводился в разнообразных почвенных и водных образцах, полученных из различных природных зон, а также

в образцах содержимого кишечника насекомых. В качестве накопительных культур были использованы промышленно значимые штаммы-продуценты *R.rhodochrous* M8 и *R.aetherivorans* 2063.

Наибольшее разнообразие штаммов бактериофагов удалось обнаружить в образцах зрелых компостов из различных географических зон, а также в образцах помета насекомых. Из водных образцов, взятых как в морских, так и пресных биотопах, выделить бактериофаги *Rhodococcus* не удалось.

Полученные изоляты были депонированы в БРЦ ВКПМ. Геномное секвенирование производилось в ЦКП НИЦ “Курчатовский институт”.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (Грант № 075-15-2019-1659).

Токмакова Ирина Петровна, научный сотрудник НИЦ “Курчатовский институт”, *Курчатовский Геномный центр*, Москва, Россия.

Телефон +7 (917) 542-58-43

E-mail: tokmakovai@yandex.ru;

yanenko@genetika.ru

## 110. СОЗДАНИЕ ТЕХНОЛОГИЙ ПО ЗАЩИТЕ РАСТЕНИЙ НА СИТИ-ФЕРМЕ

*Д.А. Исупова*

Национальный исследовательский Томский государственный университет CREATION OF PLANT PROTECTION TECHNOLOGIES ON CITY FARM, D.A. Isupova, National Research Tomsk State University

### Аннотация

В данной работе представлена проблема потери урожая вследствие заражения клубники садовой фитопатогенами. А также были рассмотрены биофугницидные свойства Триходерма зелёная (*Trichoderma viride*). Были получены чистые культуры триходермы и патогенного гриба, взятого с поражённого куста клубники садовой на сити-ферме школы «Перспектива», в данный момент идёт оценка эффективности биофугницидных свойств триходермы в условиях сити-фермы. А проведён тест ПЦР на определение нуклеотидно последовательности гриба, взятого с поражённого куста клубники садовой и при дальнейшей его идентификации, удалось определить, что он принадлежит к роду *Penicillium* но для более точной видовой идентификации в дальнейшем будет проводиться ещё ПЦР тест.

Население Земли стремительно растёт, если в начале прошлого века на Земле жило около 1,5 миллиарда человек, то на сегодняшний день около 8 миллиардов человек, при этом предельной емкостью биосферы считают 9 млрд. человек. В настоящее время процент людей, страдающих от голода и недоедания, составляет около 8,9 % населения мира. Если ситуация не изменится, то к 2030 году количество, страдающих от голода людей, превысит 840 миллионов. Число голодающих людей, по данным Всемирной продовольственной программы, составляет около 135 миллионов человек, основной причиной является антропогенные конфликты, изменение климата и экономический спад. В результате пандемии COVID-19 в мире начались серьёзные экономические и социальные бедствия. Людям необходимо больше места для проживания, но также необходимы фермы, на которых можно выращивать продукты питания.

Задачу обеспечения населения продовольствием решает сельское хозяйство, на которое сильно влияют природные условия. В этой отрасли используются большие площади земли. Ведение сельского хозяйства вызывает изменения окружающей среды. [2]

Для развития сельского хозяйства необходимо расширять территории полей посадок, а для этого уничтожается огромное количество леса вместе богатством различных видов и биоценозов. Продукты питания преодолевают длинный путь до потребителя, в ходе перевозки ухудшается качество, а цена значительно увеличивается.

В связи с этим для сохранения здоровья человека и природы, необходимы альтернативные практики рационального производства продуктов питания, при этом находящиеся поблизости к потребителю.

Представленную проблему можно решить при помощи сити-ферм. В настоящий момент идёт развитие сити-ферм, и зачастую растения, выращиваемые на таких фермах, могут подвергаться различным заболеваниям и воздействиям вредоносных насекомых. И так как эта отрасль ещё только начинает своё активное развитие существует не так много эффективных способов для защиты растений. Например, такие растения как клубника садовая, являются не устойчивой к заболеваниям и имеет слабый иммунитет, поэтому для поддержания её жизнедеятельности, необходимо разработать технологии по защите, и если они подойдут для клубники то, есть вероятность, что они будут эффективными и для других растений на ферме. [6]

Целью данной работы стало использование

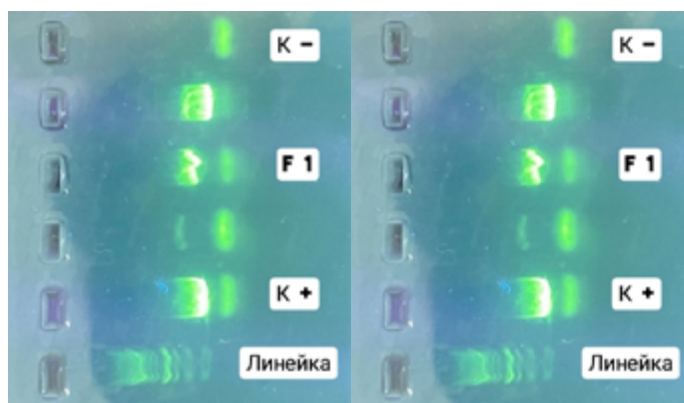
*Trichoderma viride* (Триходерма зелёная) для защиты растений от патогенов на сити-ферме Биофугницидные свойства *Trichoderma viride* заключаются в том, что при размножении, выделяет селективные антибиотики: глиотоксин, сацуккалин, триходермин, виридин, поражающие возбудителей болезней растений. Так же метаболиты снижают жизнедеятельность насекомых, в том числе вредителей, *Trichoderma viride* активно разлагает органику, высвобождая питательные вещества: азот, фосфор и калий, в доступной для растений форме, помимо этого стимулирует рост растений и повышает их иммунитет, за счёт активации в растениях выработки клеточного сока. [5] После проведённой микроскопии поражённых листьев клубники садовой из сити-фермы, был обнаружен не определённый гриб. Было принято решение, что методом борьбы с данным патогеном станет триходерма зелёная, из-за своих биофугницидных свойств, действующих на патогенные бактерии и грибы.

Необходимый инструментарий для посева был подвергнут тщательной стерилизации. Чашки Петри, железные инструменты (пинцеты, скальпели и тд.) обрабатывались в условиях сухожарового шкафа фирмы Lamsystems при температуре 180 °С в течение 2,5 часов. Питательные среды, для стерилизации, были подвержены автоклавированию, в автоклаве ВК-70 при температуре 121°С, и одной добавочной атмосферой в течение 30 минут. Все микробиологические посева культур грибов были осуществлены внутри ламинарного бокса фирмы Lamsystems.

Перед началом сбора материала была приготовлена специальная среда для низших грибов - Чапека. Количество и компонентов приведено в Таблице №1. [1]

Ингредиенты	Для твёрдой питательной среды	Для жидкой питательной среды
Сахароза	6 г	6 г
Натрия нитрат	0.4 г	0.4 г
Калия гидрофосфат	0.2 г	0.2 г
Магния сульфат	0.1 г	0.1 г
Калия хлорид	0.1 г	0.1 г

Железа сульфат	200 мкл	200 мкл
Агар-агар	4 г	4 г
Дрожжевой экстракт	2 г	2 г
Дистиллированная вода	Довести до 200 мл	Довести до 200 мл



#### Примечание:

Состав питательной среды. Рис. 1.

Для определения принадлежности ДНК патогенного гриба был проведён тест ПЦР. Компоненты ПЦР смеси: Taq-буфер MgCl<sub>2</sub> dNTPs, Taq-pol паймеры: ITS-1 ITS-4 (универсальные для грибов показывают видовую принадлежность) ПЦР был проведён на базе МАОУ школы «Перспектива», в условиях школьной лаборатории, проводился Исуповой Дарьей (ученица школы «Перспектива» класс 11 vita), Кнольем Владимиром (ученик школы «Перспектива» класс 8.2)

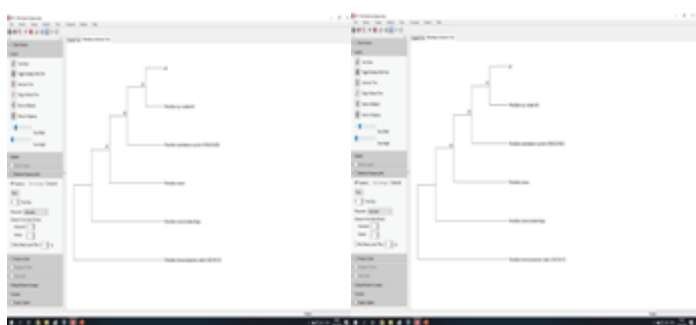
Перед отправкой образцов был осуществлён анализ с помощью электрофореза, для подтверждения правильной постановки ПЦР.

#### Примечание:

Результат электрофореза. (K- - отрицательный контроль, K+ - положительный контроль, F1 – образец ПЦР патогенного гриба,) Рис. 2.

Использовался 1% агарозный гель, краситель ДНК для визуализации результатов электрофореза dsGreen, 1x TAE- буфер. Электрофорез показал, что постановка ПЦР осуществлена без ошибок и может быть использована для дальнейшей идентификации, так как, имеющийся «+» контроль, содержащий в себе необходимые фрагменты ДНК, находится на одном и том же уровне, что и образцы. Следовательно, образцы имеют такое же количество нуклеотидов, и представляют

собой необходимый участок ДНК. Помимо этого, «-» контроль не показал наличия фрагментов ДНК, этот факт даёт гарантии, что при работе в образцы не попала чужеродная ДНК из внешней среды. [4] После получения результатов было установлено, что данный патогенный грибок принадлежит к роду *Penicillium*. Установление принадлежности штамма проведено по анализу последовательности участка ITS. Идентификацию штамма была проведена в программе UGENE 44. Дерево было построено в MEGA 11 методом ближайшего соседа с бутстрап-поддержкой (Bootstrapped Neighbour-Joining Tree), показаны лишь бутстрап-счета  $\geq 70\%$ .



#### Примечание:

Построенное генеалогическое дерево патогенного грибка. Рис. 3.

Так как представители рода *Penicillium* имеют очень схожую последовательность в участке ITS необходимо провести еще один тест с использованием других праймеров, для точного определения видовой принадлежности штамма.

#### Литература

1. Достижения и проблемы современной науки // Научный журнал "Globus" [Электронный источник] URL [https://globus-science.ru/Archive/new/Globus\\_Multi\\_February\\_2016\\_part\\_III.pdf#page=23](https://globus-science.ru/Archive/new/Globus_Multi_February_2016_part_III.pdf#page=23) (Дата посещения сайта: 06.06.2022.)
2. Нужны ли в России сити-фермы // Vc.ru. [Электронный источник] URL <https://vc.ru/future/296149-nuzhny-li-v-rossii-siti-fermy#> (Дата посещения сайта: 06.06.2022.)
3. Практики будущего в решении проблемы производства продуктов питания // eLibbbrary.Ru. [Электронный источник] URL [https://www.elibrary.ru/download/elibrary\\_44809968\\_83678109.pdf](https://www.elibrary.ru/download/elibrary_44809968_83678109.pdf) (Дата посещения сайта: 27.10.2021)
4. Скрининг генетических ресурсов растений с использованием ДНК-маркеров: основные принципы, выделение ДНК, постановка ПЦР, электрофорез в агарозном геле // eLibbbrary.Ru. [Электронный источник] URL <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=37078555> (Дата посещения сайта: 27.10.2022)

5. Смирнова И.П., Каримова Е.В., Шнейдер Ю.А. Некоторые перспективы использования метаболитов рода *Trichoderma* // Вестник Российского университета дружбы народов. [Электронный источник] URL <https://cyberleninka.ru/article/n/nekotorye-perspektivy-ispolzovaniya-metabolitov-roda-trichoderma> (Дата посещения сайта: 06.06.2022.)

6. Урбанизированное агропроизводство (Сити-фермерство) как перспективное направление развития мирового агропроизводства и способ повышения продовольственной безопасности городов // eLibbbrary.Ru. [Электронный источник] URL <file:///C:/Users/Schooler/Downloads/urbanizirovannoe-agroproizvodstvo-siti-fermerstvo-kak-perspektivnoe-napravlenie-razvitiya-mirovogo-agroproizvodstva-i-sposob-povysheniya-prodovolstvennoy-bezopasnosti-gorodov.pdf> (Дата посещения сайта: 08.11.2021)

## 111. ОСОБЕННОСТИ МИКРОБНОЙ ТРАНСФОРМАЦИИ $N_2O$ В ОЛИГОТРОФНОЙ ТОРФЯНОЙ ПОЧВЕ.

*Степанов А.Л., Климова А.Ю., Головченко А.В.*

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Москва

Олиготрофные торфяники играют существенную роль в регуляции газового состава атмосферы, являясь значимым резервуаром органического углерода и одновременно – важным источником парниковых газов, прежде всего, метана и диоксида углерода. Микробные сообщества олиготрофных болот осуществляют фиксацию молекулярного азота из атмосферы, ведут процессы нитрификации и денитрификации. Микробная азотфиксация служит одним из путей поступления в болотные экосистемы азотных соединений, доступных для растений и микроорганизмов. Газообразные потери азота в атмосферу происходят, главным образом, в форме  $N_2O$ . Метан является энергетическим субстратом и его концентрация может оказывать значимое влияние на нитрогеназную активность в болотных экосистемах. В задачи работы входило определение интенсивности дыхания олиготрофной торфяной почвы, скорости окисления  $CH_4$ , активности азотфиксации, интенсивности образования и поглощения  $N_2O$ , а также изучение влияния метана на активность азотфиксации в олиготрофном торфянике.

Исследования процессов микробной трансформации парниковых газов осуществляли в полевых

## 112. ТИРОЗОЛ ИНДУЦИРУЕТ МНОЖЕСТВЕННУЮ ЛЕКАРСТВЕННУЮ УСТОЙЧИВОСТЬ В КЛЕТКАХ ДРОЖЖЕЙ *SACCHAROMYCES CEREVISIAE*

Носкова Е.В.<sup>1,2</sup>, Маркова О.В.<sup>2</sup>, Кнорре Д.А.<sup>1,2</sup>,  
Галкина К.В.<sup>1,2</sup>

условиях и в образцах олиготрофной торфяной почвы (Fibric Histosol) Центрального лесного государственного природного биосферного заповедника Тверской области Нелидовского района. Отбор образцов производили на территории открытого грядово-мочажинного комплекса болотного массива “Старосельский мох”.

Активность азотфиксации протекала в олиготрофной торфяной почве с низкой скоростью. Оценка активности азотфиксации после добавления глюкозы свидетельствует о возрастании интенсивности процесса и его зависимости от недостатка легкодоступного органического вещества в олиготрофной торфяной почве. Полученные данные указывают на высокий потенциал поступления молекулярного азота, подавленный отсутствием энергетического источника для деятельности динитрофных бактерий. В олиготрофных болотах в качестве окисляемого субстрата азотфиксирующие бактерии могут использовать метан. Оценка нитрогеназной активности в присутствии метана показала значительный рост скорости фиксации молекулярного азота до 3.6 нмоль N/г сут. По мнению ряда авторов (Умаров, 2007), процесс азотфиксации в данном случае обеспечивается микроорганизмами, использующими большие запасы метана, которые образуются в процессе метаногенеза в торфяной залежи. Определение интенсивности выделения N<sub>2</sub>O показало протекание процесса на низком уровне, в среднем, 0.17 мкмоль N<sub>2</sub>O/г сут. С другой стороны, введение в газовую фазу N<sub>2</sub>O сопровождалось ее быстрым исчерпанием. В исследованной почве поглощение N<sub>2</sub>O составило от 7.8 до 10.9 мкмоль N<sub>2</sub>O/г сут. в зависимости от срока измерения. Это позволяет предположить интенсивное поглощение N<sub>2</sub>O олиготрофными болотами и рассматривать эти экосистемы как природный сток для N<sub>2</sub>O в окружающей среде.

Степанов А.Л.

Телефон: + 7 (495) 939-24-58

E-mail: stepanov\_aleksey@mail.ru

<sup>1</sup> Факультет биоинженерии и биоинформатики МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия  
<sup>2</sup> Институт физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия

В клетках грибов, ABC-переносчики с широкой субстратной специфичностью транспортируют чужеродные соединения (ксенобиотики) из цитоплазмы в окружающую среду. При этом, накопление ксенобиотика в цитоплазме индуцирует экспрессию генов этих переносчиков. В тоже время грибы синтезируют большое количество метаболитов, некоторые из которых похожи на субстраты этих переносчиков по своим физико-химическим свойствам. Мы исследовали, могут ли ароматические спирты — метаболиты деградации ароматических аминокислот быть индукторами или ингибиторами переносчиков МЛЮ в клетках дрожжей *S. cerevisiae*. Мы показали, что делеция генов транскрипционных факторов *PDR1* и *PDR3*, которые активируют экспрессию генов ABC- и MFS-переносчиков с широкой субстратной специфичностью, снижала устойчивость клеток к высоким концентрациям тирозола. Делеция гена *PDR5* — мишени Pdr1p/Pdr3p — также снижала устойчивость дрожжей к тирозолу. В тоже время, прединкубация дрожжевых клеток с тирозолом активировала систему МЛЮ. Так, после инкубации клеток с тирозолом, мы детектировали накопление в их цитоплазматической мембране белка Pdr5-GFP, а также снижение в них количества флуоресцентного красителя Нильского красного — известного субстрата МЛЮ-переносчиков. Наконец, тирозол ингибировал цитостатический эффект азольного антимикотика клотримазола. Мы предполагаем, что метаболизм ароматических аминокислот может быть скоординирован с системой защиты клеток от ксенобиотиков. Работа выполнена при поддержке гранта РФФ №22-24-00406.

Галкина Ксения Викторовна, научный сотрудник НИИ ФХБ имени А.Н. Белозерского МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия  
Телефон: +7 (985) 995-22-60  
E-mail: galkinakseniia@gmail.com

### 113. СВОЙСТВА МОРФОЛОГИЧЕСКИХ ВАРИАНТОВ *BACILLUS THURINGIENSIS* SUBSP. *AIZAWAI*

\*Шелихова Е.В.<sup>1,2,3,4</sup>, Масленникова В.С.<sup>1,2,4</sup>,  
Дубовский И.М.<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup> Новосибирский государственный аграрный университет, г. Новосибирск, Российская Федерация

<sup>2</sup> Томский государственный университет, г. Томск, Российская Федерация

<sup>3</sup> Сибирский федеральный научный центр агробиотехнологий, р. п. Краснообск, Новосибирский район, Новосибирская область, Российская Федерация

<sup>4</sup> Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины СО РАН, г. Новосибирск, Российская Федерация

*Bacillus thuringiensis* используется во всем мире, как агент биологической защиты растений от насекомых-вредителей.

Цель – изучить свойства морфологических вариантов *Bacillus thuringiensis* subsp. *aizawai* (*B. thuringiensis* subsp. *aizawai*) на картофеле.

Объекты исследования картофель сорта Тулеевский, морфологические варианты штамма бактерии *B. thuringiensis* subsp. *aizawai*, различающиеся по синтезу дельта-эндотоксина, предоставленный сотрудниками ООО «Микопро», ризоктониоз картофеля – *Rhizoctonia solani* Kuhn., эталон (Бактериальный препарат СП) – *Bacillus subtilis* ИПМ 215 (ООО «Сиббиофарм»). Полевые и лабораторные опыты были проведены согласно методике Доспехова Б.А. на базе УПХ «Сад Мичуринцев» и лаборатории биологической защиты и биотехнологии. Численность микроорганизмов в почве определяли методом серийных разведений. Учет пораженности ризоктониоза при вегетации проводили через 4, 6 и 10 недель после посадки по пятибальной шкале Франка Статистическую обработку данных проводили методом дисперсионного анализа с использованием пакета прикладных компьютерных программ SNEDECOR для Windows.

Применение морфологических вариантов *B. thuringiensis* subsp. *aizawai* способствовало увеличению морфометрических показателей картофеля; оказывало фунгицидное действие в отношении *Rhizoctonia solani* по вегетации. Под влиянием морфологических вариантов *B. thuringiensis* subsp. *aizawai* увеличивалась численность полезных микроорганизмов в ризосфере.

Шелихова Евгения Владиславовна, научный сотрудник лаборатории биологической защиты растений и биотехнологии Новосибирского ГАУ, младший научный сотрудник ТГУ лаборатории биохимии и молекулярной биологии, младший научный сотрудник СФНЦА РАН лаборатории регуляции микробиоценозов сельскохозяйственных животных и растений, младший научный сотрудник ФИЦ ФТМ лаборатории вирусных заболеваний животных и растений.

Телефон: +7 (999) 451-57-00

E-mail: shelikhova.ev@yandex.ru

### 114. ПОИСК НОВЫХ ШТАММОВ *STREPTOMYCES*, ПРОДУЦИРУЮЩИХ ПРОТИВОГРИБКОВЫЕ СОЕДИНЕНИЯ

Мурзина Ю.И.<sup>1,2</sup>, Бардашева А.В.<sup>1</sup>,  
Якубовский В.И.<sup>1,2</sup>, Тикунова Н.В.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, Новосибирск

<sup>2</sup> Новосибирский национальный исследовательский государственный университет, Новосибирск

Ежегодно более миллиарда человек во всем мире страдают от микозов. В 2020 г. зарегистрировано около 1,7 миллиона случаев смерти от грибковых инфекций. В последние годы регистрируется устойчивый рост доли штаммов *Candida*, обладающих устойчивостью к противогрибковым препаратам. Актинобактерии, особенно представители рода *Streptomyces*, известны своей способностью продуцировать вторичные метаболиты с антимикотическими свойствами, и большинство противогрибковых препаратов создано на основе стрептомицетов.

Для поиска новых штаммов стрептомицетов, продуцирующих противогрибковые соединения, было обработано и проанализировано ~900 образцов почвенных проб и донных отложений, отобранных на территории различных субъектов РФ, из которых было изолировано 1498 штаммов *Streptomyces*. Из 1498 изолированных штаммов, по наличию зон ингибирования роста тест-штамма, было выявлено 70 антимикотически активных штаммов по отношению к эталонному штамму *S. albicans* ATCC10231. Из 70 отобранных штаммов *Streptomyces* 23 штамма продемонстрировали спектр действия активного соединения в отношении 3-х и более тест-штаммов, представ-

ляющих различные виды/роды низших грибов: *C. albicans*, *C. parapsilosis*, *C. glabrata*, *C. tropicalis*, *C. lusitaniae*, *Kluyveromyces marxianus* (клинические) и *Cryptococcus albidus*. Филогенетический анализ антимикотически активных *Streptomyces* spp. по гену 16S рРНК показал их принадлежность к четырем генетическим группам: *S. albidoflavus*, *S. roshei*, *S. xanthophaeus*, *S. roseochromogenus*. Исследование вели по проекту 075-15-2021-1085 «Всероссийский атлас почвенных микроорганизмов»

Мурзина Юлия Игоревна, инженер ИХБФМ СО РАН, Новосибирск, Россия  
Телефон: +7 (917) 307-00-80  
E-mail: y.murzina@g.nsu.ru

### 115. ШУМНАЯ ТРАНСКРИПЦИЯ ГЕНОВ ФОРМИРОВАНИЯ БИОПЛЕНОК *ESCHERICHIA COLI*: ОТ ЧЕГО ОНА ЗАВИСИТ?

Т.А. Бессонова<sup>1</sup>, М.Н. Тутукина<sup>1, 2, 3</sup>, О.Н. Озолинь<sup>1</sup>,  
М.С. Гельфанд<sup>2, 3</sup>

<sup>1</sup> Институт биофизики клетки РАН, ФИЦ ПНЦБИ РАН, Пущино, Россия

<sup>2</sup> Сколковский институт науки и технологий, Москва, Россия

<sup>3</sup> Институт проблем передачи информации РАН, Москва, Россия

#### Введение:

Патогенные штаммы *E. coli* (EPEC, UPEC, O157:H7) способны формировать биопленки, что усложняет терапию вызываемых ими заболеваний. Условно-патогенный штамм K-12 MG1655 тоже формирует биопленки. Несмотря на то, что этот штамм хорошо изучен, мастер-регулятор переключения бактерий к образованию биопленок еще не известен, как и причина их нестабильного образования в планшетах *in vitro*.

#### Материалы и методы:

Биопленки растили в 96-луночных планшетах и окрашивали кристаллическим фиолетовым. РНК выделяли TriZol. ОТ-ПЦР в реальном времени проводили на ДТлайт с использованием обратной транскриптазы RevertAid и смеси qPCR-HS-SYBR.

#### Результаты:

Мы оценили уровень экспрессии генов ключевых регуляторов подвижности (*fliA*) и адгезии (*csgD*) и двух малых РНК, доминирующих при росте биопленок по нашим транскриптомным данным, в биопленках штаммов дикого типа K-12 и *UxuR*, *Δcsp*, *ΔexuR*, *ΔyjjM*. Было показано, что при удалении гена *uxuR* или выключении трансляции белка повышается экспрессия *csgD*, что коррелирует с повышенным образованием биопленок. При этом экспрессия гена основной сигмы подвижности *fliA* была нестабильной – в части образцов она была существенно увеличена, в части – нет. Такая нестабильность коррелирует с ранее полученными нами данными транскриптомного и протеомного анализа и может говорить о ключевой роли *UxuR* или синтезирующихся из его гена регуляторных РНК в стабилизации экспрессии генов подвижности. Делеция *exuR* и *leuO* не приводила к значительным изменениям экспрессии исследуемых генов. *YjjM* ингибировал *fliA* и активировал малые РНК *csrC* и *ssrS*. Похожий эффект наблюдался и для CRP, за тем исключением, что он не влиял на *fliA*.

#### Заключение:

Было показано, что *UxuR*, CRP и *YjjM* играют важную роль в регуляции формирования биопленок *E. coli* K-12 MG1655. Делеция *uxuR* приводила к усилению дисперсии транскрипции не только генов ключевых белковых регуляторов этого процесса (*csgD* и *fliA*), но и малых РНК *ssrS* и *csrC*.

Работа была поддержана РФФИ АНФ\_а 20-54-14005 (МСГ)

Бессонова Татьяна Александровна, младший научный сотрудник Института биофизики клетки РАН, обособленного подразделения ФИЦ ПНЦБИ РАН (ИБК РАН ФИЦ ПНЦБИ РАН), Пущино, Россия  
Телефон: +7 (977) 401-93-59  
E-mail: tatianabessonova66@gmail.com



**116. БИОЛОГИЧЕСКИЕ  
ОСОБЕННОСТИ И ГЕНЕТИЧЕСКИЙ  
ПОТЕНЦИАЛ КЛИНИЧЕСКИХ  
ИЗОЛЯТОВ *PSEUDOMONAS AERUGINOSA***

*Немченко Ульяна Михайловна, Белькова Н.Л.,  
Клименко Е.С., Воронаева Н.М., Савилов Е.Д.*

ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи  
и репродукции человека»

**Введение:**

Наличие широкого спектра патогенетических факторов, генетическая пластичность, способность быстро приобретать резистентность к разным группам антибиотиков делает *P. aeruginosa* одним из самых проблемных патогенов в лечебных учреждениях. Материалы и методы. Объектом исследования стали клинические изоляты *P. aeruginosa* подтвержденной лекарственной устойчивостью к антимикробным препаратам из рабочей коллекции лаборатории микробиома и микрoэкологии НЦ ПЗСРЧ. Идентификация изолятов проведена с использованием тест-систем для дифференциации грамотрицательных неферментирующих бактерий и подтверждена масс-спектрометрическим анализом. Способность к образованию биопленок, биоцидную активность дезинфицирующих средств (ДС) и антимикробных препаратов (АМП) оценивали с помощью планшетного метода. Полногеномное секвенирование изолятов выполняли по технологии Illumina; сборку геномов проводили с использованием программы SPAdes, функциональную аннотацию осуществляли с помощью Prokka.

**Результаты:**

Способностью к биопленкообразованию обладали все исследованные изоляты. Чувствительность к воздействию АМП и ДС у изолятов *P. aeruginosa*, находящихся в сформированной биопленке, была значимо ниже, чем у этих же культур на ранних этапах биопленкообразования. В геномах клинически значимых изолятов *P. aeruginosa* были обнаружены как гены патогенности (*algD*, *pal*, *blc*, *slyB*, *lolA*, *lolB*, *eta*, *toxR*, *sigW*, *rpoE*, *gyrB* и *fliC*), так и гены, обеспечивающие резистентность к разным группам АМП (белки множественной лекарственной устойчивости *mdtA*, *lmdtE*, а также эффлюкс-система *jefA*). Заключение. Клинические изоляты *P. aeruginosa* обладают адаптационными механизмами, повышающими их распространенность и выживаемость: биопленочной активно-

стью, множественной устойчивостью к биоцидам, наличием генов патогенности.

Работа выполнена в рамках поисковой технологии №1022040700227-3-1.6.3;2.9.3;3.3.8.

Немченко Ульяна Михайловна, научный сотрудник лаборатории микробиома и микрoэкологии ФГБНУ НЦ ПЗСРЧ, Иркутск, Россия  
Телефон: +7 (902) 578-72-35  
Email: umnemch@mail.ru

**117. ОБЛИГАТНЫЕ МЕТАНОТРОФЫ:  
НОВЫЙ ВЗГЛЯД НА МЕТАБОЛИЗМ  
И ЕГО ПОТЕНЦИАЛ**

*Розова О.Н., Бут С.Ю., Егорова С.В.,  
Мельников О.И., Хмеленина В.Н.,  
Мустахимов И.И.*

ФГБУН «Федеральный исследовательский центр  
«Пушкинский научный центр биологических  
исследований Российской академии наук»,  
ИБФМ РАН

Аэробные облигатные метанотрофы, использующие метан в качестве единственного источника углерода и энергии, являются активными участниками цикла углерода, внося огромный вклад в уменьшение эмиссии метана в атмосферу. С другой стороны, осуществляя в процессе жизнедеятельности построение C-C связи, данная группа является интересным и перспективным объектом для биотехнологического процесса получения полиуглеродных соединений. Ассимиляция углерода C1-соединения у метанотрофов может происходить на уровне формальдегида с участием рибулозомонофосфатного (РМФ) пути, формируемого через сериновый цикл или за счет фиксации CO<sub>2</sub> в цикле Кальвина. У метанотрофов класса *Alphaproteobacteria* сериновый цикл, за редким исключением, является единственным путем ассимиляции углерода. У метанотрофов класса *Gammaproteobacteria*, использующих РМФ путь в качестве основного пути C1-ассимиляции, сериновый цикл выступает дополнительным источником ацетил-КоА, а у *Methylovibrio* *alcaliphilum* является единственным путем синтеза глиоксилата и глицина.

Поскольку основным источником энергии у метанотрофов являются реакции последовательного окисления метана до CO<sub>2</sub>, следовательно, цикл Кребса можно рассматривать не как энергетический путь, а как поставщика ценного продукта.

Так штамм *Mtm. alcaliphilum* 20Z-3E, несущий делеционные мутации по трем генам, кодирующих фумаразы I и II класса и малик-фермент, является продуцентом фумарата. Несмотря на прерывание цикла Кребса на уровне реакции, катализируемой фумаразами, данный цикл продолжает функционировать за счет анаэробных реакций, кодируемых ФФн-зависимой ФЕП-карбоксикиназой и пируваткарбоксилазой, при этом выделяя в среду образующийся избыток фумарата.

*Mtm. alcaliphilum* и *Methylomonas methanica* обладают мощным ФФн-зависимым гликолизом, а также рядом ФФн-зависимых ферментов, обеспечивающих гибкость метаболизма. Представители рода *Methylomonas* являются уникальными по количеству анаэробных ферментов, помимо ФФ-ФЕПКК и ПК, у них имеется ФЕП-карбоксилаза, что усиливает поток углерода в цикл Кребса, а также в сериновый цикл. Интересным объектом является *Methylococcus capsulatus*, у которого отсутствуют какие-либо карбоксилирующие ферменты, что делает открытым вопрос о замкнутости у него серинового пути и роли реакций цикла Кребса. Данный метанотроф обладает низкой эффективностью ФФн-зависимого гликолиза, а цикл Кальвина, помимо РФМ пути, вносит существенный вклад в ассимиляцию C1-соединений.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФ № 23-24-00497.

Розова Ольга Николаевна, снс лаборатории радиоактивных изотопов

E-mail: rozovaolga1@rambler.ru

## 118. ИЗУЧЕНИЕ МЕХАНИЗМОВ СБОРКИ ТАТ-ФИМБРИЙ (ТАФИ) – НОВОГО ТИПА ПОВЕРХНОСТНЫХ СТРУКТУР АРХЕЙ

Пятибратов М.Г.<sup>1</sup>, Галева А.В.<sup>1</sup>, Сюткин А.С.<sup>1</sup>, Топилина М.Ю.<sup>1</sup>, Бурьгин Г.Л.<sup>2</sup>, Щеголев С.Ю.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Институт белка Российской академии наук. 142290, Россия, Московская область, г. Пущино, ул. Институтская, 4

<sup>2</sup> Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов, ФИЦ «Саратовский научный центр РАН», 410049, Россия, г. Саратов, просп. Энтузиастов, 13

### Введение:

В данной работе описывается новый тип поверхностных придатков архей, названных нами Tat-

фимбриями («тафи»). Эти структуры выделены из галоархеи *Haloarcula hispanica* и состоят из белковых субъединиц TafA, TafC и TafE, которые секретируются посредством т. н. твин аргининового пути транслокации (Tat-pathway). Это – первый известный случай использования Tat-пути в секреции белковых субъединиц, формирующих нитевидные структуры прокариот. Мы идентифицировали кластер консервативных генов *tafA, B, C, D, E, F, G*, отвечающих за синтез тафи. Показано, что TafA является основным компонентом, а TafC и TafE – второстепенными.

### Материалы и методы:

В работе использовался ауксотрофный штамм DF60 *H. hispanica*, сконструированный для генно-инженерных манипуляций (Liu *et al.*, 2011). Были получены мутантные штаммы с делециями гена *tafA*, кодирующего мажорный белок Tat-фимбрий и гена *tafD*, кодирующего белок, аннотированный как сигнальная пептидаза. Контроль синтеза Tat-фимбрий мутантными штаммами осуществляли с помощью электрофореза, электронной микроскопии и иммуноблоттинга с использованием специфичных к рекомбинантному белку TafA антител. Структуру зрелых белков и белковых комплексов изучали и сравнивали методом молекулярного моделирования с применением программ AlphaFold и DALI.

### Результаты и обсуждение:

Показано, что делеция *tafA* приводит к прекращению синтеза тафи. Мы подтвердили участие сигнальной пептидазы TafD в процессинге TafA: при делеции соответствующего гена синтез Tat-фимбрий прекращался, а в клеточном лизате было зафиксировано присутствие непроцессированного белка TafA. Основываясь на молекулярном моделировании, мы показали, что белки TafA и TafE имеют структурное сходство, в то время как TafC обладает дополнительным C-концевым доменом, способным функционировать как адгезин. В качестве наиболее достоверной модели тафи нами рассматривается линейная структура, состоящая из четырех белков, взаимодействующих посредством обмена донорными цепями между соседними субъединицами: TafC локализован на дистальном конце нитей, TafE является спейсером между TafC и мажорной субъединицей TafA. TafF предположительно заякоривает тафи в клеточной мембране.

Работа поддержана Российским фондом фундаментальных исследований (грант № 19-04-01327 А).

Пятибратов Михаил Геннадьевич, старший научный сотрудник ИБ РАН, Пушкино, Россия.

Телефон: +7 (903) 254-90-32

E-mail: bratov@vega.protres.ru.

### **119. БИОЛОГИЧЕСКИЕ И ГЕНОМНЫЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ ДЖАМБО ФАГА *SINORHIZOBIUM MELILOTI***

*Козлова А.П., Мунтян В.С., Румянцева М.Л*

Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Пушкин, Санкт-Петербург

Бактериофаги, размер генома которых превышают 200 т.п.н., называют джамбо фагами. Для *Sinorhizobium meliloti* описано три джамбо фагов, М7, М12 и N3, относящиеся к роду *Emdodecavirus* класс *Caudoviricetes*, размер которых 188,4, 194,7 и 206,7 т.п.н., соответственно. В данной работе впервые представлены биологические и геномные характеристики нового джамбо-фага AP-162, который был выделен нами из почв Кавказа.

Фаготипирование методом спот теста с использованием штаммов *S. meliloti* показало, что фаг AP-162 лизировал до 47% исследованных штаммов. Методом двуслойного агара по Адамсу показано, что данный бактериофаг образовывал прозрачные бляшки общим размером до 3 мм с зоной лизиса. Геном фага секвенирован с использованием MiSeq, Illumina и его размер составил 471,5 т.п.н., что позволило его отнести к джамбо-фагам. Выявлено 711 ОРС, в том числе ОРС, кодирующие 66 гРНК. Анализ нуклеотидной последовательности фага AP-162 не выявил гомологии с известными фагами, а анализ аминокислотных последовательностей показал, что продукты более ста ОРС фага участвуют в репликации, модификации, рекомбинации или репарации ДНК и метаболизме нуклеотидов, а также в трансляционных и посттрансляционных процессах, специфичных для фагов. Выявлены последовательности, кодирующие структурные белки: головы, хвоста и базовой пластинки.

Таким образом, нами впервые выявлен джамбо-фаг клубеньковых бактерий люцерны из почвенного образца, собранного в генцентре бобовых растений на Кавказе, установлен размер его генома, которого более, чем в два раза превышает раз-

мер описанных ранее джамбо-фагов *Sinorhizobium meliloti*.

Работа выполнена при поддержке НЦМУ «Агротехнологии будущего» № 075-15-2022-320 от 20.04.2022.

Контактное лицо: Козлова Александра Павловна, аспирант, Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Пушкин, Санкт-Петербург, Россия.

Телефон: +7 (911) 904-29-62

E-mail: a.kozlova@arriam.ru

### **120. МЕТАБАРКОДИНГОВЫЕ И ГЕНОМНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ FE-MN СЛОЕВ СЕВЕРНОГО БАЙКАЛА**

*Ломакина А.В., Букин С.В., Шубенкова О.В., Букин Ю.С., Погодаева Т.В., Земская Т.И.*

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук, 664033, г. Иркутск, ул. Улан-Баторская, 3

Железомарганцевые образования (ЖМО) образуются в результате осаждения минералов из придонных вод (гидрогенетический генезис) или поровых вод (диагенетический генезис) с участием как абиотических, так и микробиологических процессов. Для установления таксономического разнообразия микроорганизмов в Fe-Mn слоях и прилегающих к ним, их функциональной и метаболической роли, мы исследовали состав микробных сообществ двух кернов донных осадков Северного Байкала на основе анализа фрагментов гена 16S рРНК и геномов собранных из метабеномов (MAG).

Состав микробных сообществ двух исследованных кернов отличался по глубине отобранных осадков и между Fe-Mn слоями. При большом вкладе органотрофных *Chloroflexota*, *Actinobacteriota*, *Acidobacteriota*, отмечено увеличение доли метанотрофных бактерий филума *Methylomirabilota*. В одном из кернов при **уменьшении вклада представителей филума *Chloroflexota* по глубине отмечалось** увеличением доли представителей филума *Firmicutes*, не характерных для сообществ байкальских донных отложений и *Gammaproteobacteria*. Состав архейных сообществ был более сходным между кернами и отличался только **по глубине исследованных осадков. В поверхностных окисленных слоях доминировали аммоний-окисля-**

ющие археи *Nitrososphaeria*, а в восстановленных и погребенных Fe-Mn слоях метанотрофные археи порядка *Methanoperedenaceae* и гетеротрофные *Bathyarchaei*.

Для установления функциональной и метаболической роли микроорганизмов было собрано 37 MAGs с полнотой сборки > 50% и при возможном загрязнении в < 10%. Наиболее многочисленными MAGs были *Desulfobacteriota*, *Methylophilota*, *Gammaproteobacteria*. Также среди собранных MAGs были представители *Nitrospirota*, *Planctomycetota*, *Bacteroidota*, *Actinobacteriota*, *Deinococcota*, *Elusimicrobiota*, *Patiscibacteria*. Археи представлены 3 MAGs, которые принадлежали к *Halobacterota*, *Crenarchaeota* и *Thermoplasmata*. В анализируемых геномах среди путей центрального метаболизма наиболее распространены пентозофосфатный, трикарбоновых кислот и окисления пирувата. Также в большинстве байкальских MAGs выявлено наличие генов метаболизма жирных кислот, включая синтез и окисление ( $\beta$ -окисление). Наличие полного набора генов, необходимых для диссимиляторного и ассимиляторного восстановления нитрата выявлено в геномах, отнесенных к *Gammaproteobacteriota*, *Nitrospirota*, *Planctomycetota*. Большая часть реконструированных геномов содержала отдельные гены метаболизма азота. Гены ассимиляторной сульфатредукции чаще обнаруживались в байкальских MAGs, чем гены *aprA* и *dsrA*. Для генома *Methanoperedenaceae* подтверждено наличие генов реверсного пути метаногенеза. В реконструированных MAG из мультигеновых цитохромов *c* (*Cyc1*, *Cyc2*) выполняющих роль терминальных редуктаз, обнаружены только периплазматические цитохромы *Cyc1*. Гены для *bc1* комплекса были обнаружены в геномах большинства собранных MAGs. Из терминальных железоредуктаз (*MtrABC* и *OmcA*) в нескольких геномах обнаружены *MtrABC*. В собранных MAGs также идентифицированы Mn(II)-окисляющие мультимедные оксидазы.

Таким образом, ЖМО Северного Байкала представлены разнообразными сообществами микроорганизмов с широким спектром метаболических особенностей, различающихся в аэробной и анаэробной зонах, а также между исследованными кернами.

Работа выполнена в рамках гранта РФФИ 22-14-00084.

Ломакина Анна Владимировна, старший научный сотрудник лаборатории микробиологии углеводов ЛИН СО РАН, Иркутск, Россия

Телефон: +7 (950) 051-22-23

E-mail: lomakina@lin.irk.ru

## 121. НОВЫЙ ПРОДУЦЕНТ ЭХИНОКАНДИНОВ ИЗ ЛИШАЙНИКА *STEREOCAULON PASCHALE*

Акопджанян А.В.<sup>1</sup>, Щербатов Р.Е.<sup>1</sup>,

Панкратов Т.А.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологии – МВА имени К.И. Скрябина», Москва, Россия

<sup>2</sup> Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук, Москва, Россия

### Введение:

Лишайники являются доминирующими в экосистемах севера России и образуют значительные запасы биомассы. Лишайники известны как резервуары фитопатогенных грибов и бактерий. Некоторые из патогенных грибов способны проявлять биоцидную активность в отношении как эукариотических, так и прокариотических микроорганизмов. В некоторых представителях порядка *Helotiales* ранее выявлены продуценты эхинокандинов – соединений, обладающих фунгицидной активностью.

### Ключевые слова:

Лишайники, *Stereocaulon*, эхинокандины, фунгициды, *Coleophoma*

### Материалы и методы:

Культуру мицелиального гриба, штамм NM10F28209, выделили из лишайника *Stereocaulon paschale* (г. Нарьян-Мар). Выделение ДНК из мицелия проводили модифицированным методом со СТАВ. Оценку биоцидной активности проводили в отношении дрожжевых культур *Yarrowia lipolytica* и *Candida parapsilosis* диско-диффузионным методом. Идентификацию компонентов экстракта проводили с помощью ТСХ в присутствии референсных веществ (микафунгин, нистатин). Результаты. Выделенная культура характеризовалась наличием темноокрашенного мицелия плот-

ной консистенции, рост в жидкой среде с глюкозой отсутствовал или был слабым. На агаризованной среде культура формировала плотные, компактные колонии с меланизированным субстратным мицелием и пепельно-серыми воздушными гифами. Результат секвенирования ITS региона рРНК показал, что штамм NM10F28209 относится к роду *Coleophoma*. Ближайший родственник – *Coleophoma cylindrospora* (98.28 %). Экстракция из мицелия смесью хлороформ:ацетон (1:1) позволила получить смесь, содержащую фунгицидный компонент. Методом ТСХ была подтверждена принадлежность этого соединения к группе эхинокандинов.

#### **Заключение:**

Впервые из лишайника *Stereocaulon paschale* выделен фитопатогенный микромицет *Coleophoma*. Полученный из этого организма новый эхинокандин является перспективным соединением для дальнейшей разработки фунгицидных лекарственных препаратов.

Акопджанян Армен Вагаршакович, студент 4 курса факультета биотехнологии и экологии Московской государственной академии ветеринарной медицины и биотехнологии – МВА имени К.И. Скрябина, Москва, Россия  
Телефон: +7 (965) 249-97-01  
E-mail: hakobjanyanarmen0@gmail.com

Панкратов Тимофей Анатольевич, старший научный сотрудник лаборатории выживаемости микроорганизмов, Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук, Москва, Россия  
Телефон: +7 (916) 255-60-82  
E-mail: tpankratov@gmail.com

## **122. РАЗНООБРАЗИЕ VERRUCOMICROBIOTA В НИЗИННЫХ БОЛОТАХ СЕВЕРА РОССИИ**

*Иванова А.А., Куличевская И.С., Дедыш С.Н.*

ФИЦ Биотехнологии РАН

*Verrucomicrobiota* (предыдущее название *Verrucomicrobia*) – отдельная филогенетическая группа бактерий, имеющих разнообразную морфологию и размеры клеток, которые населяют наземные и водные экосистемы, а также пищеварительный тракт животных. Культивируемых представите-

лей в составе филума крайне мало. Сведения о метаболическом потенциале в основном относятся к гетеротрофным веррукомикробам-гидролитикам и представителям с метанотрофным потенциалом. Согласно недавним исследованиям, одной из экосистем, где веррукомикробы составляют значительную часть бактериального сообщества, являются болота. Однако детальная картина разнообразия *Verrucomicrobiota* ранее была получена только для верховых болот.

Настоящая работа была инициирована с целью анализа разнообразия представителей филума *Verrucomicrobiota* в низинных болотах. Профилирование микробных сообществ шести низинных торфяников Вологодской области по генам 16S рРНК показало, что доля последовательностей веррукомикробов составляет от 4 до 7% всех полученных из торфа прочтений. Наиболее представленными были бактерии семейств *Pedosphaeraceae*, *Opiritaceae* и порядка *Chthoniobacterales*. До уровня рода были классифицированы от 29 до 57% полученных последовательностей 16S рРНК веррукомикробов. В общей сложности в образцах было выявлено 833 филотипа видового уровня. При этом 5 наиболее многочисленных филотипов выявлены во всех исследованных болотах и относятся к упомянутым выше семействам. Также были установлены корреляции между численностью наиболее представленных таксонов и характеристиками торфа. Для визуализации клеток веррукомикробов в нативном торфе был разработан и апробирован спектр флуоресцентных зондов, специфичных для наиболее многочисленных популяций.

Настоящее исследование показало высокое разнообразие веррукомикробов в низинных болотах. Комбинированное применение зондов и данных корреляционного анализа может быть использовано для выделения новых представителей этого малоизученного филума.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации.

Иванова Анастасия Александровна, с.н.с. лаб. Молекулярной экологии и филогеномики бактерий, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия  
E-mail: ivanovastasja@gmail.com

### 123. АНТИФУНГИЦИДНАЯ АКТИВНОСТЬ МЕТАБОЛИТОВ ЭНДОЛИТНОГО ШТАММА *NOCARDIA MANGYAENSIS* NH1

Т.М. Ивойлова<sup>1</sup>, А.А. Елистратова<sup>1</sup>, Ф.Ф. Замалиева<sup>2</sup>, М.Р. Шарипова<sup>1</sup>, И.В. Хильяс<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Казанский (Приволжский) федеральный университет

<sup>2</sup> ТаТНИИСХ ФИЦ КазНЦ РАН

Борьба с фитопатогенными грибами, вызывающими различные заболевания картофеля, является важной задачей в сельском хозяйстве. Заболевания картофеля, вызываемые фитопатогенными микромицетами (фитофтороз, ризоктониоз и альтернариоз и др.), приводят к потере урожая, что напрямую влияет на экономическую и продовольственную безопасность. Одним из подходов к борьбе с фитопатогенными грибами является использование антифунгицидных соединений. Эндолитные организмы (обитающие внутри камней и минералов - приспособленные к жизни в экстремальных условиях обитания) могут служить источником новых метаболитов, обладающих антифунгицидной активностью.

Целью данной работы явилось изучение антифунгицидной активности метаболитов эндолитного штамма *Nocardia mangyaensis* NH1 в отношении фитопатогенных микромицетов, вызывающих заболевания картофеля.

Для исследований были выделены и сконцентрированы сидерофоры катехолового и гидроксаматового типа, продуцируемые штаммом *N. mangyaensis* NH1 в условиях дефицита железа в среде. Метаболиты проявили антифунгицидную активность в отношении всех исследуемых микромицетов: *Fusarium oxysporum* PR 57, *Rhizoctonia solani* MFP 936011, *Alternaria sp.* и *Colletotrichum coccodes* MF 16-014. Было установлено, что сидерофоры *N. mangyaensis* NH1 не оказывают фитотоксического эффекта на черенки картофеля (*Solanum tuberosum* L.). В работе также было установлено, что бактериальная инокуляция суспензией штамма не приводила к поражению клубней картофеля (*Solanum tuberosum* L., сорт «Жуковский»).

Таким образом, метаболиты штамма *N. mangyaensis* NH1 обладают антифунгицидной активностью в отношении наиболее часто встречающихся фитопатогенных микромицетов, вызывающих болезни картофеля. Штамм *N. mangyaensis*

NH1 может быть использован в качестве агента биологического контроля фитопатогенных грибов картофеля. Разработка и применение биопрепарата на основе штамма *N. mangyaensis* NH1 и его метаболитов будет способствовать снижению обработок картофеля пестицидами, а также повышению качества почвы.

Работа выполнена в рамках Программы стратегического академического лидерства Казанского (Приволжского) федерального университета (ПРИОРИТЕТ-2030) при финансовой поддержке РНФ в рамках проекта № 22-16-00138.

Ивойлова Татьяна Михайловна Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, Россия.

Телефон: +7 (999) 234-30-78

E-mail: Tatyana.Ivoylova@outlook.com

### 124. ПРИМЕНЕНИЕ *THERMITIOBACILLUS PLUMBIPHILUS* ААФК ДЛЯ БИОВЫЩЕЛАЧИВАНИЯ АРСЕНОПИРИТНОГО РУДНОГО СЫРЬЯ Абашина Т.Н.<sup>1</sup>, Шайкин А.Н.<sup>1,2</sup>, Вайнштейн М.Б.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> «Пушинский научный центр биологических исследований РАН» (Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН), Пушкино, Россия

<sup>2</sup> Пушинский филиал ФГБОУ ВО «Российский биотехнологический университет (РОСБИОТЕХ)», Пушкино, Россия

Добыча ценных металлов при их невысокой концентрации в минеральном сырье осуществляется методами выщелачивания. В случае обработки упорных руд используется биовыщелачивание микроорганизмами. Так, широкое применение нашло биовыщелачивание упорных арсенопиритных рудных материалов, содержащих мышьяк. Однако мышьяк подавляет активность используемых промышленных бактерий.

К настоящему времени обнаружены сотни минералов, содержащих мышьяк, наиболее распространенным является арсенопирит FeAsS. Арсенопирит содержит до 45% мышьяка, при этом часто ассоциирует золото и является важнейшим сырьем при добыче золота. В связи с этим поиск новых видов и штаммов бактерий, способных к выщелачиванию арсенопирита и изучение устойчивости этих бактерий к мышьяку являются востребованным и важным направлением гидрометаллургии,

экологии и рационального природопользования. Из флотоконцентрата арсенопиритной руды нами выделен новый штамм ААФК, способный к выщелачиванию этого сырья. На основе молекулярно-генетических анализов штамм был отнесен к *Thermithiobacillus plumbiphilus*. Следует отметить, что данный штамм является вторым, обнаруженным для этого, недавно описанного вида.

Большинство прокариотических генов, связанных с мышьяком, являются частью оперонов; существует значительное разнообразие кластеров *ars*, *aiO*, *arg* и *arg*, которые содержат общие минимальные наборы генов и определенные дополнительные. Наиболее распространенной системой защиты бактерий от воздействия мышьяка является система *Ars* (arsenic resistance system). На основе литературных данных и Blast-поиска по геномам близких штаммов нами определены гены *T. plumbiphilus* ААФК, ответственные за устойчивость к мышьяку: они относятся к системе *Ars*. Мы не имели точной информации о нуклеотидной последовательности фрагмента целевого транскрипта и сконструировали вырожденные праймеры с учетом аминокислотной последовательности близкородственных штаммов. Проведя ПЦР с сконструированными праймерами, мы получили данные, которые подтвердили наличие генов устойчивости к мышьяку у *T. plumbiphilus* ААФК.

Таким образом, показано, что у *T. plumbiphilus* ААФК имеются все генетические предпосылки для обеспечения резистентности к мышьяку, и этот штамм является перспективным для промышленного использования в биовыщелачивании мышьяксодержащих руд и концентратов.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-24-00380, <https://rscf.ru/project/23-24-00380/>

Абашина Татьяна Николаевна, старший научный сотрудник ИБФМ РАН, ФИЦ ПНЦБИ РАН, Пушкино Россия

Телефон: +7 (916) 426-29-41

E-mail: [tnabashina@gmail.com](mailto:tnabashina@gmail.com)

## 125. ИНГИБИРОВАНИЕ РОСТА *ESCHERICHIA COLI* S17-1 ПРИ СЕЛЕКТИВНОМ ОТБОРЕ КОНЬЮГАНТОВ *RHODOBACTER CAPSULATUS* B10

*Майорова Е.В.<sup>1</sup>, Петушкова Е.П.<sup>1</sup>, Цыганков А.А.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> Институт фундаментальных проблем биологии Российской академии наук – обособленное подразделение ФИЦ ПНЦБИ РАН, г. Пушкино, Россия

Конъюгативный перенос плазмидной ДНК подразумевает дальнейшую очистку культуры-реципиента от культуры-донора. Известно, что небольшие концентрации теллурита калия ( $K_2TeO_3$ ) подавляют рост некоторых штаммов кишечной палочки, используемой в качестве донора. В то же время клетки *Rba. capsulatus*, как реципиента, способны выдерживать более высокие уровни  $K_2TeO_3$ . В данной работе проанализирован рост донорной и реципиентной культур в присутствии  $K_2TeO_3$  в аэробных и фотогетеротрофных условиях на твердых средах (YPS и Ормерода с 20 мМ малата в качестве субстрата).

При культивировании *E. coli* S17-1 колонии обнаружены только в аэробных условиях на среде YPS, содержащей до 10 мкг/мл  $K_2TeO_3$ . Рост культуры на среде с малатом даже без селективного агента отсутствовал, вероятно, из-за неспособности данного штамма транспортировать его в клетку.

*Rba. capsulatus* B10 в аэробных условиях на среде YPS демонстрировала более активный рост, чем на среде Ормерода с малатом при всех исследованных концентрациях  $K_2TeO_3$ . Прямая противоположная тенденция наблюдалась в случае фотогетеротрофного выращивания. При концентрации  $K_2TeO_3$  200 мкг/мл колоний не обнаружено ни при каких условиях. Полученные данные отличаются от информации, приведенной в литературе.

Как у монокультур, так и у культур при совместном выращивании выживаемость и скорость роста на среде YPS с  $K_2TeO_3$  зависела от объема посеваемого материала.

В виду токсичности теллурита калия, а также сложности подбора его концентрации для разного количества высеваемых клеток, использование среды Ормерода с малатом является более перспективным подходом для селективного подавления роста культуры-донора в случае штамма S17-1. Работа выполнена в рамках ГЗ № 122041200039-0.

Майорова Екатерина Владимировна, исполняющий обязанности младшего научного сотрудника лаборатории биотехнологии и физиологии фототрофных организмов ИФПБ РАН – обособленного подразделения ФИЦ ПНЦБИ РАН, Пущино, Россия

Телефон: +7 (496) 773-27-91

E-mail: ekaterina.majorova.97@mail.ru

## 126. КРИТИЧЕСКАЯ РОЛЬ КОНЦЕВЫХ ОБЛАСТЕЙ БЕЛКА У ПРИОНОВ ДРОЖЖЕЙ

*Галлямов Артур Альбертович, Малухина Алена Дмитриевна, Кушниров Виталий Владимирович*

ФИЦ Биотехнологии РАН

Rnq1 – дрожжевой белок с неизвестной функцией, образующий прион  $[RNQ^+]$ . Этот прион способствует возникновению *de novo* других дрожжевых прионов. Белок Rnq1 состоит из 405 аминокислотных остатков. Принято считать, что прионный домен Rnq1 составляет С-концевая область из 250 остатков, богатая глутамином и аспарагином (QN). Однако в нашей лаборатории показали, что его амилоидная структура охватывает только последние 40 остатков. При этом ряд других работ указывает на то, что другие части

QN-богатой области также важны для приона  $[RNQ^+]$ . Похожая ситуация выявлена и в прионном белке Swi1, в котором из 300 остатков QN-богатой области для прионных свойств важны лишь крайние 38. В этой работе мы изучали изменение прионных свойств Rnq1 при различных изменениях С-концевого участка этого белка.

В штамме дрожжей *Saccharomyces cerevisiae* с прионом  $[RNQ^+]$  мы произвели геномные делеции, дающие укорочение белка Rnq1 с С-конца на различную длину. Мы обнаружили, что прион  $[RNQ^+]$  пропадает в мутантах с укорочением на 24 остатка и более, что указывает на отсутствие достаточного прионогенного потенциала во внутренних областях Rnq1, подобно белку Swi1. Кроме того, прион  $[RNQ^+]$  не передавался на гибридный белок Rnq1-GFP. Это указывает на некорректность некоторого количества работ, где такой гибрид использовали для изучения прионных свойств Rnq1. Таким образом, повышенный прионный потенциал концевых областей белка определяется не только их последовательностью, но и самим концевым расположением.

Работа была выполнена при поддержке гранта РФФИ № 23-74-00062

## Ключевые слова:

Прион, дрожжевой прион, амилоид, прионогенный домен, Rnq1,  $[RNQ^+]$

Галлямов Артур Альбертович, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики Института биохимии им. А.Н. Баха ФИЦ Биотехнологии, Москва, Россия.

Телефон: +7 (927) 479-66-24

E-mail: arturens96@gmail.com

## 127. РОЛЬ ОКИСЛИТЕЛЬНОГО СТРЕССА И ДЕФИЦИТА АРОМАТИЧЕСКИХ АМИНОКИСЛОТ В МЕХАНИЗМЕ ДЕЙСТВИЯ НОВЫХ ФУНГИЦИДНЫХ НУКЛЕОЗИДОВ С ЛИПОФИЛЬНОЙ ГРУППОЙ

*Бидюк В.А.<sup>1</sup>, Макаров Д.А.<sup>2</sup>, Александрова Л.А.<sup>2</sup>, Жгун А.А.<sup>3</sup>, Э.Ш.М.О. Гази<sup>1,3,5</sup>, Александров А.И.*

<sup>1</sup> Институт биохимии имени А.Н. Баха, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва

<sup>2</sup> Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта РАН, Москва

<sup>3</sup> Институт биоинженерии им. К.Г. Скрябина, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва

<sup>4</sup> Кафедра микробиологии, Фармацевтический факультет, Университет Танты, Египет

<sup>5</sup> Институт биохимической технологии и нанотехно-логии, Российский университет дружбы народов, Москва

<sup>6</sup> Институт Вейцмана, Реховот, Израиль

Грибковые патогены вызывают серьезные заболевания у человека и наносят значительный экономический ущерб сельскому хозяйству, промышленности и объектам культуры. На данный момент поиск новых эффективных противогрибковых средств крайне актуален.

N<sup>4</sup>-алкильные производные 2'-дезоксцитидина (рабочее название SOV) являются новыми потенциальными соединениями с выраженной антимикотической активностью. Ранее для этих соединений уже была показана высокая эффективность против грибов, повреждающих произведения живописи.

Для определения механизма действия одного из них, SOV4, в качестве модельного объекта были использованы дрожжи *Saccharomyces cerevisiae*. При воздействии SOV4 на дрожжевую клетку в течении нескольких минут развивается окислительный стресс, и клетка гибнет, теряя це-



лостность клеточной мембраны. Добавление антиоксидантов в среду инкубации предотвращает гибель клеток. Большую роль в устойчивости к SOV4 также играют ароматические аминокислоты тирозин и триптофан. У мутантных штаммов с ауксотрофностью по этим аминокислотам существенно повышена чувствительность к SOV4. Уровень тирозина и триптофана в клетке также влияет на защитные свойства антиоксидантов: при дефиците этих аминокислот антиоксиданты не защищают клетку от токсического воздействия SOV4. На данный момент известно, что инактивация генов, ответственных за биосинтез тирозина и триптофана, приводит к повышению чувствительности к большому количеству стрессоров различной химической природы. Однако механизм этого явления изучен мало. Ранее были представлены свидетельства о возможной антиоксидантной роли ароматических аминокислот, входящих в состав трансмембранных белков. Таким образом, можно предположить, что существует прямая связь между антиоксидантной защитой, уровнем ароматических аминокислот в клетке, свойствами клеточной мембраны и чувствительностью к различным по своей природе стрессорам, в том числе и к изучаемому веществу.

Работа выполнена при поддержке грантов РФФИ № 21-74-1011 и РФФИ № 20-04-00094.

Бидюк Виктория Александровна, младший научный сотрудник, аспирант лаборатории молекулярной генетики Института биохимии имени А.Н. Баха, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия  
Телефон +7 (999) 961-29-96  
E-mail: victoria.bidiuk@gmail.com

## 128. ИЗУЧЕНИЕ РАЗНООБРАЗИЯ СООБЩЕСТВ МИКРООРГАНИЗМОВ В ОБРАЗЦАХ ПОВЕРХНОСТНОГО СЛОЯ ВОДЫ КАРСКОГО И БАРЕНЦЕВА МОРЯ МЕТОДАМИ МЕТАГЕНОМИКИ

*Мишустина Екатерина<sup>1</sup>, Трофимова Анна<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> Биологический факультет, Московский Государственный Университет им. М.В. Ломоносова, Москва

<sup>2</sup> Сколковский институт науки и технологий, Москва

В ходе экспедиционного рейса на НИС «Дальние Зеленцы» в июле 2023 года были получены образцы поверхностного слоя воды акватории Карского и Баренцева морей. Особое внимание было уделено местам с сильной гидрофизической динамикой, что подтверждалось спутниковыми снимками и нативными измерениями. Например, в проливе Карские ворота, где были отобраны пробы, наблюдается перемешивание теплого течения Баренцева моря с холодными течениями вод Карского моря.

Отобранные пробы воды были профильтрованы через фильтры Sterivex с помощью перистальтического насоса Integra. С фильтров была выделена тотальная ДНК с помощью набора DNeasy Blood and Tissue kit (Qiagen). V3-V4 вариабельные участки гена 16S рРНК бактерий и архей были амплифицированы и секвенированы с использованием платформы MGI DNBSEQ-T7.

На основании полученных данных будет произведена оценка микробного разнообразия в проливе Карские ворота, будет проведен сравнительный анализ микробных сообществ отобранных в разных местах поперечного разреза Карских ворот, будет оценено влияние различных морских течений на состав микробных сообществ в проливе Карские ворота.

На момент подачи тезисов мы успели секвенировать метагеномную ДНК, далее планируются обработка данных секвенирования.

Данные, которые будут получены в результате данной работы, помогут расширить знания о микробных сообществах поверхностного слоя вод Арктики и оценить влияние гидрофизических процессов на микробные сообщества.

Мишустина Екатерина Павловна, студент кафедры микробиологии, МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия.

Телефон: +7 (915) 361-91-70

E-mail: ek.mishustina@gmail.ru

**129. РЕГУЛЯЦИЯ ЧИСЛА КОПИЙ  
МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК  
У ДРОЖЖЕЙ *SACCHAROMYCES  
CEREVISIAE*, СОДЕРЖАЩИХ  
МИТОХОНДРИАЛЬНУЮ ДНК  
С ОБШИРНЫМИ ДЕЛЕЦИЯМИ**

*Потапенко Е.Ю.<sup>1</sup>, Кашко Н.Д.<sup>2</sup>, Кнорре Д.А.<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> Факультет биоинженерии и биоинформатики  
МГУ, Москва, Россия

<sup>2</sup> НИИ ФХБ им. А. Н. Белозерского МГУ, Москва,  
Россия

В клетках эукариот митохондриальная ДНК (мтДНК) присутствует во множестве копий. Количество копий мтДНК у дрожжей *Saccharomyces cerevisiae* зависит от штамма и от условий, в которых он культивируется, однако в одинаковых условиях количество копий мтДНК поддерживается на постоянном уровне. мтДНК может реплицироваться во всех фазах клеточного цикла независимо от ядерной ДНК (ядДНК).

Однако, если бы мтДНК реплицировалась, никак не синхронизуясь с ядерной, происходил бы дрейф значений соотношения мтДНК/ядДНК. Такого дрейфа не происходит, поэтому предполагается, что в клетке есть системы обратной связи, ограничивающие количество мтДНК, но до сих пор неизвестно, что это за системы и как они работают. В своей работе мы показали, что для работы систем контроля копийности мтДНК необходима полноценная мтДНК.

Работу систем контроля копийности оценивали по степени разнородности индивидуальных клеток суспензионной культуры дрожжей по содержанию мтДНК. Для оценки содержания мтДНК в индивидуальных клетках использовали подход, основанный на измерении тотальной ДНК по флуоресценции ДНК-интеркалирующего зонда SYTOX Green с помощью проточной цитометрии. В качестве контроля использовали клетки штамма *rho<sup>0</sup>*, которые не содержат мтДНК и, соответственно, наименее разнородны по интенсивности флуоресценции, отражающей содержание тотальной ДНК.

Таким способом мы показали, что клетки *rho<sup>0</sup>* штаммов, содержащих мтДНК с обширными делециями, в среднем более разнородны по содержанию мтДНК/клетку, чем клетки дикого типа *rho<sup>+</sup>*. Это означает, что в самой мтДНК закодированы факторы, корректирующие её копийность.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФ №22-14-00108

Потапенко Елена Юрьевна, факультет биоинженерии и биоинформатики МГУ, Москва, Россия  
Телефон: +7 (915) 218-90-87  
E-mail: s16b2\_potapenko@179.ru

**130. МЕТАБОЛИЧЕСКАЯ  
ИНЖЕНЕРИЯ МИКРОБНЫХ  
ПРОДУЦЕНТОВ ДЛЯ ПРОМЫШЛЕННОЙ  
БИОТЕХНОЛОГИИ: ПОЛУЧЕНИЕ  
ИЗОПРЕНОИДОВ ДЛЯ ФАРМАЦЕВТИКИ  
И МЕДИЦИНЫ**

*Доновна М.В.*

Институт биохимии и физиологии  
микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН,  
обособленное подразделение ФИЦ «Пушкинский  
научный центр биологических исследований  
РАН», 142290 Московская область, г. Пушкино,  
пр-т Науки, д. 5

Изопреноиды стероидного ряда, второй по величине класс фармацевтических препаратов после антибиотиков, обладают выраженным противовоспалительным, противоаллергенным и эндокринрегулирующим действием. Основой их промышленного производства является микробиологическая трансформация фитостероинов – стероинов растительного происхождения.

Метаболическая инженерия микробных продуцентов позволяет не только улучшить биокаталитические свойства промышленных штаммов за счет подавления нежелательных активностей, приводящих к образованию побочных продуктов или деструкции гонанового ядра, но и перенаправлять метаболические потоки в клетке в сторону образования новых продуктов. Изучена структурно-функциональная организация генов катаболизма стероидов, предсказаны их функции и выявлены новые важные гены, кодирующие ключевые этапы окислительной деградации боковой цепи и глубокого окисления гонанового ядра природных стероидов. Определение перспективных генов-мишеней и направленный мутагенез позволяют модифицировать пути стероидного катаболизма в актинобактериальных организмах-хозяевах. Рекомбинантные штаммы миколицибактерий, несущие комбинации мутаций в различных генах путей катаболизма стероидов, обеспечивают продукцию стероидных катаболитов (C19, C22, C24, C26 – стероидов), а также изопреноидов инданового ряда, важных для производства востребованных в медицине 19-норстероидов, которые облада-

ют анаболическими или гестагенными свойствами. Получены новые С26-стероиды, перспективные для применения в офтальмологии и обладающие противовирусной активностью.

С целью получения ценных биоактивных гидроксированных стероидов из фитостероидов осуществляется экспрессия гетерологических систем стероидогенеза в миколицибактериях. Так, экспрессия в миколицибактериях синтетического гена *sup102A1-LG23*, кодирующего уникальный цитохром P450 BM3-LG23 из *Priestia megaterium* (bas. *Bacillus megaterium*) с 14 мутациями в гем-связывающей части белка, обеспечивает получение ценного 7 $\beta$ -гидроксиандростендиона – ценного предшественника синтеза ряда противовоспалительных и нейропротекторных стероидов. Получение 15-гидроксиандростанов возможно при экспрессии бациллярных генов CYP106A1 и CYP106A2 в миколицибактериальном хозяине. Ценные гормоны – прогестерон и прегненолон могут быть получены с применением рекомбинантных миколицибактерий, экспрессирующих системы стероидогенеза млекопитающих (CYP11A1-Adx-AdR). Разработаны основы технологии производства тестостерона с использованием рекомбинантных штаммов *Mycolicibacterium neoaurum*. Перспективным направлением является получение стероид-модифицирующих ферментов и их использование в органическом синтезе стероидов и диагностике.

Обсуждаются успехи и проблемы, связанные с созданием и применением новых штаммов, а также разработкой технологий полного цикла для производства ценных изопреноидов.

Работа поддержана Российским научным фондом (грант 21-64-0024).

Доновна М.В

E-mail: donova@ibpm.pushchino.ru;

mv\_donova@rambler.ru

### 131. ПОЛУЧЕНИЕ И ИССЛЕДОВАНИЕ БЕЛКА ХВОСТОВОГО ШИПА GP10 БАКТЕРИОФАГА CURTOBACTERIUM АУКА

Головин Д.Л., Комаревцев С.К., Лукьянова А.А., Токмакова А.Д., Евсеев П.В., Шнейдер М.М., Мирошников К.А.

Институт биоорганической химии им. М.М. Шемякина и Ю. А. Овчинникова РАН, Москва

Различные виды и патовары грамположительных бактерий рода *Curtobacterium*, включая *C. flaccumfaciens pv flaccumfaciens*, далее *Cff*, являются фитопатогенами, которые наносят ущерб экономически значимым сельскохозяйственным культурам. Например, *Cff* является карантинным патогеном бобовых во многих странах мира. Эффективным методом борьбы с ними является фитогаготерапия. В недавнее время стал известен бактериофаг Аука, показавший эффективность в борьбе с *Cff*. Gp10 - белок хвостового шипа данного бактериофага, предположительно обладающий рядом ферментативных доменов и отвечающий за определение бактерии-хозяина. Цель работы - получение и изучение данного белка на модели взаимодействия с бактериями *Cff*.

Свежетрансформированные экспрессионной плазмидой на основе вектора pTSL клетки *E. coli* BL21 засеивали в питательную среду LB, содержащую 100 мкг/мл ампициллина, выращивали до достижения оптической плотности культуры при 600 нм  $OD_{600} \approx 0.6$ , после чего добавляли индуктор IPTG до концентрации 1 мМ. Синтез белка проводили в течение 16 ч при 13°C. Полученную биомассу клеток гомогенизировали ультразвуком и проводили очистку лизата при помощи Ni-NTA хроматографии.

В результате работы был получен высокоочищенный белок, изучено его взаимодействие с бактериями *Cff*, иммобилизованными в двойном агаре. Установлено ингибирование заражения бактериофагом Аука бактерий *Cff* в области нанесения белка хвостового шипа gp10.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (Номер гранта 21-16-00047).

Головин Даниил Леонидович, техник-лаборант лаборатории молекулярной биоинженерии ФГБУН Институт биоорганической химии им. М. М. Шемякина и Ю. А. Овчинникова Российской академии наук (ИБХ РАН), Москва, Россия.  
Телефон: +7 (916) 800-05-41  
E-mail: d.l.golovin1@gmail.com

**132. МОЛЕКУЛЯРНОЕ  
К-ТИПИРОВАНИЕ  
И ФАГОТИПИРОВАНИЕ КОЛЛЕКЦИИ  
KLEBSIELLA PNEUMONIAE: ВЫЯВЛЕНИЕ  
ЛИТИЧЕСКОГО ФАГА KLEBP\_211  
С ШИРОКОЙ СПЕЦИФИЧНОСТЬЮ**

Якубовский В.И.<sup>1,2</sup>, Козлова Ю.Н.<sup>1</sup>,  
Морозова В.В.<sup>1</sup>, Тикунов А.Ю.<sup>1</sup>, Бардашева А.В.<sup>1</sup>,  
Жиравковская Е.В.<sup>1</sup>, Тикунова Н.В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФГБУН Институт Химической Биологии  
и Фундаментальной медицины СО РАН, 630090  
Новосибирск, пр. Академика Лаврентьева, 8,  
Россия

<sup>2</sup> ФГАОУВО «Новосибирский национальный  
исследовательский государственный  
университет», 630090 Новосибирск,  
ул. Пирогова, 1, Россия.

*Klebsiella pneumoniae* является распространённой причиной опасных инфекций. Основным фактором патогенности клебсиелл считают полисахаридные капсулы; штаммы с капсулами K1 и K2 типов являются более вирулентными. Определение типа капсулы *K. pneumoniae* основано на секвенировании *wzi* гена, кодирующего белок внешней мембраны, участвующий в прикреплении капсулы к поверхности клетки. Показано, что специфичность ряда фагов ассоциирована с определённым К-типом клебсиелл.

В данном исследовании была проанализирована коллекция из 24 бактериофагов на способность лизировать 148 клинических штаммов *K. pneumoniae* из коллекции КЭМТК ИХБФМ СО РАН. К-тип клебсиелл определяли секвенированием фрагмента гена *wzi*, и 21%, 21% и 8% штаммов относились к K2, KN2 и K1 соответственно.

Фаготипирование показало, что более 50% штаммов K1 и K2 типов лизировали 12 и 4 бактериофага, соответственно. Более 20% штаммов *K. pneumoniae* оказались резистентными к исследуемой коллекции фагов. Наиболее перспективным фагом является KlebP\_211, который лизировал 55

(37%) штаммов *K. pneumoniae*, включая все штаммы K62 и 86% K10 типов. Литическая активность KlebP\_211 достоверно выше, чем у других 22 фагов ( $\chi^2 = \text{от } 5,44; p < 0,02 \text{ до } 47,82; p < 0,0001$ ).

Предполагается, что данный бактериофаг, или его литические белки, потенциально могут использоваться как дополнение к лечению антибиотиками.

Якубовский Вячеслав Игоревич, аспирант НГУ, ФЕН, Новосибирск, Россия.

Телефон: +7 (913) 741-45-23

E-mail: yakubovskij97@gmail.com

**133. ВЛИЯНИЕ RHODOCOCCUS  
QINGSHENGII VKM AC-2784D  
НА ЭНДОСФЕРНУЮ БАКТЕРИЮ,  
АССОЦИИРОВАННУЮ С SOLANUM  
TUBEROSUM СОРТА ЛУГОВСКОЙ.**

Мориц А.С., Бельков В.И., Петрушин И.С.,  
Маркова Ю.А.

ФГБУН Сибирский институт физиологии  
и биохимии растений СО РАН

Микробиом растений выполняет важные функции, поддерживая их рост и развитие. В настоящее время в сельском хозяйстве широко применяются микробные биопрепараты, как наиболее безопасные для окружающей среды. Бактерии рода *Rhodococcus* являются продуцентами биологически активных соединений, которые обладают антимикробным действием, оказывая влияние на ассоциированные с растением микроорганизмы. Целью работы было изучить влияние *Rhodococcus qingshengii* VKM Ac-2784D, выделенного ранее из ризосферы пырея, на эндофитные бактерии ассоциированные с *Solanum tuberosum* сорта Луговской.

При проведении лабораторных исследований использовались растения картофеля *in vitro* сорта Луговской, *R. qingshengii* VKM Ac-2784D из коллекции СИФИБР СО РАН и эндоферная бактерия (штамм №38) ассоциированная с *S. tuberosum* сорта Луговской. Растения картофеля инокулировали *R. qingshengii* и штаммом №38, культивировали в течении 10 суток на жидкой среде Мурасиге-Скуга.

*R. qingshengii* подавлял рост штамма №38, в эндоризосфере картофеля. *R. qingshengii* и штамм №38 стимулировали рост картофеля, как при совместном заражении, так и в отдельности. Это позволяет нам предположить, что исследуе-

мый микроорганизм обладает способностью синтезировать соединения с антимикробной активностью. С помощью веб-сервиса AntiSMASH предсказано наличие в геноме исследуемого штамма разных типов генных кластеров, в том числе кодирующих 23 различных антибиотика.

Результаты экспериментов показали, что *R. qingshengii* VKM Ac-2784D способен оказывать моделирующее действие на микробиом картофеля.

При поддержке гранта РФФ №23-26-10049

Мориц Анна Сергеевна, ведущий инженер ФГБУН СИФИБР СО РАН, Иркутск, Россия.

Телефон: +7 (999) 423-60-86

E-mail: aconitkaaco@gmail.com

### 134. НЕКОДИРУЮЩИЕ РНК КАК ФАКТОРЫ КОНТРОЛЯ ПОДВИЖНОСТИ И ОБРАЗОВАНИЯ БИОПЛЕНОК У *ESCHERICHIA COLI*

М.Н. Тутукина<sup>1,2,3</sup>, Т.А. Бессонова<sup>2</sup>,  
А.Д. Казнадзей<sup>3</sup>, М.С. Гельфанд<sup>1,3</sup>, О.Н. Озолин<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Сколковский институт науки и технологий, 1121205, Москва, Россия

<sup>2</sup> Институт биофизики клетки РАН – обособленное подразделение ФИЦ «ПНЦБИ РАН». 142290, Московская область, Пущино, Россия.

<sup>3</sup> Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН. 127051, Москва, Россия

#### Введение:

Формирование биопленок патогенными бактериями делает их труднодоступными для антибиотиков и приводит к развитию хронических заболеваний – например, *E.coli* ЕРЕС и UРЕС вызывают колиты и циститы. Несмотря на то, что *E.coli* является самой изученной бактерией, мы все еще не понимаем, какой фактор запускает процесс формирования биопленок; однако известно, что для успешной колонизации организма хозяина *E.coli* должна эффективно утилизировать гексуронаты по пути Эшвелла. Ключевым регулятором этого пути является UxuR, и в отсутствие кодирующего его гена биопленки формируются значительно слабее. В гене *ixuR* были обнаружены промоторы для синтеза некодирующих РНК, на него картировано огромное количество РНК, секретируемых *E.coli* во внешнюю среду. Задачей исследования был поиск функций этих РНК.

#### Материалы и методы:

Штаммы с делецией *ixuR* и выключенной трансляцией белка были получены с помощью Gene doctoring. Анализ экспрессии проводили с помощью секвенирования на Illumina (50 SE) и ОТ-ПЦР-РВ. Биопленки окрашивали кристаллическим фиолетовым.

#### Результаты

Предсказанные PlatProm промоторы эффективно связывались с РНК-полимеразой *in vitro* и *in vivo*, а транскрипция с них могла инициироваться как в прямом, так и в антисмысловом направлении. Экспрессионный анализ показал, что отсутствие именно РНК (а не белка) приводило к активации всех генов, контролирующих хемотаксис и подвижность. С помощью ОТ-ПЦР было подтверждено, что *ixuR*\_aRNA и сонаправленная РНК UxuT ингибируют ген *fliA*, кодирующий  $\sigma^{28}$ , которая отвечает за экспрессию всех генов подвижности. Было показано, что *ixuR*\_aRNA может гибридизоваться с мРНК гена *fliA*, а UxuT – с его регуляторной областью, перекрываясь с сайтами узнавания белков, вовлеченных в контроль подвижности (FlhDC) и образования биопленок (CsgD).

#### Заключение

Таким образом, наши данные свидетельствуют о том, что некодирующие РНК играют важную роль в регуляции подвижности *E. coli* и ее способности к формированию биопленок. Работа поддержана РФФИ АНФ\_а 20-54-14005.

Тутукина Мария Николаевна, старший научный сотрудник Центра молекулярной и клеточной биологии Сколтеха, ведущий научный сотрудник ИППИ РАН им А.А. Харкевича и ИБК РАН, Москва, Россия

Телефон: +7 (915) 212-72-77

E-mail: masha306@gmail.com

### 135. САТЕЛЛИТНАЯ МИКРОБИОТА ЗДОРОВОГО ЛЁГКОГО И ТУБЕРКУЛЁЗНОГО ОЧАГА

Орлова Елизавета Андреевна

ФГБНУ НЦ ПЗСРЧ

Микробиом лёгких отличается низкой биомассой и динамичным разнообразием состава. Туберкулёз (ТБ) лёгких может нарушать взаимодействие микробов и хозяина и влиять на патогенез заболевания.

С целью изучить состав, структуру и функциональный профиль сателлитной микробиоты здорового лёгкого и ТБ-очага, было проведено shotgun-NGS (14 туберкулём) и NGS гена 16S рПНК (4 туберкулёмы, 4 образца здорового лёгкого (от пациентов с раком лёгкого)). Согласно OTU рассчитаны индексы альфа- и бета-разнообразия и предсказаны функциональные профили с помощью PICRUSt2.

В ТБ-очагах помимо ДНК *Mycobacterium tuberculosis* (МБТ) обнаружены *Staphylococcaceae*, *Pasteurellaceae*, *Acetobacteraceae* и *Eggerthellaceae* (более 50 % в 8 из 14 образцов, изученных shotgun-NGS). Здоровые лёгкие представляют полимикробные сообщества с *Propionibacteriaceae*, *Corynebacteriaceae*, *Staphylococcaceae*, *Prevotellaceae* и представителями нефотосинтезирующих *Cyanobacteria*. Индексы разнообразия указывают на значимые различия между МБТ-богатыми очагами и здоровыми лёгкими, а также ТБ-очагами, обогащёнными сателлитной микробиотой. Последние две группы не имеют отличий по индексам разнообразия. Для нормобиоты лёгкого предсказан более широкий профиль метаболических путей и высокий потенциал к ассимиляции органических соединений. Для МБТ-богатых туберкулём прогнозируется более интенсивный биосинтез углеводов, компонентов клеточной стенки, вторичных метаболитов, ассимиляция неорганических соединений и энергетический метаболизм.

Выявленные закономерности сходны с сукцессией в природных микробных сообществах и могут играть значимую роль при организации казеозного некроза при ТБ.

Орлова Елизавета Андреевна, м.н.с. лаборатории эпидемиологически и социально значимых инфекций ФГБНУ НЦ ПЗСРЧ, Иркутск, Россия.

Телефон: +7 (950) 137-06-33

E-mail: elizaveta.a.orlova@gmail.com

### 136. ФУНКЦИОНАЛЬНЫЙ ПОТЕНЦИАЛ СТРЕПТОМИЦЕТОВ ЭВТРОФНЫХ БОЛОТ

Грачёва Т.А., Головченко А.В., Самигуллина С.Р.

МГУ имени М.В. Ломоносова

Интерес к изучению распространения актиномицетов в природных экосистемах обусловлен широкомасштабным использованием этих организмов в биотехнологической промышленности (Berdy, 2005). Объекты для выделения актиномицетов – болотные экосистемы эвтрофного типа различного генезиса под лиственным, смешанным и хвойным лесом. В этих экосистемах исследовали зону основной деструкции органического детрита, в которую вошли подстилка и верхняя 0-50 см толща. Из зоны основной деструкции органического детрита было выделено 89 штаммов, 70 из которых были идентифицированы до рода *Streptomyces* и 3 до рода *Micromonospora*. Доминирующие представители рода *Streptomyces* были отнесены к 39 видам из 12 серий и 5 секций. Представляется значимым, что стрептомицеты не подавляли развитие большинства тестируемых бактерий, выделенных из этих экосистем, что позволяет им эффективнее осуществлять свою совместную деятельность. Антифунгальная активность стрептомицетов оказалась выше, чем антибактериальная. Анализ антимикробной активности показал, что антагонистическим действием против бактерий, микромицетов и условно-патогенных микроорганизмов одновременно обладали 40% выделенных культур стрептомицетов. Широким спектром действия обладали штаммы *Streptomyces globisporus*, *S. sindenensis*, *S. xantochromogenes*. Рекордная полирезистентность (устойчивость к шести антибиотикам из восьми) была выявлена у штаммов *S. aburaviensis* и *S. albaduncus*. Целлюлозолитическая активность была выявлена у 82% изолятов, хитинолитическая – у 26%. Культуры стрептомицетов с высокой гидролитической активностью – *S. bikiniensis*, *S. varsoviensis*, *S. alboflavus*. Полученные результаты указывают на значительный потенциал стрептомицетов, выделенных из зоны основной деструкции органического детрита эвтрофных болот, в производстве препаратов с антифунгальным и целлюлазным действием. Перспективным природным объектом для выделения культур стрептомицетов с высоким функциональным потенциалом является болото лесного заболачивания под черноольшанником.

Грачёва Татьяна Александровна, старший преподаватель факультета почвоведения МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия.

Телефон: +7 (916)-014-55-78

E-mail: tanyadunaeva12@mail.ru

### 137. КАСКАДЫ ДЕЛЕЦИЙ В МИТОХОНДРИАЛЬНЫХ ДНК ДРОЖЖЕЙ *SACCHAROMYCES CEREVISIAE*

Кашко Наталья Дмитриевна, Кнорре Дмитрий  
Алексеевич

НИИ ФХБ имени А.Н.Белозерского, МГУ имени  
М.В.Ломоносова

Разные варианты мтДНК конкурируют между собой в череде поколений клеток. Так, например, “эгоистичные” варианты мтДНК постепенно вытесняют мтДНК дикого типа внутри клетки, но нарушают функции клетки как единого целого. Однако эволюционные силы, действующие при внутриклеточном отборе мтДНК, остаются малоизученными. Чтобы оценить относительные внутриклеточные приспособленности вариантов мтДНК с обширными делециями мы получили и охарактеризовали двадцать мутантных штаммов дрожжей со спонтанными делециями в мтДНК. Высокопроизводительное секвенирование тотальной ДНК из этих штаммов позволило определить координаты делеций, а также оценить соотношение мтДНК/ядДНК для мутантных вариантов мтДНК. Мы также измерили “супрессивность”  $\rho^-$  мутантных вариантов мтДНК. Супрессивностью называют способность мутантных  $\rho^-$  вариантов мтДНК замещать  $\rho^+$  вариант мтДНК дикого типа в скрещиваниях  $\rho^- \rho^+$ . Используя вычислительную стохастическую модель, мы оценили возможные диапазоны относительной внутриклеточной приспособленности мутантных мтДНК из нашей коллекции. Мы обнаружили, что внутриклеточная приспособленность имеет тенденцию к увеличению в клеточных линиях в череде поколений. Это по всей видимости происходит из-за вторичных делеций, возникающих в  $\rho^-$  вариантах мтДНК. Мы предполагаем, что появление первой делеции в мтДНК увеличивает частоту новых спонтанных делеций и со временем отбираются делеционные варианты с большей внутриклеточной приспособленностью. Работа выполнена при поддержке гранта РФФ №22-14-00108

Кнорре Дмитрий Алексеевич, ведущий научный сотрудник НИИ ФХБ имени А.Н.Белозерского МГУ имени М.В.Ломоносова, Москва, Россия

Телефон: +7 (985) 041-47-16

E-mail: knorre@belozersky.msu.ru

### 138. ВЛИЯНИЕ КРАТКОВРЕМЕННОЙ ПРЕДОБРАБОТКИ БРАССИНОСТЕРОИДАМИ НА УСТОЙЧИВОСТЬ РАСТЕНИЙ ЯЧМЕНЯ К ХЛОРИДНОМУ ЗАСОЛЕНИЮ

Серафимович М.В.<sup>1</sup>, Данилова Е.В.<sup>1</sup>,  
Коломейчук Л.В.<sup>1</sup>, Мурган О.К.<sup>1</sup>, Ефимова М.В.<sup>1</sup>,  
Сергеева М.Н.<sup>1</sup>, Воскобоев П.Д.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Национальный исследовательский Томский  
государственный университет

В настоящее время одной из главных проблем снижения продуктивности агро- и биоценозов является засоление почв. Интенсивное засоление негативно отражается на осуществлении многих физиологических процессов у растений, что приводит к снижению их продуктивности. Одним из потенциальных способов защиты растений от хлоридного засоления может быть их обработка фитогормонами, среди которых наибольший интерес представляют брассиностероиды, которые являются наиболее перспективными кандидатами на роль индукторов прайминга – процесса приобретения организмом способности повышать стресс-толерантность в ответ на действие того или иного повреждающего фактора в будущем.

Исследования проводили на растениях ячменя *Hordeum vulgare* L. сорта Биом. Семена проращивали в перлите в течение трех суток. Затем проростки помещали в чашки Петри на дистиллированную воду (контроль) или раствор 10 нМ гомобрассинолида (ГБЛ), или 10 нМ гомокастерона (ГКС). Продолжительность воздействия составляла два часа. Далее проростки переносили на жидкую питательную среду по Влатеу без (контроль) или с добавлением 100 мМ NaCl. Через 7 суток эксперимента проводили оценку морфометрических показателей (длина корня, масса растения). Также оценивали содержание воды и фиксировали растительный материал для проведения биохимических анализов.

Результаты исследований показали, что NaCl оказывал ингибирующее действие на длину корня

и массу растений ячменя, снижая данные показатели на 36% и 42% соответственно, по сравнению с контролем, на котором они составили 11,7 см и 0,4 г соответственно. В тоже время кратковременная обработка растений ГБЛ и ГКС в присутствии NaCl активировала рост ячменя, что проявлялось в увеличении длины корня на 21% и 9% соответственно относительно засоления. Масса растений также увеличивалась на 12% для варианта с ГБЛ и на 9% – с ГКС.

Таким образом, кратковременная обработка brassinosterоидами с последующим солевым стрессом индуцирует переход растений ячменя в состояние прайминга, которое проявляется в поддержании биомассы растений.

Исследование поддержано программой развития Томского государственного университета (Приоритет-2030; проект № 2.1.2.22).

Серафимович Мария Вячеславовна, младший научный сотрудник лаборатории биохимии и молекулярной биологии растений НИ ТГУ, Томск, Россия.

Телефон: +7 (913) 116-19-88

E-mail: masha\_serafimovich@mail.ru

### 139. «НОВАЯ МЕТАНОАРХЕЯ ИЗ ИСКУССТВЕННОЙ ЭКОСИСТЕМЫ ВЕЧНОЙ МЕРЗЛОТЫ»

Речкина В.И.<sup>1</sup>, Щербакова В.А.<sup>1</sup>, Ривкина Е.М.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ ПНЦБИ РАН, г. Пущино, Россия,

<sup>2</sup> ИФХиБПП РАН г. Пущино, Россия

По мнению экспертов, основной причиной глобального потепления является деятельность человека. Арктическая зона с ее заболоченными ландшафтами и высоким содержанием лабильного органического вещества - один из наиболее уязвимых регионов, который в процессе освоения в целях разведки и добычи нефти и газа, подвергается антропогенным воздействиям, изменяющим окружающую среду и вызывающим дополнительные выбросы парниковых газов в атмосферу. Одним из последствий бурения разведочных и эксплуатационных скважин являются отработанные буровые растворы, абсолютно необходимые в процессе бурения, но представляющие собой особую проблему с точки зрения хранения и утилизация в зоне вечной мерзлоты.

### Ключевые слова:

Российская Арктика, мерзлота, метаногенные археи, глобальное потепление.

Нами изучены образцы буровых жидкостей Бованенковского и Харасавэйского газовых месторождений, расположенных в западной части полуострова Ямал, и современные грунты и многолетнемерзлые отложения Тазовского месторождения. Культивирование производили на средах, приготовленных с помощью анаэробной техники Хангейта. О наличии метаногенов в накопительной культуре судили по увеличению метана в газовой фазе, который измеряли методом газовой хроматографии. В результате анаэробной инкубации образцов при температурах 8 и 20° С был зафиксирован прирост метана с максимальным значением (23.4%) при 20°С. Дальнейшее культивирование на среде с добавлением метанола и антибиотиков позволило избавиться от устойчивого бактериального спутника *Bacteroides* sp. 22С и выделить чистую культуру метаногенной археи штамм VO1. Секвенирование гена 16S рНК и последующий филогенетический анализ последовательности указали на принадлежность изолята к роду *Methanosarcina*. Предварительное исследование свойств новой метаносарцины позволило обнаружить, что штамм VO1 отличается от ближайшего вида *M. subterranea* способность к росту на ацетате и H<sub>2</sub>/CO<sub>2</sub> и более низкая температура для роста. Анализ геномной последовательности нового штамма позволит сделать окончательный вывод о таксономическом положении метаногена.

Работа выполнена при поддержке гранта РНФ № 22-24-00518

Речкина Виктория Игоревна, кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории анаэробных микроорганизмов института биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина ФИЦ ПНЦБИ РАН, г. Пущино, Россия.

Телефон: +7 (929) 552-68-96

E-mail: oshurkova.viktoriya@gmail.com



#### 140. АВТОТРОФНЫЕ СУЛЬФИДОГЕНЫ ДОННЫХ ОСАДКОВ СЕВЕРО- ВОСТОЧНОГО ИЗГИБА КУРИЛЬСКОЙ КОТЛОВИНЫ ОХОТСКОГО МОРЯ.

Рыжманова Я.В.<sup>1</sup>, Телегин Ю.А.<sup>2</sup>,  
Щербакова В.А.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ «Пушинский научный центр  
биологических исследований РАН», Институт  
биохимии и физиологии микроорганизмов им.

Г.К. Скрыбина РАН, г. Пушкино

<sup>2</sup> Тихоокеанский океанологический институт им.  
В. И. Ильичева Дальневосточного отделения РАН,  
г. Владивосток

##### Введение:

Морские вулканические геотермальные районы являются значимым источником поступления природного метана и CO<sub>2</sub> в водную толщу и атмосферу. Некоторые представители сульфатвосстанавливающих бактерий (СВБ) способны к автотрофному росту путем использования H<sub>2</sub> и CO<sub>2</sub> в качестве источника углерода и энергии.

Объектом исследования служили 56 образцов донных осадков северо-восточного изгиба Курильской котловины Охотского моря, отобранных в ходе экспедиции на НИС «Академик А.М. Лаврентьев» (рейс №92). Накопительные культуры СВБ инкубировали при 20 и 55°C в течение 1 месяца, **единственным донором электронов и источником углерода служила смесь H<sub>2</sub>/CO<sub>2</sub> (1:4).**

##### Результаты:

Активный процесс сульфидогенеза был обнаружен в 81.25% образцов как из поверхностных (5 см), так и из глубоких горизонтов (300 см) отбора проб. Мезофильные АСВБ в большинстве случаев были обнаружены в верхних горизонтах (5-50 см), в то время как термофильные АСВБ чаще встречались на глубине 50-300 см. Уровень автотрофного сульфидогенеза в большинстве случаев коррелировал с повышенным уровнем углекислого газа в пробах. Однако наиболее активное автотрофное СВБ сообщество обнаружено в газонасыщенных осадках, содержащих метан. Было обнаружено, что добавление метана стимулировало процесс сульфидогенеза, сопровождаемый процессом анаэробного окисления метана в 57.1% накопительных культур СВБ, где ранее не было зафиксировано образование сульфида. Из трех образцов донных осадков газонасыщенных отложений нами выделены новые термофильные облигатные анаэ-

робы, относящиеся к родам *Thermoanaerobacter*, *Tepidibacillus* и *Biomaibacter*, являющиеся естественными спутниками АСВБ.

##### Заключение:

Таким образом, в донных осадках исследуемой части Курильской дуги Охотоморского региона обнаружено активное мезофильное и термофильное автотрофное сульфидогенное сообщество, вовлеченное в процесс анаэробного окисления метана. Выявлена типичная для морских осадков ведущая роль процесса сульфатредукции в терминальной фазе разложения органического вещества с наибольшей интенсивностью в газонасыщенных отложениях. Дальнейшая характеристика новых изолятов в сочетании с метагеномным анализом позволит расширить знания о микроорганизмах, участвующих в биогеохимическом цикле серы и углерода в морских экосистемах.

Рыжманова Яна Владимировна, к.б.н., старший научный сотрудник Института биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина Российской академии наук – обособленного подразделения Федерального государственного бюджетного учреждения науки «Федеральный исследовательский центр «Пушинский научный центр биологических исследований Российской академии наук», г. Пушкино, Россия.

Телефон: +7 (916) 502-78-34

E-mail: ryzhmanova@gmail.com

#### 141. ДЕСТРУКЦИЯ ДИБУТИЛФТАЛАТА ГАЛОТОЛЕРАНТНЫМ ШТАММОМ РОДА *ARTHROBACTER*

Нечаева Ю.И.<sup>1,2</sup>, Корсакова Е.С.<sup>1,2</sup>,  
Ястребова О.В.<sup>1</sup>, Плотникова Е.Г.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> «Институт экологии и генетики  
микроорганизмов УРО РАН» – филиал ПФИЦ  
УРО РАН, Пермь, Россия

<sup>2</sup> ФГАОУ ВО «Пермский государственный  
национальный исследовательский университет»,  
Пермь, Россия

Сложные эфиры фталевых кислот (ЭФК) являются токсичными загрязнителями окружающей среды. Одним из широко используемых ЭФК при производстве пластиков является дибутилфталат (ДБФ), включенный в перечень трудноразлагаемых соединений, обладающих канцерогенными, мутагенными и тератогенными свойствами. В настоящее

время все большее внимание уделяется изучению способности микроорганизмов осуществлять деградацию ЭФК. Цель работы – оценка способности штамма *Arthrobacter* sp. SF27, выделенного из почвы района промышленных разработок Верхнекамского месторождения калийно-магневых солей (Пермский край), осуществлять разложение ДБФ. Ранее описана способность штамма осуществлять утилизацию моно(поли)ароматических соединений, в том числе фенантрена, нафталина и орто-фталевой кислоты (ОФК).

В результате проведенных исследований установлено, что штамм SF27 способен использовать ДБФ (1 г/л) в качестве единственного источника углерода и энергии. С применением метода ГЖХ-МС показана утилизация штаммом 100,8 мг/л ДБФ за 72 ч культивирования, скорость утилизации составляет 0,018 г/сут<sup>-1</sup>.

Сравнение транслированных аминокислотных последовательностей предполагаемых начальных генов разложения ДБФ штамма SF27 с ближайшими гомологичными последовательностями бактерий рода *Arthrobacter* (NCBI) показало сходство на уровне 25-30%. Вероятно, в деструкции ДБФ у штамма SF27 участвуют ферменты, ранее не выявленные у актинобактерий. Разложение ДБФ осуществляется через образование ОФК с последующей ее трансформацией до протокатеховой кислоты (ПКК), что подтверждается наличием в геноме штамма SF27 (номер GenBank GCA\_012952295) кластера *pht*-генов. Последующее окисление ПКК осуществляется протокатехат 3,4-диоксигеназой (гены *pcaH*, *pcaG*) до 3-карбокиси-цис, цис-муконовой кислоты, которая в дальнейшем трансформируется до соединений основного обмена веществ клетки.

Штамм *Arthrobacter* sp. SF27 является активным деструктором ДБФ и может быть использован при разработке биотехнологий, направленных на очистку почв и водных объектов, загрязненных фталатами.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 23-24-00308).

Нечаева Юлия Игоревна, аспирант ФГАОУ ВО «Пермский государственный национальный исследовательский университет», Пермь, Россия.

Телефон: +7 (982) 439-91-30

E-mail: ulia-2012@mail.ru

## 142. БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ ПОЧВЕННОГО МИКРОБИОМА

Манучарова Н.А.

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова

К современным научным проблемам микробиологической технологии относятся выяснение свойств почв, способствующих сохранению разнообразия и получение консорциумов микроорганизмов, обладающих биотехнологическим потенциалом (способностью к гидролизу природных полимеров и ксенобиотиков, азотфиксации, синтезу вторичных метаболитов). Цель работы – выявление специфики развития прокариот, обладающих биотехнологическим потенциалом в почвенных экосистемах, установление закономерностей их распространения и зависимости функциональной активности от основных экологических факторов. Объединение функциональных профилей гидролитической составляющей и участие в окислительно-восстановительных реакциях цикла азота даст возможность управления и двойного контроля над моделируемыми метаболически активными системами. В исследовании применяли молекулярно-биологические и биоинформатические подходы. Спектр исследуемых образцов включал современные почвы Волгоградской, Тульской, Московской областей, Сибири и северной части Центральной Камчатки, реликтовые местообитания Волгоградской области и Центральной Камчатки, многолетнемерзлые грунты Антарктиды, о. Кинг-Джордж. В почвах, подверженных антропогенным или абиогенным нагрузкам, наряду с сокращением разнообразия и численности прокариот установлено увеличение количества генов, маркирующих способность сообщества к биодеградации ксенобиотиков, а также генов, кодирующих превращения азота и уровень метаболизма кофакторов и витаминов. Выявленные закономерности указывают на *высокий метаболический потенциал прокариотного компонента рассматриваемых объектов* и открывают возможности для биотехнологического использования штаммов, выделенных из реликтовых местообитаний.

Манучарова Наталия Александровна, профессор кафедры биологии почв факультета почвоведения МГУ, Москва, Россия.

Телефон: +7 (910) 471-52-54

E-mail: manucharova@mail.ru

**143. ОЦЕНКА СТРУКТУРЫ  
И БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКОГО  
ПОТЕНЦИАЛА  
АКТИНОБАКТЕРИАЛЬНЫХ  
СООБЩЕСТВ ЗАПОВЕДНЫХ ЗОН  
ВЬЕТНАМА.**

*Дорченкова Ю.А., Грачева Т.А.*

Московский государственный университет имени  
М.В. Ломоносова

Актиномицеты представляют собой важную группу биоактивных гидролитических бактерий в любой экосистеме. Однако биоразнообразие актиномицетов в тропических экосистемах, в частности во Вьетнаме, до сих пор недостаточно изучено. Целью данной работы является анализ таксономической структуры и биотехнологического потенциала актиномицетных комплексов на заповедной территории Вьетнама. Из образцов аллювиальной бурой почвы, листового опада и «подвешенной почвы» была выделена тотальная ДНК, которая была использована для секвенирования V3–V4 региона гена 16S рНК. Полученные библиотеки фрагментов гена 16S рНК были проанализированы с использованием онлайн-ресурса SILVA.

Доля последовательностей филума *Actinobacteriota* в трех полученных библиотек составляла от 7 до 11% от общего числа прокариот. Во всех исследованных образцах филум был представлен тремя классами: *Actinomycetia*, *Thermoleophilia*, *Acidimicrobiia*. В аллювиальной бурой почве среди таксонов преобладают семейства *Acidothermaceae* (28%), *Micromonosporaceae* (12%), *Streptomyetaceae* (11%). В растительном опаде преобладают семейства *Micromonosporaceae* (13%), *Microbacteriaceae* (13%), *Streptomyetaceae* (9%). В почве из корзинок эпифитов доминируют представители *Acidothermaceae* (24%), *Frankiaceae* (6%), *Thermomonosporaceae* (5%). Данные анализа говорят о присутствии в субстратах ацидофильных и термофильных актиномицетов. При использовании модуля Local Mapper программы iVikodak на основании базы данных KEGG был проведен анализ ферментов пути «Starch and sucrose metabolism», потенциально образуемых исследуемыми сообществами. Фермент целлюлаза [EC 3.2.1.4] осуществляющий разложение целлюлозы до D-глюкозы был найден во всех трех анализируемых субстратах.

Применение молекулярно-биологических методов исследования позволило значительно расширить

данные о разнообразии актиномицетного комплекса в исследованных образцах природных субстратов и получить информацию о некультивируемых таксонах.

Дорченкова Юлия Андреевна, аспирант 3 года обучения факультета почвоведения МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия.

Телефон: +7 (906) 761-61-04

E-mail: juliadorchenkova@gmail.com

**144. МЕХАНИЗМЫ ПОДДЕРЖАНИЯ  
ЖИЗНЕСПОСОБНОСТИ НОНСЕНС-  
МУТАНТОВ ПО ГЕНАМ *SUP45*  
И *SUP35* ДРОЖЖЕЙ *SACCHAROMYCES*  
*CEREVISIAE***

*Журавлева Г.А.*

Кафедра генетики и биотехнологии, Санкт-Петербургский государственный университет

Процесс терминации трансляции в клетках эукариот обеспечивается совместной работой факторов терминации трансляции eRF1 и eRF3 при участии ряда других белков. Гены *SUP45* и *SUP35*, кодирующие белки eRF1 и eRF3 в клетках дрожжей-сахаромицетов являются жизненно-важными. Ранее мы отобрали спонтанных жизнеспособных нонсенс-мутантов (*sup45-n* и *sup35-n*) по этим генам, и показали, что мутантные клетки содержат полноразмерные белки Sup45 или Sup35, но в значительно сниженных количествах по сравнению с диким типом. Известно, что уменьшение содержания белка Sup45, или Sup35 до 10% сопровождается значительной потерей жизнеспособности дрожжевых клеток. Мы предположили, что в ходе отбора мутантов *sup45-n* и *sup35-n* происходит накопление дополнительных, повышающих жизнеспособность, мутаций. Для идентификации таких мутаций мы провели полногеномное секвенирование ста штаммов, полученных в результате замещения аллели дикого типа *SUP45* или *SUP35* на мутантные аллели *sup45-n* или *sup35-n*. У изученных штаммов не были выявлены нуклеотидные замены, которые бы присутствовали у всех вариантов. В то же время, было обнаружено достоверное увеличение копийности плазмид, содержащих аллели *sup45-n* или *sup35-n*, подтвержденное ПЦР-РВ. Таким образом, у нонсенс-мутантов по генам *SUP45* и *SUP35* происходит увеличение копийности плазмидной ДНК в количестве 3-10 копий по сравнению с клетками дикого типа. Про-

веденный транскриптомный анализ с помощью технологии РНК-сек выявил различие в экспрессии большого числа генов при замещении плазмид с генами дикого типа *SUP45* и *SUP35* на мутантные нонсенс-аллели, в том числе генов, участвующих в регуляции клеточного цикла, биосинтеза аминокислот, биосинтеза белка и др. Дальнейший анализ позволил выявить гены, которые могут быть вовлечены в увеличение числа копий генов *SUP45* и *SUP35*, и, таким образом влиять на жизнеспособность штаммов, несущих мутации в данных генах.

Работа поддержана грантом РНФ 23-14-00063.

Журавлева Галина Анатольевна, доктор биологических наук, профессор кафедры генетики и биотехнологии Санкт-Петербургского государственного университета, 199034, Санкт-Петербург, Университетская наб. 7/9  
Телефон: +7 (911) 938-40-80  
E-mail: zhouravleva@rambler.ru;  
g.zhuravleva@spbu.ru

#### 145. ВЕНТУРИЦИДИН-ЧУВСТВИТЕЛЬНОЕ РАЗОБЩЕНИЕ МЕМБРАН *PARACOCCLUS DENITRIFICANS* ПОД ДЕЙСТВИЕМ ФОСФАТАЗ

*Т.В. Жарова, А.В. Кареева*

Кафедра биохимии, Биологический факультет, МГУ им. М.В.Ломоносова, Москва, Россия

$F_0 \cdot F_1$  АТФ-синтазы/АТФазы ( $F_0 \cdot F_1$ ) сопрягают синтез АТФ из АДФ и фосфата или гидролиз АТФ с трансмембранным переносом протонов. Практически общепризнано, что  $F_0 \cdot F_1$  – обратимо функционирующий комплекс, однако известно, что ряд эффекторов избирательно влияют на протекание реакции только в одном направлении.  $F_0 \cdot F_1$  *Paracoccus denitrificans* демонстрирует высокую скорость синтеза АТФ и очень низкую АТФазную активность, и представляет собой природную модель однонаправленно функционирующей  $F_0 \cdot F_1$ . Энергизация прочносопряженных мембран *P. denitrificans* (суббактериальных частиц, СБЧ) приводит к активации латентной АТФ-гидролазной активности  $F_0 \cdot F_1$ , а деэнергизация – к деактивации АТФазы. АДФ увеличивает скорость деактивации. Мы предполагаем, что  $F_0 \cdot F_1$  существует в двух формах: гидролитически активной  $E_a$  и неактивной  $E_{in} \cdot ADP$ . АДФ сдвигает равновесие в сторону неактивного фермента, а энергизация

мембран восстанавливает гидролитически активную форму фермента. В рамках предложенной модели мы исследовали роль энергизации и АДФ в регулировании  $F_0 \cdot F_1$ . Мы показали, что удаление АДФ с помощью пируваткиназы и фосфоенолпирувата не влияло на АТФазную активность СБЧ. Инкубация СБЧ с щелочной фосфатазой или апиразой вызывала падение мембранного потенциала частиц, измеряемого по ответу потенциал-чувствительного индикатора Оксонола VI. Энергизация мембран не влияла на скорость и степень разобшения, индуцированного удалением нуклеотидов. Вентурицидин, специфический ингибитор бактериальной  $F_0 \cdot F_1$ , а также субстраты и продукты реакции (АТФ, АДФ, P<sub>i</sub>) и негидролизуемый аналог АТФ АМР-РНР обращали и предотвращали разобшение. Таким образом, мы обнаружили, что удаление нуклеотидов приводит к нарушению взаимодействия между  $F_0$  и  $F_1$  в  $F_0 \cdot F_1$  АТФ-синтазе/АТФазе и неконтролируемому переносу протонов.

Работа поддержана грантом РНФ 22-24-00106

Жарова Татьяна Вадимовна, доцент кафедры биохимии Биологического факультета МГУ им. М.В.Ломоносова, Москва, Россия  
Телефон: +7 (915) 210-17-29  
Email: tzharova@yandex.ru

#### 146. НАНОПОРОВОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ ДЛЯ DE NOVO ОПРЕДЕЛЕНИЯ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ГЕНОМОВ.

*Хренова М.Г.<sup>1</sup>, Панова Т.В.<sup>1</sup>,  
Родин В.А.<sup>1</sup>, Сергеев А.С.<sup>1</sup>, Кубарева Е.А.<sup>2</sup>,  
Трефилов В.С.<sup>1</sup>, Цавкелова Е.А.<sup>3</sup>, Зверева М.Э.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> Химический факультет, Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, 119991, Москва, Ленинские горы, д. 1, стр. 3,

<sup>2</sup> НИИ Физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского МГУ, 119992, Москва, Ленинские горы, дом 1, стр 40

<sup>3</sup> Биологический факультет, Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, 119991, Москва, Ленинские горы, д. 1, стр.12

Нанопоровое секвенирование (ONT) - это современный метод определения нуклеотидных последовательностей нуклеиновых кислот, который по-

зволяет получать длинные непрерывные прочтения тысяч нуклеотидных остатков полинуклеотидной цепи без биоинформатической сборки, сложности со сборкой повторяющихся последовательностей и амплификации во время секвенирования по сравнению с секвенированием следующего поколения (NGS), что позволило приблизиться к завершению проекта геном человека [1]. ONT также позволяет получать информацию о химической модификации нуклеотидных остатков последовательностей, например, метилирования. Это открывает новые возможности в геномике микроорганизмов. Секвенирование с помощью нанопор облегчает полногеномную сборку новых геномов на основе данных NGS, гибридную сборку называют золотым стандартом и активно используют в полногеномном анализе, в качестве примера [2]. Нанопоровое секвенирование может помочь в определении масштабных генетических изменений, приводящих к адаптации микроорганизмов, например, к появлению устойчивости к антибиотикам. В работе [3] мы проверили эффективность технологии ONT для сборки геномов de novo и определения как глобальных изменений (делеции, вставки), так и точечных на уже охарактеризованном геноме. Для этого провели полногеномный анализ известного штамма *E. coli*, характеризующегося делецией гена TolC и определенными однонуклеотидными вариациями, приводящими к устойчивости к антибиотикам. Мы провели сборку в отсутствие эталонного генома и определили минимальную глубину охвата для получения полного генома, в зависимости от качества данных ONT и необходимой глубины покрытия для определения однонуклеотидных вариаций. В зависимости от метода получения геномной ДНК, длина прочтений и необходимое покрытие для достоверной сборки различалось. Были подобраны оптимальные условия получения геномной ДНК для нанопорового анализа. Возможность использования только данных нанопорового секвенирования была подтверждена на модифицированных геномах *B. subtilis*, производящих сурфактанты, а также при анализе новых бактериальных геномов.

#### Литература:

1. Eisenstein, M. Closing in on a complete human genome. – *Nature*, 2021. - **590**(7847), 679-681c.
2. Podosokorskaya O. A., Klyukina A. A., Panova T. V., Rodin V. A., Zvereva M. I., Tulenkov A. S., Lebedinsky A. V., Kublanov I. V., Elcheninov A. G. Draft genome sequence of thermomicrobium sp. strain

4228- ro, a thermophilic bacterium isolated from a kamchatka hot spring. - *Microbiology Resource Announcements*. 2023. - **12**(3), 1–2c.

3. Khrenova M.G., Panova T.V., Rodin, V.A., Kryakvin M.A., Lukyanov D.A., Osterman I.A., Zvereva M.I. Nanopore Sequencing for De Novo Bacterial Genome Assembly and Search for Single-Nucleotide Polymorphism. - *Int. J. Mol. Sci.* 2022, - **23** (15), 8569p.

Работа выполнена при финансовой поддержке МИНИСТЕРСТВА НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РФ, проект 075-15-2021-1396.

### 147. АНАЛИЗ МИКРОБИОМА КИШЕЧНИКА БОЛЬНЫХ ТУБЕРКУЛЕЗОМ ЛЕГКИХ ДО И ПОСЛЕ ПРОХОЖДЕНИЯ ПРОТИВОТУБЕРКУЛЕЗНОЙ ТЕРАПИИ

*Терентьева Д.Р.<sup>1,2</sup>, Юнусбаева М.М.<sup>1</sup>,  
Бородина Л.Я.<sup>3</sup>, Закирова А.М.<sup>3</sup>, Юнусбаев Б.Б.<sup>4</sup>*

<sup>1</sup> ФГАОУ ВО «Национальный исследовательский университет ИТМО», г. Санкт-Петербург

<sup>2</sup> ФБУН НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Санкт-Петербург

<sup>3</sup> ГБУЗ Республиканский клинический противотуберкулезный диспансер, г. Уфа

<sup>4</sup> ФГБОУ ВО «Санкт-Петербургский государственный университет», г. Санкт-Петербург

#### Введение:

Туберкулез (ТБ) - инфекционное заболевание, которое ежегодно поражает миллионы людей. Эффективность лечения зависит от многих факторов, в том числе от состояния микробиоты кишечника. Целью исследования было изучение бактериальной структуры и метаболического профиля микробиома кишечника больных ТБ до и после прохождения химиотерапии (ХТ).

#### Материалы и Методы:

В работе использовали 46 образцов ДНК, выделенных из фекалий больных с впервые выявленным ТБ легких до начала ХТ (n = 23) и после прохождения ХТ (n = 23). Было проведено полногеномное секвенирование, определены состав и метаболический потенциал кишечного микробиома исследуемых групп с помощью MetaPhlan 4 и HUMAnN 3.6 соответственно, выполнен анализ пар, состоящих из пациентов до и после ХТ.

## Результаты:

Всего было обнаружено 28 дифференциально представленных таксонов бактерий ( $p < 0,05$ ), из которых 3 вида (*Bacteroides cellulosilyticus*, *Enterocloster aldensis*, *Clostridium spiroforme*) были более распространены у больных ТБ после ХТ, у больных ТБ до ХТ превалировали *Akkermansia muciniphila*, *Clostridia bacterium*, *Bifidobacterium catenulatum*, *Enterococcus faecium*, *B. salyersiae*, *B. xylanisolvens* и др. Всего 26 метаболических путей различались по представленности в группах до и после ХТ. Только 2 пути были более многочисленны в группе ТБ до ХТ: пентозофосфатный путь и синэргический путь деградации глюкозы и ксилозы ( $p < 0,05$ ), в группе ТБ после ХТ наблюдалось увеличение путей, направленных на синтез гема Б, нуклеотидов, аминокислот и элементов клеточной стенки ( $p < 0,05$ ).

## Заключение:

ХТ оказывает негативное воздействие на микробиом хозяина. Анализ метаболического профиля показал, что на фоне ХТ наблюдается активный рост и размножение бактерий и обостряется борьба за жизненно важные ресурсы, такие как железо, аминокислоты, нуклеотиды, витамины и пр. Эти наблюдения могут означать потенциальную связь между изменениями микробиоты кишечника и течением заболевания.

Работа поддержана грантом РФФ № 22-25-00272.

Терентьева Дарья Романовна, м.н.с. лаборатории молекулярной эпидемиологии и эволюционной генетики, ФБУН НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Санкт-Петербург 197101 Россия

Телефон: +7 (913) 416-35-60

E-mail: dariateren1@gmail.com

## 148. ПОИСК БЕЛКОВ КИШЕЧНЫХ БАКТЕРИЙ ЧЕЛОВЕКА, СПОСОБНЫХ ИНДУЦИРОВАТЬ АГРЕГАЦИЮ АЛЬФА-СИНУКЛЕИНА

*Трубицина Н.П.<sup>1</sup>, Землянко О.М.<sup>1,2</sup>, Журавлева Г.А.<sup>1,2</sup>, Бондарев С.А.<sup>1,2</sup>*

1 Кафедра генетики и биотехнологии, Санкт-Петербургский государственный университет (СПбГУ), Санкт-Петербург, Россия

2 Лаборатория биологии амилоидов, Санкт-Петербург, Россия

При болезни Паркинсона (БП) наблюдаются изменения в микробиоме ЖКТ, ведущие к дисбиозу. Один из предполагаемых путей развития БП – это образование агрегатов белка альфа-синуклеина (αSyn) при коагреации с амилоидными белками кишечных бактерий. Известно, что белок *E. coli* CsgA, который формирует амилоидные агрегаты на поверхности клеток, может индуцировать агрегацию αSyn. Поиск новых таких белков у бактерий стал целью нашей работы. С использованием программы AmyloComp проведен биоинформатический анализ бактериальных протеомов для поиска потенциальных амилоидных белков, способных коагрегировать с αSyn. Методом C-DAG проверили амилоидные свойства белков-кандидатов *in vivo*.

Для анализа выбрали протеомы бактерий, количество которых изменяется при БП. Мы получили список белков этих бактерий, сходных по структуре с αSyn и потенциально способных коагрегировать с ним, и провели анализ Gene Ontology. В группе бактерий, увеличение числа которых связано с развитием БП, повышено число белков, располагающихся снаружи клетки. Мы выявили 20 белков, потенциально взаимодействующих с αSyn. Для проверки их включения в агрегаты αSyn мы отработали тест-систему, основанную на анализе агрегации белка интереса *in vitro* при добавлении в раствор бактериальных клеток с амилоидными агрегатами на поверхности. Для отработки эксперимента мы использовали клетки с агрегатами Sup35NMr, которые ускоряли агрегацию этого же белка *in vitro*.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФ 22-74-10042.

Трубицина Нина Павловна, научный сотрудник кафедры генетики и биотехнологии СПбГУ, Санкт-Петербург, Россия

Телефон: +7 (981) 895-63-57

E-mail: n.trubitsina@spbu.ru

**149. МИКРОБИОМ СТОЧНЫХ ВОД ГОРОДА МОСКВЫ И АКТИВНЫХ ИЛОВ ОЧИСТНЫХ СООРУЖЕНИЙ: ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ РОЛЬ В ОЧИСТКЕ ВОДЫ И РАСПРОСТРАНЕНИИ ГЕНОВ РЕЗИСТЕНТНОСТИ К АНТИБИОТИКАМ**

*Бегматов Ш.А.<sup>а</sup>, Дорофеев А.Г.<sup>б</sup>, Пименов Н.В.<sup>б</sup>,  
Марданов А.В.<sup>а</sup>, Равин Н.В.<sup>а</sup>*

<sup>а</sup> Институт биоинженерии им. К.Г. Скрыбина,  
ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия

<sup>б</sup> Институт микробиологии им.

С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН,  
Москва, Россия

Микробные сообщества активных илов очистных сооружений играют центральную роль в очистке сточных вод и контроле распространения генов антибиотикорезистентности. Мы провели молекулярный анализ микробиомов сточных вод до и после очистки, и активных илов крупных очистных сооружений города Москвы, используя разные технологии очистки. В поступающей на очистку воде преобладали фекальные загрязнители, среди которых известны патогены человека. После очистки их доли в микробиоме снижались в 50-100 раз, что свидетельствует об эффективном удалении патогенов. В микробиоме очищенной воды преобладали бактерии из активного ила. Состав микробиомов активных илов зависел от технологий очистки. Установки, использующие процесс УСТ, в котором происходит смена анаэробных/ аноксигенных/ оксигенных условий, эффективно удаляют не только органические вещества, но также азот и фосфор, что соответствует высокому содержанию нитрификаторов, денитрификаторов и фосфат-аккумулирующих бактерий. Сравнение микробиомов очистных сооружений со всего мира показало, что московские образцы образуют один кластер. Вероятно, характеристики сточных вод, связанные с социокультурными факторами, могут больше влиять на состав микробиома, чем технология очистки.

Очистные установки могут являться одним из важнейших источников распространения в окружающую среду генов устойчивости к антибиотикам, имеющих у резистентных бактерий из городских сточных вод. Метагеномный анализ выявил присутствие сотен видов генов устойчивости как в воде до и после очистки, так и в активных илах. Доминирующей группой были бета-лактамазы (в основном *bla<sub>OXA</sub>* и *bla*), которые составляли

четверть всего резистома в поступающей на очистку воде и около половины в активных илах и очищенной воде. В целом, относительное содержание генов резистентности в метагеноме очищенной воды существенно ниже, чем в воде до очистки. Работа поддержана Российским научным фондом (проект 22-74-00022).

Бегматов Шахжахон, научный сотрудник лаборатории геномики микроорганизмов и метагеномики, Институт биоинженерии им. К.Г. Скрыбина ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (977) 146-68-89

E-mail: shabegmatov@gmail.com

**150. СПЕКТР НЕЙССЕРИЙ ГЕНИТАЛЬНОГО ТРАКТА ПРИ ВОСПАЛИТЕЛЬНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЯХ**

*Годовалов Анатолий Петрович, Оборин Денис Александрович, Карпунина Тамара Исаковна*

ФГБОУ ВО «Пермский государственный медицинский университет имени академика Е.А. Вагнера» Минздрава России

*Цель исследования – сравнительная оценка встречаемости нейссерий в генитальном тракте у женщин и мужчин при воспалительных заболеваниях. Исследовали отделяемое генитального тракта 19 пациентов с предположительным диагнозом «острая генитальная гонококковая инфекция» (ОГГИ, 1 группа) и 30 пациентов – с неспецифическими воспалительными заболеваниями (НВЗ, 2 группа). Секвенирование гена 16S рРНК осуществляли на платформе Illumina MiSeq. Использованы библиотеки 16S Metagenomic Sequencing Library Preparation Illumina. Дополнительно детекцию *N. gonorrhoeae* осуществляли с помощью ПЦР в реальном времени.*

*У всех пациентов 1 группы в ПЦР обнаружены гены *N. gonorrhoeae*. У тех же пациентов доля маркеров нейссерий в совокупном бактериальном геноме составляла от 0,01 до 15%. Во 2 группе *N. gonorrhoeae* с помощью ПЦР не выявлены, доля маркеров нейссерий варьировала от 0 до 0,1%. Среди представителей рода *Neisseria* в обеих группах обнаружены *N. meningitidis* (100% проб). В образцах пациентов 1 группы обнаружены гены *N. lactamica* (58%), *N. elongata* (42%), *N. zoodematis* (32%), *N. weaveri* (32%), *N. subflava* (16%). Спектр нейссерий в образцах пациентов 2 группы включал *N. lactamica* (34%), *N. subflava**

(17%), *N. gonorrhoeae* (13%), *N. zoodematis* (10%), *N. weavery* (3%), *N. elongata* (3%). Среднее число видов нейссерий на один образец среди мужчин 1 группы составило  $6,8 \pm 1,6$ , а второй –  $3,3 \pm 0,3$  ( $p < 0,05$ ). Для женщин этот показатель составил  $4,3 \pm 0,9$  и  $2,8 \pm 0,5$  ( $p < 0,05$ ) соответственно. Поскольку оптимум роста нейссерий наблюдается при pH 7,0, можно предположить, что слабощелочная среда мужских половых путей более благоприятна для нейссерий, чем кислая у женщин. При воспалительных заболеваниях генитального тракта маркеры нейссерий составляют до 15% от совокупного бактериального генома. При ОГГИ этот показатель выше, чем при НВЗ. При этом спектр нейссерий у мужчин шире, чем у женщин.

Годовалов Анатолий Петрович, доцент кафедры микробиологии и вирусологии ФГБОУ ВО «Пермский государственный медицинский университет имени академика Е.А. Вагнера» Минздрава России, Пермь, Россия.

Телефон : +7 (912)-981-51-00

E-mail: AGodovalov@gmail.com

## 151. ХАРАКТЕРИСТИКА И ГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ ШТАММА-ДЕСТРУКТОРА ПАУ *DELFTIA TSURUHATENSIS* ULWDIS3

Вершинина Д.Д.<sup>1,2</sup>, Ветрова А.А.<sup>1</sup>, Иванова А.А.<sup>1</sup>, Сазонова О.И.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ «Пушинский научный центр биологических исследований РАН», Пушкино, Россия

<sup>2</sup> Пушинский филиал ФГБОУ ВО «Российский биотехнологический университет (РОС-БИОТЕХ)», Пушкино, Россия

Полициклические ароматические углеводороды (ПАУ) являются распространенными стойкими загрязнителями, способностью к биодеградации которых обладают гетеротрофные бактерии рода *Delftia*.

Целью данного исследования являлось изучение физиолого-биохимических и генетических свойств *D. tsuruhatensis* sp. ULwDis3 в отношении деградации нафталина, как модельного соединения при изучении деградации ПАУ.

Для определения геномной последовательности штамма и идентификации генов, отвечающих за деградацию нафталина, проводилось секвенирование геномной ДНК. Хромосома штамма *D. tsuruhatensis* ULwDis3 содержит все

гены, необходимые для окисления нафталина через салицилат и гентизат (*nag*-гены) до интермедиатов Цикла Кребса. Эти гены организованы в один оперон и расположены на участке размером 15,8 т.п.н. Оперон содержит 17 генов, *nagAaGHAbAcAdBFCQEDJKLM*. Последовательность, содержащая регуляторный ген *nagR*, расположена перед *nag*-опероном. В геноме штамма присутствуют три последовательности, предположительно кодирующие гентизат 1,2-диоксигеназу, одна из которых, *nagI*, является частью *nag*-оперона.

Физиолого-биохимические характеристики штамма ULwDis3 изучены при культивировании в минеральной среде с нафталином в качестве единственного источника углерода и энергии. В ходе лаг-фазы не происходило потребления нафталина. На экспоненциальную фазу приходился максимальный уровень потребления нафталина. Наибольшие активности нафталин 1,2-диоксигеназы, салицилат 5-гидроксилазы и гентизат 1,2-диоксигеназы наблюдались в конце экспоненциальной фазы роста. Установлено, что через 22 ч роста штамм перестал потреблять нафталин, в это же время активности нафталин 1,2-диоксигеназы и салицилат 5-гидроксилазы не детектировались. Позже наблюдалось уменьшение количества живых клеток и гибель культуры. Активность гентизат 1,2-диоксигеназы была обнаружена с момента образования гентизата до гибели культуры. Работа выполнена при поддержке Министерства науки и высшего образования РФ (госзадание FMRM-2022-0014).

## 152. ВЫДЕЛЕНИЕ МИКРООРГАНИЗМОВ-ДЕСТРУКТОРОВ ИЗ ПОЧВ, ЗАГРЯЗНЕННЫХ ПЕСТИЦИДОМ ИМАЗАМОКС

Е.О. Приставка, А.А. Левчук, Л.А. Беловежсец

Иркутский институт химии им. А.Е. Фаворского СО РАН

В настоящее время являются актуальными проблемы антропогенного загрязнения почв пестицидами, широкое применение которых приводит к накоплению в почве их фитотоксичных остаточных количеств. Одним из способов снижения негативного воздействия гербицидов на почвенные экосистемы является использование метода биоремедиации загрязненных почв.

Целью данной работы являлось выделение и изучение деградационного потенциала микроорганиз-



мов антропогенно загрязненных почв. Образцы были отобраны с территории сельскохозяйственного агрария Иркутской области, где почва подвергалась сезонным обработкам гербицидом с действующим веществом имазамокс. Выделение микроорганизмов осуществляли по общепринятым методам. Всего из исследуемых почвенных образцов было выделено 30 штаммов чистых культур микроорганизмов, использующих имазамокс в качестве ростового субстрата. Для выбора наиболее перспективных из них была проведена оценка деструктивного потенциала пяти штаммов грибов. Для этого грибы инокулировали в жидкую минеральную среду Кирка с добавлением пестицида в концентрации 0,16 г/л в качестве единственного источника углерода. Культивировали при 26 °С в течение 14 суток с ежедневным отбором проб для определения остаточных количеств пестицида. Пробы центрифугировались для отделения биомассы и анализировались методом ВЭЖХ. Контролем служила стерильная питательная среда без микроорганизма.

В результате было выявлено два штамма грибов, способных в течение 14 дней утилизировать 25% и 35% пестицида.

Таким образом, данные штаммы могут быть перспективными для деструкции остаточных количеств гербицида имазамокс.

Приставка Екатерина Олеговна, младший научный сотрудник лаборатории экологической биотехнологии Иркутского института химии им. А. Е. Фаворского СО РАН, Иркутск, Россия.

Телефон: +7 (908) 653-67-76

E-mail: katya-i-95@mail.ru

### 153. *BACILLUS CEREUS* В ПОЧВЕ МОСКОВСКОЙ ОБЛАСТИ

Полякова А.Н.<sup>1</sup>, Поляков Н.Б.<sup>1</sup>, Карпов И.Д.<sup>2</sup>,  
Осипова П.Д.<sup>3</sup>, Жуховицкий В.Г.<sup>1</sup>,  
Поддубко С.В.<sup>3</sup>, Карпов Д.С.<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии им. почетного академика Н.Ф. Гамалеи Минздрава России, Москва, Россия,

<sup>2</sup> ГБОУ Школа 962, Москва, Россия

<sup>3</sup> Институт медико-биологических проблем Российской академии наук, Москва, Россия

<sup>4</sup> Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта Российской академии наук, Москва, Россия

Почва – это открытая многокомпонентная система в поверхностном слое коры выветривания горных пород, обладающая плодородием. Почвы служат местом обитания множества микроорганизмов, которые играют ключевую роль в круговороте веществ. Среди почвенных микроорганизмов встречаются патогенные для человека виды, в частности, *Bacillus cereus* — возбудитель пищевых токсикоинфекций человека, сопровождающихся рвотой и диареей. В этой связи оценка распространённости *B. cereus* в почве представляется весьма актуальной.

Цель работы – выявление *B. cereus* в почве Московской области.

Отобранные образцы почвы обрабатывались несколькими дезинфицирующими средствами: 70%-ным этиловым спиртом, мыльным раствором (твёрдого хозяйственного мыла ГОСТ 790—89, 90% концентрации), антибактериальными салфетками Красная птица «ООО Авангард» без спирта (почва активно перетиралась салфетками). Обработанные образцы почвы высевались на агаризованной среде YPD (Lab M) или на 5% бараний дефибринированный кровяной агар, до и после обработки бактерицидными средствами, и далее инкубировались при комнатной температуре 25 °С 24 ч. Идентификацию выросших колоний проводили методом MALDI-TOF с помощью масс-спектрометра Ultraflextreme (Bruker Daltonik, Германия) и программного обеспечения Maldi biotyper compass explorer 4.1.0.100 и библиотеки версии 10 (10833 записей), дополненной масс-спектрами из собственной коллекции (IHDB).

Установлено, что в почве Московской области преобладают представители рода *Bacillus*, в том числе *B. cereus*, устойчивые к обработке вышеперечисленными дезинфицирующими средствами. По-видимому, устойчивостью к последним обладают споры, способные к прорастанию при последующем культивировании. Кроме того, были обнаружены штаммы, в том числе, штаммы *B. cereus*, напоминающие по морфологии, а затем подтвержденные методом масс-спектрометрии штаммы рода *Bacillus*, выделенные ранее из внутренних объемов Международной космической станции в рамках мониторинга ее санитарно-эпидемического состояния.

Полученные данные свидетельствуют о наличии в почве Московской области патогенных для человека бактерий, устойчивых к действию обычных дезинфицирующих средств.

**Ключевые слова:**

Почва, *Bacillus cereus*, MALDI-TOF

## 154. ДЕТЕКЦИЯ S-ГЕНОТИПА *Mycobacterium tuberculosis* И ПРОЯСНЕНИЕ ПОЗИЦИИ СПОРНЫХ СПОЛИГОТИПОВ ЕВРО- АМЕРИКАНСКОЙ ЛИНИИ

Мокроусов И.В.<sup>1</sup>, Жданова С.Н.<sup>2</sup>, Вылчева В.<sup>3</sup>,  
Алексеева Г.И.<sup>4</sup>, Винокурова М.К.<sup>4</sup>, Огарков О.Б.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> НИИ эпидемиологии и микробиологии им.  
Пастера г. Санкт-Петербург, Россия

<sup>2</sup> Научный центр проблем здоровья семьи  
и репродукции человека, г. Иркутск, Россия

<sup>3</sup> Институт микробиологии им. Стефана Ангелова,  
Болгарская академия наук, София, Болгария

<sup>4</sup> НПЦ «Фтизиатрия» им. Е.Н. Андреева,  
Республика Саха (Якутия), Якутск, Россия

### Введение:

Генотип S (впервые описанный в Сицилии, отсюда и название) входит в крупную Евро-Американскую филогенетическую линию *Mycobacterium tuberculosis*. Эпидемическая значимость штаммов S была показана в исследовании в Якутии (Zhdanova et al., 2013). Целью исследования была разработка и применение метода быстрой детекции S-генотипа *M. tuberculosis*.

### Материалы и методы:

Клинические штаммы *M. tuberculosis* выделяли стандартными методами. Генотипирование проводили методами CRISPR-сполиготипирования и MIRU-VNTR. Полногеномное секвенирование проводили на платформе HiSeq Illumina. Определение мутации *Rv0557 457 C>G*, предложенной в качестве маркера генотипа S (Homolka et al., 2012), проводили методом ПЦР-ПДРФ с разделением фрагментов в агарозном геле.

### Результаты:

Для детекции мутации *Rv0557 457C>G* использовали ПЦР-ПДРФ с *FnuDII*-рестрикцией. Метод был оптимизирован на штаммах с известными аллелями гена *Rv0557* для которых были получены полногеномные данные. Далее метод был апробирован на коллекциях ДНК клинических изолятов из регионов с различными популяциями возбудителя. Штаммы S (сполиготип SIT1253) были корректно выявлены в Якутии. Болгария - страна с присутствием штаммов S, а также штаммов с «сомнительными» профилями сполиготипирования, определяемыми как LAM/S. Применение разработанного метода ПЦР-ПДРФ для штаммов

из Болгарии подтвердило генотип S у 5 штаммов сполиготипа SIT34 (предковый для генотипа S). Также штаммы с «сомнительными» сполигопрофилями SIT4 (3 штамма) и SIT125 (25 штаммов) были отнесены к генотипу S, что также согласовывалось с их VNTR-кластеризацией. Анализ выборки штаммов из Восточной Азии (Китай, Вьетнам, Япония), региона с незначительной циркуляцией штаммов Евро-Американской линии, не выявил штаммов генотипа S.

### Заключение:

Разработанный метод позволяет проводить быструю детекцию S-генотипа *M. tuberculosis* и надежно решать вопрос о филогенетической принадлежности спорных сполиготипов.

Исследование выполнено при поддержке гранта РНФ 19-14-00013.

Мокроусов Игорь Владиславович, д.б.н., заведующий лабораторией молекулярной эпидемиологии и эволюционной генетики, НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Санкт-Петербург 197101 Россия

Телефон: +7 (911) 848-65-53

Email: imokrousov@mail.ru

## 155. РАЗРАБОТКА МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИХ ПРЕПАРАТОВ ДЛЯ АГРОБИЗНЕСА

Яценко Е.С., Плотникова А.Р., Лейтес Е.А.,  
Петухов В.А., Функ Т.В., Базарнова Н.Г.

Алтайский государственный университет

Задачи современного агробизнеса - импортозамещение, повышение рентабельности, производство безопасной, качественной продукции и снижение негативного влияния на окружающую среду. Использование микробиологических препаратов позволит снизить экологическую нагрузку на почву, повысить урожайность и переработать отходы сельскохозяйственного производства. Сложно разлагаемые отходы переработки растениеводства, например, подсолнечной лузги, чаще всего сжигают. Это является нарушением законодательства в области пожарной безопасности, может привести к пожарам на производстве и, как следствие, к большому экономическому ущербу.

На основе штаммов микроорганизмов *Pseudomonas fluorescens* и *Bacillus subtilis* нами разработаны фунгициды с ростостимулирующими

ми свойствами, повышающие урожайность растений семейства пасленовых в полтора раз. В состав препарата входят растительные водные вытяжки и экстракты, что обеспечивает их экологичность. Для утилизации сложноразлагаемых отходов переработки продуктов растениеводства, в частности, подсолнечной лузги и соломы, разработан препарат на основе штаммов микроорганизмов *Bacillus subtilis* и двух штаммов *Streptomyces sp.*, которые способствуют разложению целлюлозы и лигнина. Через месяц после обработки препаратом содержание целлюлозы в подсолнечной лузге уменьшилось на 24%, в соломе на 18%; содержание лигнина в соломе уменьшилось на 13%, в лузге подсолнечника – на 19%. Препарат предлагается использовать для компостирования лигнин-и целлюлозосодержащих отходов растениеводства, для повышения плодородия почв.

Яценко Елена Сергеевна, доцент кафедры Техноферной безопасности и аналитической химии Алтайского государственного университета, Барнаул, Россия.

Телефон: +7 (903) 948-60-38

E-mail: mlprx@mail.ru

#### 156. БИОХИМИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ ГЕТЕРОТРОФНОГО РОСТА МЕТИЛОТРОФА *METHYLOBREVIS PAMUKKALENSIS* PK2

Мельников О.И., Розова О.Н., Хмеленина В.Н., Мустахимов И.И.

Федеральный исследовательский центр «Пушкинский научный центр биологических исследований РАН», ИБФМ РАН, Пушкино, Россия

Маннит-2-дегидрогеназа (МТД) *M. pamukkalensis* катализирует обратимое окисление маннита до фруктозы с восстановлением НАД<sup>+</sup>. Фермент является мономером (53 кДа). Максимальная активность МТД составила 136 Е/мг белка при рН 10,5. Температурный оптимум составил 50°C. МТД – термостабильна. Значение К<sub>м</sub> для маннита составило 0,24±0,03 мМ, для НАД<sup>+</sup> – 35±2 мкМ, для фруктозы – 16±3, мМ, для НАДН – 7±1 мкМ. Фосфоенолпируват (1 мМ) ингибировал активность МТД на 30%. Сукцинат, гидроксипируват, глюкоза-1,6-бисфосфат, АДФ, fumarат, оксалоацетат, 2-оксоглутарат, глюкоза-6-фосфат и АМФ увеличивали активность фермента на 30 - 50 %.

Фруктокиназа (ФК) *M. pamukkalensis* катализирует фосфорилирование фруктозы до фруктозы-6-фосфата за счет энергии АТФ. Фермент является гомотримером (99 кДа). Максимальная активность ФК – 17 Е/мг белка при рН 9,5. Температурный оптимум составил 60°C. ФК - термостабильна. Эффекторов не обнаружено, ионы Cu<sup>2+</sup> и Zn<sup>2+</sup> (1 мМ) полностью ингибировали активность фермента. Значение К<sub>м</sub> для фруктозы – 0,24 ± 0,03 мМ, для АТФ – 0,14 ± 0,02 мМ.

Рост *M. pamukkalensis* в присутствии метанола и маннита показал, что пути утилизации обоих субстратов не конкурируют и функционируют параллельно. Однако, активность МТД отсутствовала в бесклеточных экстрактах клеток, выращенных на метаноле, что указывает на индуцибельность данного пути. С помощью гена контрселекции *sacB* был получен безмаркерный делеционный штамм по 4 генам, кодирующим белки транспортной системы маннита. Данный штамм утратил способность расти на манните. Следовательно, маннит проникает в клетки *M. pamukkalensis* за счет единственной транспортной системы ABC типа.

#### 157. ЭТАПЫ РАЗВИТИЯ БИОПЛЕНКИ ГРИБОВ РОДА *CANDIDA SPECIES*

О.В. Еноктаева, Д.Ю. Трушников, М.В. Николенко, Н.В. Барышникова.

ФБГОУ ВО Тюменский ГМУ Минздрава РФ, ФГАОУ ВО «Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет)»

Изучены временные особенности формирования биопленки грибов рода *Candida species*. Существует четыре основных этапа формирования конгломерата клеток: обратимая адгезия, необратимая адгезия, созревание биопленки и дисперсия бластоспор. Созревшая биопленка представляет собой клеточный конгломерат из густой сети псевдогиф и/или гиф, бластоспор и внеклеточного матрикса. Благодаря дисперсии осуществляется распространение кандидозной инфекции по организму хозяина, так как высвободившиеся бластоспоры обладают повышенными патогенными свойствами и способны колонизировать новые поверхности. Данная работа реализована при поддержке Министерства образования и науки Российской Федерации (Соглашение № 075-03-2022-107 от 14.01.2022г.)

## Ключевые слова:

Грибы *Candida*, конгломерат, адгезия, дисперсия.

Показано, что с первого часа существования конгломерата может начинаться био пленочная дисперсия, максимальная скорость которой выходит в плато в 24 часа и постепенно снижается до 60 часа. Основным фактором начала дисперсии считается достижение критической толщины конгломерата, когда бластоспоры мигрируют из периферии зрелой био пленки в окружающую среду, и начинается процесс колонизации других ниш в организме хозяина. Дрожжеподобные клетки, высвобождающиеся из био пленки на стадии дисперсии, отличаются от свободноживущих клеток планктонной фазы повышенной патогенностью.

Для условно-патогенных представителей рода *Candida* характерны свои особенности в формировании клеточного конгломерата. При развитии кандидозной инфекции огромное значение играют компоненты клеточной стенки грибов, ответственные не только за прикрепление и проникновение в клетки и ткани макроорганизма, а также за дисперсию бластоспор, позволяющую поражать различные системы органов. Поэтому для лучшего понимания патогенеза микотической инфекции, вызванной грибами рода *Candida*, необходимо накапливать знания о этапах формирования био пленок, и морфологических и физиологических особенностях клеток грибов, их обуславливающих.

Еноктаева Ольга Викторовна, ассистент, ФБГОУ ВО Тюменский ГМУ Минздрава РФ, Тюмень, Россия  
Телефон: +7 (908) 878-87-46  
E-mail: pechkanova@mail.ru

Трушников Денис Юрьевич, доцент ФБГОУ ВО Тюменский ГМУ Минздрава РФ, научный сотрудник МФТИ, Москва, Россия  
Телефон: +7 (922) 072-57-25  
E-mail: 466360den@mail.ru

Николенко Марина Викторовна, доцент ФБГОУ ВО Тюменский ГМУ Минздрава РФ, Тюмень, Россия  
Телефон: +7 (905) 823-37-90  
E-mail: nikolenko-marina@mail.ru

Барышникова Наталья Викторовна, Старший преподаватель, ФБГОУ ВО Тюменский ГМУ Минздрава РФ, Тюмень, Россия  
Телефон: +7 (912) 397-52-32  
E-mail: barnv7600@mail.ru

## Список литературы:

- 1) Abdulkhair W. M. H., editor. The Yeast Role in Medical Applications. IntechOpen, 2018. 166 p. DOI: 10.5772/intechopen.69408.
- 2) (38) Гаффарова А. С., Хайтович А. Б. Факторы патогенности *Candida albicans* и их ПЦР-идентификация. [Электронный ресурс]. URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=29972960> (дата обращения 23.06.2020).
- 3) (17) Ryan K. J., Ahmad N., Weissman S., Alspaugh J. A., Drew W. L., Lagunoff M., Pottinger P., Reller L. B., Reller M. E., Sterling C. R. Medical Microbiology, 7th Edition. McGraw-Hill Education; 2018. 1056 p.
- 4) Zhu W., Filler S. G. Interactions of *Candida albicans* with epithelial cells. [Электронный ресурс]. URL: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/j.1462-5822.2009.01412.x> (дата обращения 28.06.2020).
- 5) Камзолкина О.В., Дунаевский Я.Е. Биология грибной клетки. Учебное пособие. М.: Товарищество научных изданий КМК; 2017. 239 с.
- 6) Степура Л., Радченко О., Зелена П. Вплив додецилсульфату натрію на фізіолого-біохімічні та цито-морфологічні властивості дріжджів родів *Candida* і *Saccharomyces*. Вісник Київського національного університету імені Тараса Шевченка. Біологія. 2014; 3:84-87.
- 7) Hardison S. E., Brown G. D. C-type lectin receptors orchestrate antifungal immunity. [Электронный ресурс]. URL: [https://www.researchgate.net/publication/232713399\\_C-type\\_Lectin\\_Receptors\\_Orchestrate\\_Anti-Fungal\\_Immunity](https://www.researchgate.net/publication/232713399_C-type_Lectin_Receptors_Orchestrate_Anti-Fungal_Immunity) (дата обращения 11.07.2020).
- 8) Chebotar I. V., Novikov, I. A., Subbot, A. M., & Mayansky, N. A. Lanthanoid staining as a fast technology of preparing microbiological specimens for scanning electron microscopy. [Электронный ресурс]. URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/lanthanoid-staining-as-a-fast-technology-of-preparing-microbiological-specimens-for-scanning-electron-microscopy> (дата обращения 28.06.2020).
- 9) Zeidler U., Bougnoux M. E., Lupan A., Helync, O., Doye, A., Garcia, Z., Sertour N., Clavaud C., Muni-er-Lehmann H., Saveanu C., d'Enfert C. Synergy of the antibiotic colistin with echinocandin antifungals in *Candida* species. [Электронный ресурс]. URL: <https://academic.oup.com/jac/article/68/6/1285/759005> (дата обращения 20.07.2020).
- 10) Juyal, D., Sharma, M., Pal, S., Rathaur, V. K., Sharma, N. Emergence of non-albicans *Candida* species in neonatal candidemia. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3818827/> (дата обращения 25.07.2020).

Заявление об отсутствии конфликта финансовых / нефинансовых интересов, связанных с написанием статьи.

Авторы подтверждают отсутствие конфликта финансовых/нефинансовых интересов, связанных с написанием статьи «Этапы развития биопленки грибов рода *Candida*».

### **158. ОЦЕНКА РАЗНООБРАЗИЯ МИКРОФЛОРЫ КИШЕЧНИКА РАДУЖНОЙ ФОРЕЛИ ДЛЯ ПОИСКА ПЕРСПЕКТИВНЫХ ВИДОВ-АУТОБИОТИКОВ**

*Германова М.А., Сидорова Н.А.*

ФГБОУ ВО «Петрозаводский государственный университет»

Изучение биоразнообразия микроорганизмов связано с постоянным сбором информации о фенотипических и генотипических свойствах прокариот и созданием на их основе специфических микробных коллекций. Разработка биопрепаратов-адаптогенов для объектов аквакультуры основана на использовании бактерий, выделенных из микрофлоры кишечника радужной форели. Определение состава микробиоценоза происходило на экспериментальных группах рыбы. Для отбора видов-аутобиотиков использовали общепринятые подходы к исследованию качественного и количественного биоразнообразия микроорганизмов ЖКТ [Ткачева, 2019]. К фенотипическим признакам относили: морфологические, тинкториальные, культуральные и биохимические. Идентификацию бактерий до вида выполняли с использованием ПЦР-анализа, выполненного методом секвенирования ДНК по Сэнгеру. В результате были обнаружены: *Micrococcales*, *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Proteobacteria*, *Firmicutes*. Среди доминантов выделены представители рода *Lactobacillus* spp., которые являются важным компонентом нормофлоры кишечника форели. Они контролируют антагонизм в отношении условно-патогенных и патогенных бактерий, участвуют в обеспечении хозяина физиологически активными комплексами ферментов и могут считаться перспективными для разработки на их основе биопрепаратов-адаптогенов для радужной форели.

Исследование выполнено при поддержке гранта Российского научного фонда № 322-23 (Соглашение № 23-16-20026), проводимого совместно с Республикой Карелия с финансированием из Фонда венчурных инвестиций Республики Карелия (ФВИ РК).

Германова Марина Александровна, студентка 3 курса по направлению подготовки «Биология» ФГБОУ ВО «Петрозаводский государственный университет», Петрозаводск, Россия.

Телефон: +7 (900) 456-55-71

E-mail: marinagermanova12@yandex.ru

### **159. НОВЫЕ МУТАНТНЫЕ ТРАНСАМИНАЗЫ *RUEGERIA* SP. TM1040 ДЛЯ СИНТЕЗА БИЦИКЛИЧНЫХ ХИРАЛЬНЫХ АМИНОВ, ПРОИЗВОДНЫХ ТРОПАНА.**

*М.А. Родионова, М.Н. Петров, Т.С. Новожилова,  
А.Е. Новикова, Л.Р. Птицын*

Научно-исследовательский институт  
«Аджиномото-генетика», Москва, Российская  
Федерация.

Производные тропана относятся к числу наиболее значимых фармацевтических препаратов, они применяются в качестве мидриатиков, противорвотных средств, спазмолитиков, анестетиков и бронходилататоров. Интерес к ферментативному получению хиральных аминов постоянно растет. Скрининг ряда трансминаз (ТА) типа I, проведенных в лаборатории доктора Борншойера [1], показал, что вариант *Ruegeria* sp. TM1040 TA (код pdb – 3FCR) проявлял очень низкую, но детектируемую активность по отношению к рацемическому производному тропана: 8-бензоил-8-азабицикло[3.2.1]октан-3-ону (БАБО-3-он). Эксперименты с мутантными производными ТА 3FCR показали, что вариант фермента 3FCR\_Y59L/S86A/Y87F/Y152F/T231A/I234M/L382M (мутант 7) обеспечивает наивысшую активность, как в реакции кинетического разрешения, так и селективного синтеза экзо-БАБО-3-амина. При этом мутация Y59L, по-видимому, является ключевой для эффективного синтеза, хотя все мутации полезны в реакциях кинетического разрешения. В настоящей работе получены новые мутанты ТА 3FCR способные синтезировать хиральные амины из коммерчески доступных кето-предшественников: (1R,5S)-8-бензил-8-азабицикло [3.2.1]октан-3-она (I) и трет-бутил-3-оксо-8-азабицикло[3.2.1]октан-8-карбоксилата (II). Гены, кодирующие мутантные ТА, синтезировали, клонировали на pET-15b вектор и экспрессировали в клетках *E. coli*. Для анализа (I) и (II) и его экзо-аминопроизводных (Ia) и (IIa) применяли ВЭЖХ. Мутант (7) обладал высокой аминирующей активностью по отноше-

нию к (I) и (II): 25,1 iU mg<sup>-1</sup> и 1,83 iU mg<sup>-1</sup>, соответственно. Однако наиболее высокую активность демонстрировал не описанный ранее мутант TA 3FCR\_Y59L/S86A/Y87F/Y152F/T231A/I234M (мутант 6): 31,2 iU mg<sup>-1</sup> и 3,72 iU mg<sup>-1</sup>, соответственно. Негативный эффект мутации L382M выяснен: она приводила к заметному увеличению диссоциации в раствор кофермента PLP из фермент-связанного комплекса (в форме PMP).

[1] Weiß MS et al., (2016), Org. Biomol. Chem. 14, 10249–10254.

Родионова Мария Андреевна, младший научный сотрудник, Научно-исследовательский институт «Аджиномото-генетика», Москва, Россия.

Телефон: +7 (916)-293-46-62

E-mail: Mariya\_Rodionova@agri.ru

### **160. КУЛЬТИВИРУЕМОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ МИКРОМИЦЕТОВ, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ ТВЕРДЫХ ОТХОДОВ ПРОИЗВОДСТВА ПАЛЬМОВОГО МАСЛА**

*Герасимчук А.Л., Топилина Ю.С., Трифонов А.А.,  
Ивасенко Д.А.*

Томский государственный университет

Производство пальмового масла (ПМ), которое широко используется в пищевой и перерабатывающей промышленности во всём мире, связано с образованием большого количества отходов, наносящих огромный ущерб окружающей среде. Целью данного исследования был поиск микроорганизмов - деструкторов отходов производства ПМ.

Образцы отходов, представляющие собой остатки биомассы масличной пальмы, были отобраны в мае 2023 года на территории компании PT Wilmar (г. Гресик, Индонезия) и характеризовались высоким содержанием масла (массовая доля 60,88±3,41 %) и слабокислым значением рН 5,6. Из 0.5 г отходов биомассы готовили водную суспензию и проводили посева методом разведений на агаризованные минеральные среды с добавлением ПМ в конечной концентрации 1 %. Полученные колонии микромицетов пересеивали на агаризованную среду Чапека-Докса. ДНК выделяли с помощью набора HiPure Universal DNA Kit (Magen) с предварительным разрушением в жидком азоте. Для определения филогенетического положения изолятов проводили ПЦР-амплификацию региона ITS, как описано ранее (Topilina et al., 2023).

Всего получено 10 разнообразных по фенотипическим свойствам изолятов, которые по результатам филогенетического анализа отнесены к представителям *Penicillium chrysogenum* (5 штаммов), *P. citreosulfuratum* (2 штамма), *P. citrinum*, *Paecilomyces lilacinus*, *Aspergillus hortae*. Анализ опубликованных работ показал, что полученные и идентифицированные нами штаммы впервые выделены из твердых отходов производства ПМ. Наибольший потенциал для разложения отходов биомассы плодов масличной пальмы имеют не образующие токсинов штаммы *P. chrysogenum*.

Исследование выполнено при поддержке проекта № 5.2.5.23 Передовой инженерной школы «Агробиотек» Томского государственного университета.

Герасимчук Анна Леонидовна, заведующий лабораторией промышленной микробиологии Томского государственного университета

Тел.: +7 (913) 800-9214

E-mail: gerasimchuk\_ann@mail.ru

### **161. НОВЫЕ ПУТИ АНАЭРОБНОГО ДЫХАНИЯ БАКТЕРИЙ**

*Богачев А.В., Берцова Ю.В.*

НИИ физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского, Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия.

В отсутствие кислорода многие микроорганизмы способны к анаэробному “дыханию”, используя различные неорганические или органические соединения в качестве терминальных акцепторов электронов для дыхательной электрон-транспортной цепи. Среди органических соединений наиболее типичным используемым терминальным акцептором является фумарат. Чаще всего, восстановление фумарата осуществляется мембран-связанным хинол:фумарат оксидоредуктазным комплексом, сходным по строению с Комплексом II дыхательной цепи. Однако некоторые микроорганизмы для анаэробного дыхания используют водорастворимые формы фумарат редуктазы, использующие цитохром *c*, NADH или флаavin в качестве доноров восстановительных эквивалентов. Анализ бактериальных геномов показывает, что многие микроорганизмы содержат гомологичные фумарат редуктазам белки, отличающиеся от фумарат редуктаз другим набором консервативных аминокислотных остатков, принимающих участие в свя-

звании и восстановлении субстрата. Эти данные указывают на то, что многие микроорганизмы, наряду с фумаратом, способны использовать и какие-то другие органические соединения в качестве терминальных акцепторов электронов при анаэробном росте.

В соответствии с этим предсказанием, проведенное нами изучение гомологичных фумарат редуктазам белков из бактерий *Shewanella oneidensis* MR-1, *Klebsiella pneumoniae*, *Vibrio harveyi* и *V. ruber* позволило идентифицировать новые ферментативные активности, заключающиеся в восстановлении таких  $\alpha,\beta$ -ненасыщенных кислот, как урокановая, акриловая, коричная, *p*-кумаровая, феруловая и кофейная кислоты [Bogachev *et al.*, 2012; Bertsova *et al.*, 2022], а также выделить и охарактеризовать соответствующие ферменты. Эти белки могут принимать участие в анаэробном дыхании бактерий, а также участвовать в процессе детоксификации некоторых соединений.

Бактериальное анаэробное дыхание активно используется микробиомом нашего кишечника. Соответственно, продукты восстановления идентифицированных в ходе наших работ соединений могут накапливаться в кишечнике в больших количествах, а также иметь биологическую активность, влияя на человеческий организм. Так, Koh *et al.* [2018] показали, что уроканатное дыхание не свойственно микрофлоре здоровых людей, но наблюдается в кишечнике у большинства пациентов с диабетом второго типа. Более того, было установлено, что имидазолилпропионат (продукт восстановления уроканата микрофлорой кишечника) всасывается в кровь и вызывает непереносимость глюкозы, подавляя внутриклеточную передачу сигнала от инсулина за счет ингибирования mTORC1, что открывает новые перспективы в лечении этого часто встречающегося заболевания.

#### Литература:

Bogachev A.V., Bertsova Y.V., Bloch D.A., Verkhovsky M.I. (2012) Urocanate reductase: Identification of a novel anaerobic respiratory pathway in *Shewanella oneidensis* MR-1. *Mol. Microbiol.* **86**:1452–1463.

Bertsova YV, Serebryakova MV, Baykov AA, Bogachev AV. (2022) A novel, NADH-dependent acrylate reductase in *Vibrio harveyi*. *Appl. Environ. Microbiol.* **88**:e0051922.

Koh A., Molinaro A., Stahlman M. *et al.* (2018) Microbially produced imidazole propionate impairs insulin signaling through mTORC1. *Cell* **175**:947–961.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ, проект 22-24-00133.

Богачев А.В.

Телефон: +7 (495) 930-00-86

E-mail: bogachev@belozersky.msu.ru

## 162. ВЛИЯНИЕ ВРЕМЕНИ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ НА АКТИВНОСТЬ РЕКОМБИНАНТНОЙ ФОСФОЛИПАЗЫ С, ПОЛУЧЕННОЙ В СИСТЕМЕ *VACILLUS MOJAVENSIS*

Ширманов М.В., Евдокимов И.Ю., Колосов П.В., Колосова Е.А., Иркитова А.Н., Малкова А.В., Дудник Д.Е., Каргашилова Е.Н., Щербаков Д.Н., Чиркова В.Ю.

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Алтайский государственный университет».

#### Введение:

Фосфолипаза С (КФ 3.1.4.3) – фермент класса гидролаз, катализирующий расщепление фосфолипидов до диацилглицеридов и полярных фосфат-содержащих групп. Фермент обладает важными технологическими свойствами: высокой активностью, термостабильностью, широкой субстратной специфичностью и имеет практическое применения в различных отраслях промышленности: рафинировании масел, получении биодизельного топлива, ускорение сроков созревания сыров и др.

#### Ключевые слова:

Фосфолипазы, рекомбинантные ферменты, культивирование, активность.

#### Материалы и методы:

В качестве питательной среды использовали стерильную YTx2. Глубинное культивирование осуществляли в ферментёре объемом 15 и 250 л в течение 24 ч. Оценивали параметры роста и развития бактериальной культуры, а также активность фермента.

Результаты. При отборе проб с интервалом в 1 час в течение 24-х часов позволил определить динамику изменения активности фермента. Максимальная активность была зафиксирована через 8 часов культивирования в 15 л ферментере, в 250 л – через 13 часов. Дальнейшее увеличение времени культивирования не приводило к росту активности.

### Заключение:

В данной работе мы определили оптимальное время культивирования для достижения максимальной активности фермента.

Работа поддержана грантом управления Алтайского края по пищевой, перерабатывающей, фармацевтической промышленности и биотехнологиям.

Ширманов Максим Вячеславович, младший научный сотрудник ИЦ «Промбиотех» ФГБОУ ВО «Алтайский государственный университет», Барнаул, Россия.

Телефон: +7 (923) 647-05-24

E-mail: maks-shirmanov@mail.ru

### 163. БИООБРАЗОВАНИЕ НАНОЧАСТИЦ МЕТАЛЛОВ ПОД ДЕЙСТВИЕМ ФЕРМЕНТОВ БАКТЕРИЙ

*Чернова А.С., Пономарева Е.Г., Ветчинкина Е.П., Купряшина М.А.*

Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов, ФИЦ «Саратовский научный центр РАН» (ИБФРМ РАН)

Несмотря на успешное применение в лабораторной практике, получение наночастиц физико-химическими методами зачастую остается плохо масштабируемым и требует использования опасных реагентов, что может привести к вторичному загрязнению. В связи с этим возникает потребность в развитии альтернативных безопасных для окружающей среды и человека эффективных методов синтеза различных наночастиц с применением, в частности, микробных технологий. В исследованиях нашей группы обнаружена способность бактерий рода *Azospirillum* и выявлена роль протекторных ферментов фенолоксидазного комплекса в биосинтезе серебряных наночастиц.

В данной работе проведен анализ условий и параметров биообразования наночастиц серебра с использованием вегетативных клеток и **очищенных препаратов** внеклеточных фенолоксидаз *Azospirillum brasilense*, **а также культуральной жидкости. Получены** экспериментальные образцы наночастиц при варьируемых параметрах: **время инкубации, концентрация ионов серебра, рН реакционной смеси, концентрация фенолоксидаз.** Характеристика наночастиц проводилась УФ-видимой спектрофотометрией, методом динамического рассеяния света. Размеры, форма и относительное количество электронно-плотных

нанообразований оценены с использованием просвечивающей электронной микроскопии.

Таким образом, среди всех протестированных вариантов биообразования, были отобраны наиболее оптимальные, позволяющие получить наночастицы с высокими показателями коллоидной стабильности и относительной монодисперсности.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-24-00570.

Купряшина Мария Александровна, заведующий лабораторией микробиологии ИБФРМ РАН, ФИЦ «Саратовский научный центр РАН», Саратов, Россия

Телефон: +7 (905) 033-99-15

E-mail: kupryashina\_m@mail.ru

### 164. ВЫЯВЛЕНИЕ УСВОЕНИЯ ЭТАНОЛА ПРИ ФОТО- И ХЕМОГЕТЕРОТРОФНОМ СТАЦИОНАРНОМ РОСТЕ ПОЛИЭКСТРЕМОФИЛЬНОЙ КРАСНОЙ МИКРОВОДОРОСЛИ *GALDIERIA SULPHURARIA*

*Ю.В. Большевцева<sup>1</sup>, И.Н. Стадничук<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> ФИЦ Биотехнологии, Институт биохимии им. А.Н. Баха РАН, 119071 Москва, Россия

<sup>2</sup> Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, 127276 Москва, Россия;

*Galdieria sulphuraria* принадлежит к полиэкстремофильным красным микроводорослям *Cyanidiales*, растущим при температурах до +55 °C и рН 1-2 в присутствии ионов тяжелых металлов. Для *G. sulphuraria* установлено использование также до 50 органических субстратов, включая пентозы, гексозы, полисахариды, глицерин, аминокислоты и кислоты цикла Кребса. Усвоение этанола неизвестно, хотя он служит компонентом пищевых отходов, для нейтрализации которых в биотехнологии используется *Galdieria*. Работа посвящена выяснению роста *G. sulphuraria* в присутствии этанола, чья токсичность ограничивает его исследование как источника энергии и углерода у микроорганизмов. Культуру выращивали при +36 °C и рН 2.5 на среде Аллен в течение двух недель фото- и хемогетеротрофно, при концентрации этанола 0.1%, далекой от предельной (1%); расход контролировали хроматографически. Для сравнения использовали автотрофную культуру и гетеротрофную культуру с 0.1% глюкозы. В



темноте рост *G. sulphuraria* за счет этанола оказался минимальным, однако при фотогетеротрофии отмечено увеличение числа клеток культуры в 1.5 раза в сравнении с фотоавтотрофией. Это меньше, чем гетеротрофный рост в 2 - 2.5 раза на глюкозе, но достоверно больше, чем при фотоавтотрофии (50%-60%). Негативные и позитивные аспекты потребления этанола досконально известны в медицине. Из них к одноклеточным, в данном случае микроводорослям, применимо знание о превращении этанола в ацетальдегид с последующей метаболизацией в цикле Кребса. Благодаря известному составу генома с помощью биоинформатики удалось показать, что *G. sulphuraria* содержит все ферменты, необходимые для усвоения этанола как субстрата. Внешне парадоксальное заметное потребление этанола на свету и минимальное в темноте мы объясняем тем, что конечным продуктом дыхательного метаболизма служит CO<sub>2</sub>. В световом режиме он не теряется клетками, а улавливается хлоропластами, стимулируя фотосинтез и более активный рост фотогетеротрофной культуры. Тем самым, редкая и малоизученная способность усвоения этанола микроводорослями является одной из дополнительных энергетических возможностей *G. sulphuraria*.

Стадничук Игорь Николаевич, ведущий научный сотрудник ИФР имени К.А. Тимирязева РАН, Москва, Россия

Телефон: +7 (985) 308-05-23

E-mail: stadnichuk@mail.ru

### **165. СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS: КРАТКИЙ ОБЗОР ФАКТОРОВ ЕЕ ФОРМИРОВАНИЯ**

*Мокроусов И.В.*

НИИ эпидемиологии и микробиологии им.  
Пастера, Санкт-Петербург

Туберкулез сопровождал человечество на протяжении всей нашей истории. Структура популяции *Mycobacterium tuberculosis* - иерархическая и клональная, при этом некоторые штаммы имеют большее клиническое или эпидемиологическое значение.

Ассоциация с множественной лекарственной устойчивостью и гипервирулентность - ключевые факторы успеха эпидемических штаммов. Широкое распространение российского клона Beijing

В0/W148 начиная с 1960х годов было вызвано широким использованием противотуберкулезной химиотерапии и обусловлено его способностью приобретать резистентность, в том числе, и к новым антибиотикам. В то же время, высоколетальный и гипервирулентный генотип Beijing 14717-15 является условно трансмиссивным, поскольку эндемически распространен только в Бурятии; причины могут заключаться в особенностях взаимодействия иммунной системы человека и генетики штамма.

**На примере российских штаммов генотипа LAM (Latin-American Mediterranean)** интересно рассмотреть обратную корреляцию резистентности и вирулентности/трансмиссии. Наиболее вирулентный и летальный (в мышинной модели), хотя и лекарственно-чувствительный генотип SIT264 усилил свое распространение в последние годы. Это подчеркивает необходимость непрерывного молекулярного надзора за существующими и вновь появляющимися потенциально эпидемическими штаммами.

Анализ миграций населения показывает, что новый эмерджентный штамм возникает в регионе своего происхождения, но не обязательно будет эпидемическим в другой популяции. При этом, обычный обмен недостаточен для закрепления занесенного штамма в новой популяции, но массовый приток мигрантов может резко изменить структуру популяции (как человека, так и патогенов).

Индивидуальное лечение туберкулеза должно учитывать не только лекарственную устойчивость, но и различную вирулентность штаммов. Это подчеркивает важность исследований по новому направлению антивирулентных препаратов, направленных на подавление факторов вирулентности.

Работа поддержана грантом РНФ 19-14-00013.

Мокроусов Игорь Владиславович, д.б.н., заведующий лабораторией молекулярной эпидемиологии и эволюционной генетики, НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Санкт-Петербург 197101 Россия

Телефон: +7 (911) 848-65-53

Email: imokrousov@mail.ru

## 166. ПЕРЕНОСЧИКИ МНОЖЕСТВЕННОЙ ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТИ ПРИ РЕДУКЦИОННОМ ДЕЛЕНИИ ДРОЖЖЕЙ *SACCHAROMYCES CEREVISIAE*

Адамович А.М.<sup>1</sup>, Галкина К.В.<sup>2</sup>, Кнорре Д.А.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, факультет биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

<sup>2</sup>НИИ физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского, Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия

Микроорганизмы защищаются от чужеродных соединений с помощью мембранных ABC- (ATP-binding cassette) и MFS-(major facilitator superfamily) переносчиков с низкой субстратной специфичностью. Ключевую роль у дрожжей в этом процессе играют ABC- переносчики, работающие за счет гидролиза АТФ и регулирующиеся транскрипционными факторами Pdr1/3. Синтез ABC-переносчиков запускается в ответ на проникновение в клетку их субстратов и делает клетку устойчивой к химическому стрессу. Некоторые ABC-переносчики могут гидролизовать АТФ даже в отсутствие субстрата. Эта их особенность должна быть невыгодна спорам, которые диплоидная дрожжевая клетка формирует мейозом для экономии ресурсов в стрессовых условиях. С другой стороны, известно, что споры устойчивы к различным химическим воздействиям.

В нашей работе мы исследовали, какие мембранные переносчики экспрессируются в процессе спорообразования, и какую роль в этом процессе играют транскрипционные факторы Pdr1/3. Мы показали, что эффективность споруляции диплоидного штамма с делецией генов *PDR1/3* не отличается от контрольного штамма дикого типа. Однако этот штамм часто образует аски (сумки) с тремя спорами, в то время как у дрожжей дикого типа в аске обычно формируется четыре споры. Таким образом, делеция генов *PDR1/3*, по-видимому, нарушает нормальный процесс спорообразования. С помощью флуоресцентной микроскопии мы исследовали в спорах локализацию основных мембранных переносчиков с низкой субстратной специфичностью. Мы получили набор гетерозиготных штаммов, в каждом из которых одна копия гена переносчика была сшита с *GFP*. Проверенные нами ABC-переносчики (Pdr5, Pdr15, Pdr11, Snq2,

Tpo1) не детектировались в споровой мембране. В мембранах образующихся спор мы обнаружили интенсивную флуоресценцию MFS-переносчика Flr1-GFP. Процент спорообразования в штамме с делецией гена *FLR1* оказался в два раза выше по сравнению с контролем. Возможно, именно экспрессия MFS-переносчиков обеспечивает спорам устойчивость к химическим воздействиям.

Адамович Арина Михайловна, студентка факультета биоинженерии и биоинформатики МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия.

Телефон: +7 (903) 107-19-51

E-mail: adamovich.arina@gmail.com

## 167. ВЛИЯНИЕ ФЕКОТРАНСПЛАНТАЦИИ НА КИШЕЧНЫЙ МИКРОБИОМ ПАЦИЕНТОВ С ЯЗВЕННЫМ КОЛИТОМ

Федорец В.А.<sup>1</sup>, Тикунов А.Ю.<sup>1</sup>, Шрайнер Е.В.<sup>1</sup>, Чечушков А.В.<sup>1</sup>, Морозов В.В.<sup>1</sup>, Тикунова Н.В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, Новосибирск

Состояние кишечной микробиоты человека во многом зависят от наличия хронических воспалительных заболеваний кишечника, таких как язвенный колит (ЯК). Возможным способом лечения ЯК является фекоотрансплантация (ФТ) – введение микробиоты от здорового донора в кишечник пациента.

Для оценки влияния ФТ на кишечный микробиом были созданы и секвенированы 58 библиотек ампликонов переменных участков гена 16S рРНК (по 20 для пациентов до и после лечения, 18 для здоровых добровольцев (ЗД)). Результаты анализировали с использованием программного обеспечения QIIME 2.

Было выявлено, что разнообразие микробиоты пациентов с ЯК до лечения достоверно ниже, чем у ЗД и у пациентов после ФТ. Сравнительный анализ таксономического состава показал достоверное снижение у пациентов с ЯК долей типов *Desulfovibrio* и *Synergistota* относительно ЗД. Также у них было выявлено повышение доли некоторых *Proteobacteria* (роды *Sphingomonas*, *Vibrio* и *Halomonas*), а в нескольких образцах – патогенных *Firmicutes*. Микробиота большинства пациентов после ФТ отличалась от микробиоты здоровых людей только повышенной долей некоторых

*Bacteroidota*. Однако у 5 пациентов после ФТ было обнаружено значительное повышение доли *Fusobacterium* одновременно со снижением биоразнообразия, что может говорить о инвазивности этих бактерий.

Таким образом, было показано, что ФТ приводит к нормализации биоразнообразия и таксономического состава кишечного микробиома пациентов с ЯК, однако данная процедура сопряжена с риском введения в кишечник пациента потенциально инвазивных бактерий.

Работа выполнена по проекту РНФ № 21-14-00360

Федорец Валерия Александровна, инженер лаборатории противомикробных препаратов ИХБФМ СО РАН, Новосибирск, Россия.

Телефон: +7 (912) 925-22-68

E-mail: v.fedorets@g.nsu.ru

#### **168. БАКТЕРИИ, АССОЦИИРОВАННЫЕ С КОПЕЕЧНИКОМ ЗУНДУКСКИМ (*HEDYSARUM ZUNDUKII*, FABACEAE), ПРОИЗРАСТАЮЩИМ НА МАЛОМОРСКОМ ПОБЕРЕЖЬЕ ОЗ. БАЙКАЛ**

Ю.А. Маркова, И.А. Васильев, Д.А. Кривенко,  
И.С. Петрушин

Сибирский институт физиологии и биохимии растений СО РАН, г. Иркутск, Россия

#### **Введение:**

Изучение микробиоты редких видов растений, обитающих в уникальных местообитаниях представляет большой интерес в связи с возможным выявлением новых микроорганизмов, обладающих потенциально полезными свойствами для сельского хозяйства. Копеечник зундукский (*Hedysarum zundukii* Reschko) является узколокальным эндемиком маломорского побережья оз. Байкал, реликтом миоценовой пустынно-степной флоры. Ареал вида ограничен отрезком западного побережья оз. Байкал от мыса Ото-Хушун до мыса Зама. Это многолетнее стержнекорневое растение с укороченными стеблями, на ветвях каудекса которого развиваются многочисленные скученные розетки непарноперистых беловато-серебристых от густого опушения листьев. Произрастает на каменисто-щебнистых крутых склонах и их шельфах, сложенных карбонатными породами. Входит в состав петрофитных низкотравных степных сообществ.

#### **Материалы и методы:**

Взрослые здоровые растения отбирали на мысе Зундук во второй половине июля. Извлеченные из грунта корни растений помещали последовательно в 5 колб со стерильной водой. Полученную суспензию расценивали как образец ризосферы. Отмытые корни стерилизовали в 10% растворе перекиси водорода в течение 30 мин. и растирали в ступке. Полученные суспензию и гомогенат высеивали на среды Эшби, Чапека, крахмало-аммиачный агар и ГМФ-агар (НИЦФ, г. Санкт-Петербург).

#### **Результаты:**

Всего было выделено 123 штамма микроорганизмов. Из них 63 являются грамотрицательными, 52 грамположительными. Восемь изолятов предварительно отнесены к грибам. 32 штамма было идентифицировано с использованием секвенирования фрагмента гена 16S рРНК. Установлено, что из грамположительных изолятов, десять относятся к классу Actinomycetia, шесть – к классу Bacilli. Из грамотрицательных, семь относятся к классу Gammaproteobacteria, пять – к классу Alphaproteobacteria (из них четыре являются представителями рода *Rhizobium*), один – к классу Betaproteobacteria.

#### **Заключение:**

Эндо- и ризосфера копеечника зундукского, произрастающего в каменисто-щебнистой степи на западном побережье оз. Байкал, характеризуется высоким разнообразием микробиоты, которая может содержать микроорганизмы с высоким биотехнологическим потенциалом.

Работа выполнена при поддержке гранта РНФ № 23-26-00204.

Маркова Юлия Александровна, зав.лабораторией растительно-микробных взаимодействий СИФИ-БР СО РАН, Иркутск, Россия  
Телефон: +7 (950) 076-90-01  
E-mail: juliam06@mail.ru

### **169. ОЦЕНКА АНТРОПОГЕННОГО ВЛИЯНИЯ НА ЧИСЛЕННОСТЬ ГЕТЕРОТРОФНОГО ПЛАНКТОНА В МОРСКОЙ ВОДЕ ПОРТА ТАМАНЬ**

*Моисеева Е.В., Худокормов А.А., Самков А.А., Волченко Н.Н., Карасева Э.В., Круглова М.Н.*

ФГБОУ ВО Кубанский государственный университет (ФГБОУ ВО «КубГУ»), 350040, г. Краснодар, ул. Ставропольская, 149.

Антропогенное влияние на гетеротрофный планктон максимально проявляется вблизи населенных пунктов и морских портов, что может приводить к снижению численности и биоразнообразия всего комплекса водных организмов. При строительных работах на дне моря происходит локальное изменение рельефа и перераспределение питательных веществ, влияющее на микроорганизмы и как следствие на всю экосистему.

Величину общего числа бактерий находили методом вакуумной фильтрации, с определением количества биомассы расчетным методом. Число сапрофитных гетеротрофных, нефтеокисляющих и сульфатредуцирующих микроорганизмов определяли по стандартным методикам.

Общая численность бактерий характеризует интенсивность трансформации органического вещества в водоеме. В пробах воды с района изъятия донного грунта общая численность бактерий в мае 2023 г. составляла от 0,203 до 5,722 млн кл/мл, а средняя равнялась 3,608 млн. кл/мл. Общая биомасса составляла в среднем 3,763 мг/л, при диапазоне от 1,827 до 8,973 мг/л. В пробах воды с района морского отвала (место захоронения грунта) общая численность бактериопланктона во всех пробах составляла в среднем 1,866 млн кл/мл, что статистически не отличалось от фоновых значений (1,931 млн. кл/мл). Общая биомасса в среднем составила 1,293 мг/л, что также соответствовало фону. Численность сапрофитных гетеротрофов находилась на уровне фоновых значений без существенных отклонений. Титр нефтеокисляющих микроорганизмов в пробах воды превышал фоновые значения в пробах из района изъятия донного грунта в границах дноуглубления, что может свидетельствовать о присутствии в воде легкометаболизируемых углеводородных фракций. Сульфатредуцирующие бактерии не обнаружены, что позволяет предположить нормальное протекание процессов самоочищения.

В результате проведенных исследований антропо-

генное влияние на численность микроорганизмов на территории морского порта Тамань не обнаружено, но выявлено увеличенное значение нефтеокисляющих микроорганизмов в некоторых точках.

Моисеева Елена Владимировна, преподаватель кафедры генетики, микробиологии и биохимии ФГБОУ ВО КубГУ, Краснодар, Россия.

Телефон: +7 (918) 330-47-53

E-mail: moisieieva97@inbox.ru

### **170. РАЗНООБРАЗИЕ И ФУНКЦИИ ПРОКАРИОТНОГО КОМПЛЕКСА ПОЧВ И СОПРЯЖЕННЫХ СУБСТРАТОВ ЗАПОВЕДНИКОВ ВЬЕТНАМА**

*Князева А.В.<sup>1,2</sup>, Лысак Л.В.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup>Московский государственный университет им.

М.В. Ломоносова

<sup>2</sup>ФИЦ «Пушкинский научный центр биологических исследований РАН», (Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им.

Г.К. Скрабина РАН)

Одним из важнейших современных направлений практического применения биологии почв является выделение штаммов микроорганизмов, способных стимулировать рост и развитие важных растений за счет выделения метаболитов - PGPB (Plant Growth Promoting Bacteria). Наибольшие численность и разнообразие микроорганизмов наземных территорий приурочены к муссонным тропическим лесам. Леса Вьетнама являются значительным пулом микроорганизмов-продуцентов вторичных метаболитов.

Целью работы являлось изучение численности и разнообразия сапротрофного бактериального комплекса почв и сопряженных субстратов (СБК) Вьетнама, а также выявление микроорганизмов, потенциально пригодных для использования в биотехнологии. Объекты исследования включали в себя образцы почв, растительного опада, ризосферной почвы, а также «подвешенной почвы» из корзинок эпифитов, отобранные в заповедниках Тэйзынг и Суанлиен.

Численность СБК в исследованных субстратах варьировала от 0,03 млн КОЕ/г в гидроморфной гумусно-ферралитной почве до 5,46 млн КОЕ/г в образцах растительного опада в заповеднике Тэйзынг. Для заповедника Суанлиен наибольшие значения были также приурочены к растительному опаду (26,33 и 16,85 млн КОЕ/г) и «подвешенной

почве» из корзинок папоротника *Drynaria* sp. (11,39 млн КОЕ/г).

На основании проведенных исследований была создана коллекция бактериальных культур. По результатам обработки выделенных штаммов реактивом Сальковского десять из пятидесяти двух культур показали способность к синтезу индолуксусной кислоты, причем практически все штаммы были выделены из образцов растительного опада с поверхности хорошо увлажненных почв и, в меньшей степени, ризосферной почвы.

Для выявления способности фиксировать атмосферный азот производили посев на среду Эшби. Для пятнадцати штаммов бактерий была выявлена способность к азотфиксации, семь из них также показали положительную реакцию с реактивом Сальковского. Все азотфиксирующие штаммы были выделены из образцов растительного опада и «подвешенной почвы» из корзинок эпифитных папоротников.

Растительный материал разной степени разложённости является зоной значительного интереса для выделения микроорганизмов ввиду высокого разнообразия и численности СБК. Полученные результаты указывают на необходимость дальнейшего изучения коллекционных штаммов с помощью современных микробиологических методов.

Князева Александра Владимировна, младший научный сотрудник лаборатории мицелиальных грибов ВКМ ИБФМ РАН, Пущино, Россия.

Телефон: +7 (903) 228-50-38

E-mail: aknyazeva1999@gmail.com

### **171. ПОИСК, ХАРАКТЕРИСТИКА И ОЦЕНКА АНТИМИКРОБНОЙ АКТИВНОСТИ БАКТЕРИОФАГОВ KLEBSIELLA PNEUMONIAE KL14**

Лукьянова А.А.<sup>1</sup>, Шнейдер М.М.<sup>1</sup>,

Мирошников К.А.<sup>1</sup>

Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук, Москва, Россия

Одним из важных оппортунистических патогенов, зачастую ассоциированным с внутрибольничными инфекциями является *Klebsiella pneumoniae* (*Kpn*). Этот патоген может вызывать инфекции дыхательных путей с последующим развитием пневмонии, а также развиваться в мочевыводящих путях, крови и т.д. Внутрибольничные *Kpn* зачастую

характеризуются множественной лекарственной устойчивостью. Кроме того, важной особенностью данного патогена является секреция большого количества капсульного полисахарида и способность к образованию биопленок. Капсульный полисахарид защищает клетки возбудителя от иммунного ответа, что в совокупности с антибиотикорезистентностью приводит к хроническому течению инфекции.

Одним из подходов лечения антибиотикорезистентных хронических инфекций может стать использование бактериофагов в качестве антимикробной терапии. В рамках данной работы был проведен поиск бактериофагов, активных в отношении изолятов *Kpn* с капсульным типом KL14, и создан фаговый коктейль на их основе.

Три штамма *Kpn* были выделены из мочевыводящих путей домашних кошек независимо друг от друга. Для всех трех штаммов были обнаружены генетические детерминанты множественной лекарственной устойчивости. Два штамма из трех содержали ген СТХ-М-15, кодирующий β-лактамазу широкого спектра, определяющую устойчивость к цефалоспорином, и *qnrS1*, определяющий устойчивость к фторхинолонам. Для всех трех штаммов показано наличие β-лактамаз, ассоциированных с резистентностью к антибиотикам пенициллинового ряда (TEM-171, SHV-108).

Бактериофаги, активные в отношении *Kpn* KL14 были выделены из проб сточных вод, собранных в Московской области. Всего было выделено 20 изолятов, из которых после проведения рестрикционного анализа, было отобрано 5 штаммов для дальнейшей работы. Были получены мутанты *Kpn* KL14, резистентные ко всем отобраным фагам и проведен второй раунд поиска в сточных водах, в результате которого было отобрано еще 10 изолятов фагов, активных в отношении фагорезистентных *Kpn* KL14. Получение фагорезистентных *Kpn* KL14 для третьего раунда привело к активации умеренных фагов, находящихся в геномах исследуемых бактерий и их лизису. Полученный коктейль содержал бактериофаги родов *Przondovirus*, *Teetrevirus* и *Drulisvirus*.

Лукьянова Анна Александровна, научный сотрудник лаборатории инструментов для диагностики и терапии инфекционных заболеваний, Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук, Москва, Россия

Телефон: +7 (903) 106-92-91

E-mail: a.al.lukianova@gmail.com

## 172. ВЫДЕЛЕНИЕ И ХАРАКТЕРИСТИКА НОВОГО БАКТЕРИОЛИТИЧЕСКОГО ФЕРМЕНТА SERP3 *LYSOBACTER CAPSICI* VKM B-2533<sup>†</sup>

Зеленов Д.В.<sup>1,2</sup>, Афошин А.С.<sup>1</sup>, Кудрякова И.В.<sup>1</sup>,  
Галемина И.Е.<sup>1,2</sup>, Леонтьевская Е.А.<sup>1</sup>,  
Леонтьевская Н.В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ «Пушинский научный центр биологических исследований РАН» (Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН), Пушкино

<sup>2</sup> Пушкинский филиал федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования «Российский биотехнологический университет (РОСБИОТЕХ)», Пушкино

В связи с ростом количества антибиотикорезистентных микроорганизмов задача поиска новых антимикробных препаратов с каждым годом становится все более актуальной.

Одним из способов решения данной задачи является создание новых антимикробных препаратов на основе бактериолитических ферментов. В лаборатории биохимии клеточной поверхности микроорганизмов ИБФМ РАН изучаются бактерии рода *Lysobacter*, известные своей способностью продуцировать множество антимикробных соединений, таких как антибиотики, пептиды, бактериолитические ферменты. В настоящее время исследования в лаборатории направлены на изучение антимикробного потенциала типового штамма *Lysobacter capsici* VKM B-2533<sup>†</sup>. Ранее в лаборатории с помощью транскриптомного подхода был определен пул генов с предполагаемой бактериолитической активностью. Одним из ферментов данного пула был белок Serp3.

Целью данной работы являлось выделение и изучение бактериолитического фермента Serp3. Для экспрессии гена *serp3* был разработан экспрессионный штамм *L. capsici* P<sub>GroEL(A)</sub>-*serp3*. С помощью методов аффинной и катионообменной хроматографии фермент Serp3 был получен в электрофоретически гомогенном состоянии.

Полученный фермент Serp3 эффективно гидролизует автоклавированные клетки *Staphylococcus aureus* 209P (3562±112 ЛЕ/мг), *Micrococcus luteus* Ac-2230<sup>†</sup> (24700±816 ЛЕ/мг), *Pseudomonas aeruginosa* (5536±286 ЛЕ/мг), *Proteus vulgaris* H-19 (7114±251 ЛЕ/мг).

Установлены оптимальные условия гидролиза ав-

токлавированных клеток *S. aureus* 209P ферментом Serp3: оптимум pH 7,0, оптимум ионной силы 10 мМ, оптимум температуры 70 °С. Температура полуинактивации фермента составляет 70 °С.

Показано, что Serp3 гидролизует белковые субстраты казеин и азофибрин.

Таким образом, в результате проведенного исследования была выделена и охарактеризована бактериолитическая протеза Serp3. Данный фермент можно использовать для конструирования антимикробных препаратов нового поколения как отдельно, так и в комплексе с другими бактериолитическими ферментами.

Исследование выполнено за счет гранта Министерства науки и высшего образования (соглашение № 075-10-2021-113, уникальный идентификатор контракта RF----193021X0001).

Зеленов Дмитрий Владимирович, инженер лаборатории биохимии клеточной поверхности микроорганизмов ИБФМ РАН, г. Пушкино, Россия

Телефон: +7 (910) 598-87-02

E-mail: zelenovdima1@mail.ru

## 173. «ИДЕНТИФИКАЦИЯ, ХАРАКТЕРИСТИКА И ОЦЕНКА СТЕПЕНИ ПАТОГЕННОСТИ КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ *BACILLUS CEREUS*»

М.В. Зубашева<sup>1</sup>, Т.А. Смирнова<sup>1</sup>, Н.Б. Поляков<sup>1,2</sup>,  
Д.С. Карпов<sup>3</sup>, А.И. Соловьев<sup>1</sup>, Д.Н. Щербинин<sup>1</sup>,  
Н.В. Шевлягина<sup>1</sup>, М.А. Сухина<sup>4</sup>, И.В. Яминский<sup>5</sup>,  
В.Г. Жуховицкий<sup>1, 6</sup>

<sup>1</sup> ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии им. почетного академика Н. Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, 123098 Россия

<sup>2</sup> ФГБУН «Институт геохимии и аналитической химии им. В. И. Вернадского» Российской академии наук, Москва, 119334 Россия

<sup>3</sup> Центр высокоточного редактирования и генетических технологий для биомедицины, ФГБУ «Институт молекулярной биологии им. В. А. Энгельгардта» Российской академии наук, Москва, 119991 Россия

<sup>4</sup> ФГБУ «Национальный медицинский исследовательский центр колопроктологии им. А.Н. Рыжих» Минздрава России, Москва, 123423 Россия

<sup>5</sup> Московский Государственный Университет им. М. В. Ломоносова, физический и химический факультеты, Москва, 119991 Россия

<sup>6</sup> ФГБОУ ДПО «Российская медицинская академия непрерывного профессионального образования» Минздрава России (РМАНПО), Москва, 125993 Россия

#### **Введение:**

*Bacillus cereus* – факультативно анаэробная грамположительная спорообразующая бактерия, вырабатывает токсины. Обнаруживается в окружающей среде (почва, растения). При попадании в пищевые продукты вызывает заболевания ЖКТ. Описаны случаи развития тяжелых форм пневмонии, менингита, эндофтальмита, бактериемии, сепсиса у больных с ослабленным иммунитетом. Роль *B. cereus* в патогенезе человека недостаточно оценена. Цель работы - идентификация, морфологическая, физиолого-биохимическая характеристика, оценка факторов патогенности, выявление токсигенных штаммов *B. cereus*.

#### **Материалы и методы:**

Два референсных штамма *B. cereus* (ATCC 10876, ATCC 10702), два природных изолята (115/079, 131/079), девять клинических изолятов (рана, просветные фекалии, язвенный колит, сепсис) от больных ФГБУ НМИЦ колопроктологии им. А. Н. Рыжих Минздрава России. Методы анализа: генетические (MLST, 16S-РНК-секвенирование, NGS), протеомные (MALDI-TOF), биохимические, микроскопические.

#### **Результаты:**

Изученные штаммы были идентифицированы до вида *B. cereus*, один штамм до вида *B. cytotoxicus*. Установлена (13/13) чувствительность к ванкомицину, норфлоксацину, линезолиду, эртапенему, меропенему, имипенему, доксициклину, клиндамицину (EUCAST-2022 Clinical breakpoint Tables v.12.0), лецитиназная, гемолитическая (5%-кровяной агар) активность, подвижность (Motility Test Medium). У спор клинических изолятов выявлена повышенная терморезистентность к влажному теплу, обнаружен второй слой экзоспориума, определена гексагональная упаковка экзоспориума (Фурье-фильтрация), расстояние между порами одного слоя. Охарактеризованы внешние структуры спор различных морфотипов, отвечающие за адгезию к поверхностям. Для четырех штаммов *B. cereus* (ATCC 10876, ATCC 10702, SCCC 1208/16, SCCC 19/16) выполнено полногеномное секвенирование (NGS) на платформе Illumina, установлен токсигенных профилей.

#### **Заключение:**

Данные могут быть использованы при разработке **тест-систем для выявления энтеротоксинов *B. cereus*** в различных образцах.

Зубашева Маргарита Владимировна, к.б.н., научный сотрудник лаборатории индикации и ультраструктурного анализа микроорганизмов ФГБУ «НИЦЭМ им. Н. Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия.

Телефон: +7 (926) 869-16-11

E-mail: mzubasheva@mail.ru

### **174. ВЛИЯНИЕ АНТРОПОГЕННЫХ ЗАГРЯЗНИТЕЛЕЙ НА МИКРОБНЫЕ СООБЩЕСТВА МИКРОЧАСТИЦ (ПЫЛИ) ГОРОДОВ, РАСПОЛОЖЕННЫХ В РАЗНЫХ КЛИМАТИЧЕСКИХ ПОЯСАХ**

Сазонова О.И.<sup>1</sup>, Ветрова А.А.<sup>1</sup>, Иванова А.А.<sup>1</sup>, Корнейкова М.В.<sup>2,3</sup>, Новиков А.И.<sup>4</sup>, Слукотская М.В.<sup>2,4</sup>, Гавричкова О.В.<sup>2,5</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ «Пушкинский научный центр биологических исследований РАН», Пушкино, Россия

<sup>2</sup> Российский университет дружбы народов, Москва, Россия

<sup>3</sup> Институт проблем промышленной экологии Севера КНЦ РАН, Апатиты, Россия

<sup>4</sup> Институт химии и технологии редких элементов и минерального сырья им. И.В.Тананаева (ИХТРЭМС КНЦ РАН), Апатиты, Россия

<sup>5</sup> Научно-исследовательский институт наземных экосистем, Национальный исследовательский совет, Порано, Италия

В промышленных городах с хорошо развитой инфраструктурой остро стоит проблема загрязнения окружающей среды токсикантами такими как полициклические ароматические углеводороды (ПАУ) и металлы. Перенос загрязнителей в составе микрочастиц городской пыли и выпадение с атмосферными осадками приводит к их накоплению на поверхности природных объектов, таких как дорога и растения. Важным аспектом биомониторинга городской среды является оценка воздействия ПАУ и металлов на микробные сообщества природных объектов.

Для изучения влияния антропогенных загрязнителей на микробные сообщества городской пыли в двух городах России, расположенных в субарктическом (Мурманск) и умеренно-континентальном

(Москва) климатических поясах, отбирали пыль с поверхности двух биотопов (дорожное покрытие и листья березы). Отбор проводили в функциональных зонах, различающихся уровнем антропогенной нагрузки: зона движения транспорта, жилая и рекреационная. Метабаркодинг использовали для определения таксономического состава микробных сообществ. Культивируемые бактерии-деструкторы ПАУ выделяли прямым высевом на различные ПАУ. Количественное и качественное содержание ПАУ и металлов определяли высокоэффективной жидкостной хроматографией и масс-спектрометрией с индуктивно связанной плазмой, соответственно.

Показано, что в образцах Москвы и Мурманска наблюдается тенденция к снижению общего содержания ПАУ в направлении от зоны движения к рекреационной зоне. Установлено, что на структуру бактериальных сообществ биотопов влияет антропогенная нагрузка, тип биотопа и географический фактор; на сообщества микромицетов – только тип биотопа. Показано, что ПАУ в основном влияли на сообщества микромицетов, бактериальные сообщества были чувствительны к металлам. Бактерии деструкторы ПАУ родов *Sphingomonas* и *Micrococcus* предложено использовать как индикаторы экологического состояния городских экосистем.

Работа поддержана РФФИ проект № 19-05-50112 и системой грантовой поддержки научных проектов РУДН проект № 040719-2-000.

Контактное лицо: Сазонова Олеся Ивановна, старший научный сотрудник лаборатории биологии плазмид Института биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН - обособленного подразделения ФИЦ «Пушкинский научный центр биологических исследований РАН», Пушкино, Россия

Телефон: +7 (926) 689-12-69

E-mail: sazonova\_oi@rambler.ru

## 175. ДОМЕСТИКАЦИЯ МОЛОЧНЫХ ДРОЖЖЕЙ *KLUYVEROMYCES*: БЕТА-ГАЛАКТОЗИДАЗНЫЕ ГЕНЫ *LAC* ФЕРМЕНТАЦИИ ЛАКТОЗЫ

Е.С. Наумова, Л.В. Лютова, Г.И. Наумов

ФГБУ Национальный исследовательский центр «Курчатовский институт» «Курчатовский комплекс генетических исследований», Москва, 123098

На протяжении многих тысячелетий человечество использует культурные дрожжи в различных ферментационных процессах, включая производство сыра и кисломолочных продуктов. Способность ферментировать молочный сахар лактозу обнаружена только у некоторых видов дрожжей. Молочные штаммы *Kluyveromyces lactis* и *K. marxianus* являются обычной микрофлорой различных молочных продуктов, они продуцируют внутриклеточную бета-галактозидазу (лактазу), расщепляя дисахарид лактозу на глюкозу и галактозу. Вид *K. lactis* имеет сложный состав и включает две разновидности: культурные молочные штаммы *K. lactis* var. *lactis* и не сбраживающие лактозу природные дрожжи *K. lactis* var. *drosophilum* (Lachance, 2011).

С помощью гибридологического анализа, молекулярного кариотипирования, Саузерн-гибридизации и филогенетического анализа изучен молекулярный полиморфизм и происхождение генов *LAC* у молочных дрожжей *K. lactis* var. *lactis*.

**Обнаружено, что у молочных штаммов *K. lactis* var. *lactis* способность ферментировать лактозу контролируется тремя полимерными локусами *LAC* различной хромосомной локализации: *LAC1* (хромосома III), *LAC2* (хр. II) и *LAC3* (хр. IV). Каждый из этих локусов состоит из тесно сцепленных структурных генов *LAC4* (бета-галактозидаза) и *LAC12* (пермеаза лактозы) и регуляторной последовательности. Получены межвидовые гибриды между молочным штаммом *K. marxianus* и дрожжами *K. lactis* var. *drosophilum*. Молекулярный анализ межвидовых гибридов и их сегрегантов показал, что в процессе гибридизации и последующей мейотической рекомбинации может происходить перенос генов *LAC* в геном не сбраживающих лактозу дрожжей *K. lactis* var. *drosophilum*.**

**По-видимому, доместикация дрожжей *K. lactis* var. *lactis* произошла на основе приобретения генного кластера *LAC4-LAC12* от молочных**



**штаммов** *K. marxianus*, тогда как последние дрожжи могли приобрести эти гены в результате горизонтального переноса от бактерий.

Наумова Елена Сергеевна, зав. лабораторией молекулярной генетики дрожжей ФГБУ Национальный исследовательский центр «Курчатовский институт» «Курчатовский комплекс генетических исследований», Москва, Россия.

Телефон: +7 (967)-273-40-31

E-mail: lena\_naumova@yahoo.com

## 176. УЛУЧШЕНИЕ ГЕНОМНЫХ РЕДАКТОРОВ НА ОСНОВЕ *S. PYOGENES* CAS9

Давлетишин А.И.<sup>1</sup>, Спаская Д.С.<sup>1</sup>, Тютяева В.В.<sup>1,2</sup>, Матвеева А.А.<sup>1</sup>, Гарбуз Д.Г.<sup>1,2</sup>, Карпов Д.С.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта, Москва, Россия

<sup>2</sup> Центр высокоточного редактирования и генетических технологий для биомедицины, Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта, Москва, Россия

Прокариотические системы CRISPR/Cas – основной инструмент технологии редактирования генома. Наиболее изученной, простой и эффективной системой является CRISPR/Cas9 типа IIА из *Streptococcus pyogenes*. Система CRISPR/Cas9 широко используется в фундаментальных исследованиях и обладает большим потенциалом в биомедицине. Однако система CRISPR/Cas9 имеет ряд недостатков, ограничивающих ее применение в терапии наследственных заболеваний человека. Самый существенный из них – относительно высокая нецелевая активность. Ведется большая работа по повышению точности Cas9 с использованием подходов направленной эволюции и рационального дизайна. Однако установлено, что высокая точность мутантных вариантов Cas9 связана с пониженной активностью.

Цель работы – повышение активности у высокоточных вариантов Cas9 путем рационального дизайна и случайного мутагенеза.

Новые варианты Cas9 получали путем комбинирования известных мутаций, которые по-отдельности повышают специфичность и активность Cas9, в том числе в контексте хроматина. К полученным вариантам применили подход, аналогичный эволюции белка, для дальнейшего повышения активности мутантных вариантов SpCas9. Оценку ак-

тивности и специфичности новых вариантов Cas9 проводили в разработанной нами тест-система на основе дрожжей *Saccharomyces cerevisiae* и гена-мишени *ADE2*, кодирующего один из ферментов биосинтеза аденина.

В результате получен набор из более 30 новых вариантов белка Cas9, из которых несколько форм проявляют наибольшую активность. Новые варианты Cas9 проявляют высокую специфичность (в 10 раз большую по сравнению с диким типом) и одновременно повышенную активность. В ходе работы получена новая мутация LP в РАМ-распознающем домене, повышающая активность некоторых высокоточных Cas9 нуклеаз, но не снижающая их специфичности. Мутация аминокислотных остатков пространственно сближенных с LP также повышает активность высокоточных вариантов Cas9. Таким образом, полученные нами высокоспецифичные и высокоактивные варианты Cas9 могут служить платформой для разработки геномных редакторов с потенциалом использования в терапии наследственных заболеваний человека.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 22-14-00377.

## 177. ХАРАКТЕРИСТИКА БАКТЕРИОФАГА ВАСL\_227 И ЕГО СПОСОБНОСТЬ ПРЕДОТВРАЩАТЬ ОБРАЗОВАНИЕ БИОПЛЕНОК *BACILLUS LICHENIFORMIS*

Козлова Ю.Н.,<sup>1</sup> Бардашиева А.В.<sup>1</sup>  
Морозова В.В.<sup>1</sup> Якубовский В.И.<sup>1</sup>, Тикунов А.Ю.<sup>1</sup>,  
Тикунова Н.В.<sup>1</sup>

ФГБУН Институт Химической Биологии и Фундаментальной медицины СО РАН,  
Новосибирск, Россия

Из термальных источников «Урочище Тумроки» на Камчатке были выделены микроорганизмы: фаг ВасL\_227 и его хозяин *Bacillus licheniformis* КЭМТК 4033.

Были исследованы биологические свойства (литическая активность фага и его способность подавлять образование биопленок штаммом-хозяином), а также секвенирован и анализирован полный геном фага.

Было выявлено, что фаг ВасL\_227 обладает хорошими антибактериальными свойствами и способен предотвращать образование биопленок культурой *B. licheniformis* КЭМТК 4033 при совместном культивировании фага и бактерий при температуре

28 °С в течение семи недель.

BacL\_227 представляет собой дцДНК фаг. Размер генома BacL\_227 составил 156399 н.п. Анализ полученной нуклеотидной последовательности выявил 233 предполагаемых ОРТ. Геном содержит 81 ОРТ, кодирующую белки рекомбинации и регуляции ДНК-метаболизма, белки лизиса бактериальной клетки и структурные белки, а также 152 ОРТ, кодирующих белки с неизвестными функциями.

Наибольшее сходство генома BacL\_227 (83% идентичности н.п.) было обнаружено с геномом фага *Bacillus vB\_BsuS\_PJN02* [NC\_071050], который относится к роду *Zhangjivirus*, класса *Caudoviricetes*. Анализ с использованием пакета программ ViPTree подтвердил, что BacL\_227 группируется с фагом *vB\_BsuS\_PJN02*, возможно, что данные бактериофаги относятся к одному подсемейству в составе класса *Caudoviricetes*.

Таким образом, были выделены и охарактеризованы фаг BacL\_227 и его хозяин *B. licheniformis*. Возможно, что фаг BacL\_227 относится к новому роду и в своем геноме несет гены, кодирующие ферменты, способные предотвращать образование биопленки *B. licheniformis*.

Исследование вели по проекту 075-15-2021-1085 «Всероссийский атлас почвенных микроорганизмов»

Козлова Юлия Николаевна, научный сотрудник ИХБФМ СО РАН, Новосибирск, Россия

Телефон +7 (952) 944-70-35

E-mail: ulona@ngs.ru

## **178. ГОРМОНЫ ЧЕЛОВЕКА КАК МОДУЛЯТОРЫ ДЕЙСТВИЯ АНТИБИОТИКОВ В ОТНОШЕНИИ БИОПЛЕНОК МИКРООРГАНИЗМОВ- КОММЕНСАЛОВ КОЖИ**

*Ганнесен А.В., Дювенжи Е.В., Логинова Н.А.,  
Мосолова А.М., Неволлина Е.Д., Овчарова М.А.,  
Журина М.В., Мартьянов С.В., Плакунов В.К.*

Федеральный исследовательский центр  
«Фундаментальные основы биотехнологии»  
Российской академии наук (ФИЦ Биотехнологии  
РАН), Москва, Россия

### **Введение:**

Возрастающее количество резистентных к антибиотикам штаммов патогенов снижает эффективность химиотерапии бактериальных инфекций. Перспективным является исследование способов

усилить эффект антибиотиков с помощью дополнительных агентов. Целью работы было исследовать возможный модулирующий эффект гормонов как потенциальных дополнительных агентов на действие антибиотиков в отношении биопленок ряда модельных микроорганизмов кожи человека.

### **Материалы и методы:**

Исследовали действие нижеперечисленных активных соединений на моновидовые и бинарные биопленки следующих микроорганизмов: (1) норадреналина, натрийуретического пептида А-типа и азитромицина на *Staphylococcus aureus* и *Kytococcus schroeteri*; (2) адреналина и ванкомицина на *Staphylococcus epidermidis* и *Cutibacterium acnes*; (3) эстрадиола и ванкомицина на *S. aureus* и *Lactobacillus paracasei*. В исследованиях применяли как классические приемы работы с биопленками, так и современные методы, включая конфокальную микроскопию, количественную ПЦР

### **Результаты и обсуждение:**

Все исследованные гормоны оказались способны модулировать эффект антибиотиков в отношении моновидовых и бинарных биопленок исследованных бактерий. Эффект зависел от состава биопленки (моновидовая или бинарная), от вида микроорганизма и от времени культивирования.

Заключение. Полученные результаты свидетельствуют об способности гормонов изменять силу и характер действия антибиотиков на биопленки микроорганизмов, что открывает большие перспективы как для фундаментальной науки, так и для прикладных областей знания.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ №19-74-10071

Ганнесен Андрей Владиславович, старший научный сотрудник кафедры Лаборатории выживаемости микроорганизмов ФИЦ Биотехнологии РАН, 117312 Россия, Москва, проспект 60-летия Октября, д. 7, к. 2

Телефон: +7 (903) 270-79-02

E-mail: andrei.gannesen@gmail.com

## 179. РЕГУЛЯЦИЯ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ АНТИОКСИДАНТНОЙ ЗАЩИТЫ У СТРОГО АНАЭРОБНЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ

Брюханов А.Л.

Московский государственный университет имени  
М.В.Ломоносова, биологический факультет

### Введение:

Аэротолерантность строгих анаэробов, периодически встречающихся в своих местообитаниях с кислородом, тесно связана с функционированием антиоксидантных ферментативных систем, ответственных за удаление его активных форм (АФК). Широкое распространение ключевых антиоксидантных ферментов, таких, как супероксиддисмутаза (СОД), каталаза и несколько типов пероксидаз, в различных филогенетических группах строго анаэробных архей и бактерий позволяет предположить очень древнее происхождение этих защитных ферментативных систем.

Ключевые слова: строгие анаэробы, антиоксидантная защита клетки, окислительные стрессы.

### Материалы и методы:

Культивирование строгих анаэробов в условиях окислительных стрессов. Количественная ПЦР в реальном времени.

### Результаты:

Экспозиция клеток метаногенных архей *Methanosarcina barkeri* и *Methanobrevibacter arboriphilus* в условиях окислительных стрессов приводила к 2–10-ти кратному увеличению экспрессии генов, кодирующих Fe-СОД (*sod*) и каталазу (*kat*), в зависимости от концентрации АФК и продолжительности стресса. В клетках клостридий *Clostridium butyricum* при аэрации (5% O<sub>2</sub>) многократно усиливалась экспрессия генов, кодирующих Fe/Mn и Cu/Zn-СОД (*sodB*, *sodC*), НАДН : рубредоксин оксидоредуктазу (*nror*) и глутатионпероксидазу (*gpx1–3*). Наиболее сложными системами антиоксидантной защиты среди строгих анаэробов обладают сульфатредуцирующие бактерии. Геномы представителей рода *Desulfovibrio*, в том числе выделенных нами из окисленных морских осадков, помимо генов *sod* и *tpx* (тиолпероксидаза) содержат гены *sor* (супероксидредуктаза), *ngr* (нигеритрин), *cox* (цитохром с оксидаза), а также PerR регулон с генами *rbr1–2* и *ahpC*, кодирующими рубреритрины и алкилгидропероксидредуктазу,

который подвержен сложной регуляции в зависимости от концентрации пероксидов.

Заключение. Клетки многих строго анаэробных микроорганизмов достаточно хорошо защищены от токсичного действия АФК в низких концентрациях за счёт тонко регулируемых ферментативных систем антиоксидантной защиты.

Брюханов Андрей Леонидович, старший научный сотрудник (к.б.н., доц.) кафедры микробиологии биологического факультета ФГБОУ ВО «Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова», Москва, Россия.

Телефон: + 7 (495) 939-54-91

E-mail: brjuchanov@mail.ru

## 180. ЛЕКАРСТВЕННАЯ УСТОЙЧИВОСТЬ РАЗЛИЧНЫХ ГЕНОТИПОВ MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS В ЗАПАДНОЙ СИБИРИ

Вязовая А.А.<sup>1</sup>, Пасечник О.А.<sup>2</sup>, Костюкова  
И.В.<sup>3</sup>, Герасимова А.А.<sup>1</sup>, Терентьева Д.Р.<sup>1</sup>,  
Мокроусов И.В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФБУН «Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера»,  
Санкт-Петербург

<sup>2</sup> ФГБОУ ВО «Омский государственный медицинский университет» Минздрава России,  
Омск

<sup>3</sup> БУЗОО «Клинический противотуберкулёзный диспансер», Омск

### Введение:

В Западной Сибири, в частности Омской области, среди впервые выявленных больных туберкулезом растет доля пациентов, инфицированных штаммами *Mycobacterium tuberculosis* с множественной и широкой лекарственной устойчивостью (МЛУ/ШЛУ) к основным противотуберкулёзным препаратам, что является косвенным признаком длительного сохранения «бациллярного ядра» в регионе. Мы исследовали первичную лекарственную устойчивость и генотипы штаммов *M. tuberculosis* в Омской области.

### Материалы и методы:

Изучено 359 штаммов *M. tuberculosis* выделенных от впервые выявленных больных туберкулезом легких в 2019-2021 гг. Культивирование и определение лекарственной чувствительности изоля-

тов *M. tuberculosis* проводили стандартными методами. Принадлежность к генотипу Beijing и его основным кластерам определяли разработанными нами методами на основе ПЦР. Штаммы других генотипов были сполиготипированы, с последующим сравнением с международной базой данных SITVIT2.

#### Результаты:

Генотип Beijing был обнаружен у 71,9% (258/359) штаммов *M. tuberculosis*. Штаммы современной сублинии Beijing были представлены двумя основными кластерами Central Asian/Russian 60,9% (157/258) и B0/W148 26,0% (67). Штаммы генотипа B0/W148 значимо чаще чем Central Asian/Russian обладали МЛУ и пре-ШЛУ: 89,6% и 34,3% против 33,1% и 10,8% соответственно ( $p=0,0001$ ). Штаммы древней сублинии генотипа Beijing составили 7,8% (20/258) и преимущественно были представлены МЛУ-штаммами кластера 1071-32 (18/20). Штаммы других генетических семейств - LAM, Ural, T, Haarlem составили 28,1% (101/359), из них 23,8% обладали МЛУ.

#### Заключение:

В популяции *M. tuberculosis* в Омской области преобладают штаммы современной сублинии генотипа Beijing. Циркуляция МЛУ-штаммов кластеров Beijing B0/W148 и 1071-32 требует молекулярно-эпидемиологического надзора за их возможным более широким распространением. Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта РФФИ 19-14-00013.

Вязовая Анна Александровна, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной эпидемиологии и эволюционной генетики ФБУН НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Санкт-Петербург, Россия  
Телефон: +7 (950) 045-98-99  
E-mail: elmtree2001@mail.ru

## 181. МЕТАНОТРОФЫ, РАСТУЩИЕ НА МОРСКОЙ ВОДЕ, В БИОТЕХНОЛОГИИ ПОЛУЧЕНИЯ КОРМОВОГО БЕЛКА

Тихонова Е.Н., Конопкин А.А., Федорук Д.В.,  
Пименов Н.В., Дедыш С.Н.

ФИЦ Биотехнологии РАН

Поиск новых путей получения кормовых продуктов является одной из ключевых задач агропромышленного сектора экономики России. Среди потенциальных продуцентов биопротеина особое место занимают метанотрофные бактерии - метаболически уникальная группа прокариот, способных использовать метан в качестве единственного источника углерода и энергии. До сих пор в технологии производства белка из природного газа использовали только метанотрофов, растущих на пресной воде. Так как сырьевая база этого производства часто приурочена к областям с дефицитом пресной воды, актуальным является поиск высокопродуктивных метанотрофных бактерий, способных расти на морской воде.

Для получения накопительных культур метанотрофов использовали донные отложения устья реки Чернавка, Волгоградская обл. (49.208 N; 46.680 E) с содержанием солей 30 г/л, pH 7.5. Культивирование проводили при 30°C на минеральной среде с содержанием солей 23 г/л и 20% метана в газовой фазе флаконов. Анализ состава полученных метанотрофных сообществ был выполнен с помощью профилирования по генам 16S рРНК (Illumina MiSeq). Оценку ростовых характеристик проводили путем культивирования в ферментерах (GPC BIO, Франция) объемом 1.5 л.

Полученные в работе накопительные культуры Ch1 и Ch4 содержали по одному представителю аэробных метанотрофов, которые были идентифицированы как представители родов *Methylomarinum* (Ch1) и *Methylomicrobium* (Ch4). Гетеротрофный компонент сообществ был представлен бактериями родов *Thalassospira*, *Methylophaga*, *Oceanobacter*, *Terasakiella*, *Vibrio*. При культивировании в ферментере сообщество Ch1 показало стабильно высокую скорость роста (0.2 ч<sup>-1</sup>) на средах с высоким содержанием солей, до 39.0 г/л (морская вода), и высокий выход биомассы (3.2 г/л) с содержанием белка до 65%. Средняя продуктивность составила 0.64 (г/л)×ч. Результаты исследования позволяют расширить перечень куль-

тур–потенциальных продуцентов кормового белка на метане.

Работа выполнена при поддержке Минобрнауки России в рамках соглашения № 075-15-2022-318 от 20 апреля 2022 г. о предоставлении гранта в форме субсидий из федерального бюджета на осуществление государственной поддержки создания и развития научного центра мирового уровня «Агротехнологии будущего».

Тихонова Екатерина Николаевна, научный сотрудник ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (915) 022-23-15

E-mail: katerina\_inmi@mail.ru

## **182. ПЕПТИДНЫЕ ПАТТЕРНЫ МАМР БАКТЕРИАЛЬНЫХ ФЛАГЕЛЛИНОВ И ИХ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ С РАСТИТЕЛЬНЫМИ РЕЦЕПТОРАМИ: БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ И КОЭВОЛЮЦИОННЫЙ АСПЕКТЫ**

*С.Ю. Щеголев, Г.Л. Бурьгин, Ю.В. Красова, Л.Ю. Матора*

Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов РАН

### **Аннотация:**

Проведены исследования пептидных паттернов МАМР (ассоциированных с микробами молекулярных паттернов) во флагеллинах различных типов и размеров у широкого круга представителей фитопатогенной, ассоциативной и клубеньковой микрофлоры. Идентифицированы мотивы в последовательностях флагеллинов, определяющие их элиситорные (связанные с фитоиммунитетом) свойства. Во флагеллинах представителей PGPR (стимулирующих рост растений ризобактерий) выявлено наличие только одного (flg22) из двух сигнальных пептидов (flg22 и flgII-22), характерных для патогенной микрофлоры. При этом в 18-й позиции flg22 у PGPR вместо глицина G18, являющегося признаком элиситора, находится тирозин Y18, что может служить сигналом растению не задействовать для PGPR механизм фитоиммунитета. Молекулярный докинг продемонстрировал достоверность взаимодействий растительного рецептора FLS2 (leucine-rich receptor-like protein kinase family protein) с каноническим пептидом flg22 и его аналогами из фитопатогена и азоспириллы. Однако в случае растительного рецептора FLS3 (receptor kinase-like protein Xa21 [*Solanum*

*lycopersicum*]) достоверными оказались только его взаимодействия с каноническим пептидом flgII-28 и его аналогом из фитопатогена.

## **183. ОТЛИЧИТЕЛЬНЫЕ ОСОБЕННОСТИ ВНУТРИБОЛЬНИЧНЫХ ИЗОЛЯТОВ PSEUDOMONAS AERUGINOSA, ВЫДЕЛЕННЫХ В МОСКОВСКИХ СТАЦИОНАРАХ**

*Воронина О.Л., Кунда М.С., Аксенова Е.И., Рыжова Н.Н., Должикова И.В., Капотина Л.Н., Бурмистров Е.М., Никитенко Н.А., Гинцбург А.Л.*

ФГБУ НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи Минздрава России, Москва

### **Введение:**

*Pseudomonas aeruginosa* – один из наиболее актуальных микроорганизмов группы ESKAPE. Длительная циркуляция в стационаре приводит к преумножению факторов вирулентности и приобретению механизмов защиты от абиотических воздействий. Целью работы было изучение генетических особенностей изолятов *P. aeruginosa*, выделенных в стационарах Москвы, обеспечивающих резистентность бактерий к современным подходам антимикробной терапии.

### **Материалы и методы:**

**Геномы** 13 изолятов *P. aeruginosa* пяти генотипов: ST235, ST2592, ST357, ST277, ST549, из 7 стационаров Москвы секвенировали на платформе Illumina, результаты сборки депонировали в GenBank (CP043548-CP043549, CP043482-CP043483, CP034430, CP034429, CP051766-CP051767, CP051768-CP051769, CP051770-CP051771, CP059062-CP059063, CP107042, CP127242, BioProject PRJNA561493).

### **Результаты:**

Более патогенные изоляты ST235, ST357 и ST2592 (CC357): ExoU эффе́ктор системы секреции *III tина* (T3SS), длительно циркулировали в стационаре, т.е. относились к внутрибольничным. Характеристики изолятов ST277 и ST549 (ExoS эффе́ктор T3SS) отвечали внебольничным патогенам. Мобилом наиболее ранних изолятов ST235 включал конъюгативные плазмиды 49805 bp, 3 профага и 2 интегрона с рамками генов резистентности. Более поздние изоляты не имели плазмид, включали 4-10 профагов и интегроны с другим набором генов резистентности, в том числе VIM. Ранние

изоляты ST357 содержали криптические плазмиды и 6-7 профагов. *P. aeruginosa* CC357 отличало присутствие трех областей CRISPR, одну из которых дополняли гены Cas, характерные для CRISPR TypeI. Изолят ST277 имел одну область CRISPR-Cas TypeI. Изоляты ST235 и CC357 относились к серогруппе O11/17 и имели пиовердин (PVD) II, внебольничные - к серогруппе O5, но имели разные PVD: I и IV. 51 общую для всех изолятов рамку устойчивости к антибиотикам дополняли 13-30 избирательно присутствовавших рамок.

#### **Заключение:**

Полученные данные свидетельствуют о потенциальной устойчивости изолятов к современным видам антимикробной терапии.

Кунда Марина Сергеевна, старший научный сотрудник ФГБУ НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи Минздрава России, Москва, Россия,  
Телефон: +7 (916) 218-03-52  
E-mail: markunda99@gmail.com

### **184. ЭНДОЛИЗИНЫ СТАФИЛОКОККОВЫХ БАКТЕРИОФАГОВ**

*Я.А. Хлусевич, Н.Н. Голосова, А.Л. Матвеев,  
Ю.Н. Козлова, А.Ю. Тикунов, В.В. Морозова,  
Н.В. Тикунова*

ИХБФМ СО РАН, Новосибирск

Представители рода *Staphylococcus* являются условно-патогенными бактериями, и при ослаблении иммунитета могут вызывать инфекционные заболевания, вплоть до опасных для жизни заболеваний, таких как пневмония, менингит и сепсис. Лечение может осложняться образованием биопленок, повышающих резистентность к антибиотикам. В 2017 году ВОЗ внесла *S. aureus* в список наиболее опасных устойчивых к антибиотикам патогенов и обозначила высокий приоритет по необходимости разработки новых антибактериальных препаратов. Перспективными кандидатами для создания новых антибактериальных препаратов являются эндолизины – фаговые белки, способные разрушать пептидогликаны клеточной стенки бактерий.

Ранее в нашей лаборатории были изолированы бактериофаги, обладающие литической активностью в отношении *Staphylococcus aureus*. На основе выявленных в их геномах генов, кодирующие

эндолизины, была создана панель штаммов *E. coli*, продуцирующих данные белки.

Наличие у эндолизинов гидролитической активности относительно пептидогликана клеточных стенок клинических штаммов бактерий рода *Staphylococcus* из КЭМТК ИХБФМ СО РАН, в том числе обладающих антибиотикорезистентностью штаммов *S. aureus*, *S. haemolyticus*, *S. epidermidis*, было показано в зимографическом анализе. Также была показана способность эндолизинов разрушать биопленки, сформированные различными стафилококками.

Таким образом, были получены штаммы-продуценты рекомбинантных эндолизинов и показан спектр их пептидогликан-гидролизующей активности.

Исследования выполнены при поддержке Госзадания ФГБУН ИХБФМ СО РАН № 122110700002-2 «Прототипы средств на основе бактериофагов для лечения инфекций».

Хлусевич Яна Александровна, старший научный сотрудник лаборатории противомикробных препаратов ИХБФМ СО РАН, Новосибирск, Россия.  
Телефон: +7 (923) 130-62-31  
E-mail: khlusevichjana@mail.ru

### **185. МИКРООРГАНИЗМЫ В МНОГОЛЕТНЕМЕРЗЛЫХ ОТЛОЖЕНИЯХ АРКТИКИ: НОВЫЕ ИГРОКИ ИЗВЕСТНЫХ ПРОЦЕССОВ**

*Щербакова В.А., Речкина В.И., Трубицын В.Э.,  
Захарюк А.Г., Рыжманова Я.В., Ривкина Е.М.*

Институт биохимии и физиологии  
микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина, ФИЦ  
«Пушинский научный центр биологических  
исследований РАН»

Растущие выбросы углерода в атмосферу влияют на климат Земли, вызывая потепление климата и тем самым воздействуя на окружающую среду. Многолетнемерзлые отложения (ММО) содержат огромное количество погребенного органического углерода, который разложился в течение геологического времени. Из-за повышения температуры во всем мире вечная мерзлота в некоторых регионах испытывает процесс таяния своего поверхностного слоя, что требует ответа на ряд вопросов, в том числе о том, что произойдет с органическим углеродом и неорганическими соединениями, которые ранее были иммобилизованы в ММО и ста-

нут доступными после оттаивания? В круговороте углерода и других биогенных элементов участвуют микробные сообщества, которые играют ключевую роль в биогеохимических циклах, потребляя, производя и трансформируя химические соединения, имеющиеся в том месте, где они обитают.

Наши исследования анаэробных микробных сообществ экосистем ММО, полученные с использованием как методов, требующих культивирования микроорганизмов, так и культурально-независимых методов показали, что состав этих сообществ различается для мерзлых толщ и криопэгов. Если терминальной стадией анаэробного разрушения органического вещества, в том числе и биомассы отмерших микроорганизмов, грунтов, является метаногенез, то в криопэгах, заключительную стадию осуществляют сульфатредукторы. Выделенные культуры анаэробных и факультативно-анаэробных криофильных прокариот представляют различные физиологические группы микроорганизмов, осуществляющие процессы отдельных этапов превращения органического вещества в анаэробных условиях, связанных с биогеохимическими циклами углерода, азота и серы.

Формирующиеся представления о «микробиоме вечной мерзлоты» позволяют предсказать возможные сценарии изменения состава микробных сообществ ММО в случае увеличения температуры окружающей среды. Результаты, полученные нами убедительно подтверждают представления о том, что биологическое разнообразие ММО зависит от палеоклиматических условий их формирования. С этой точки зрения исследования микробиоты вечной мерзлоты необходимы, поскольку они являются не только источником информации о микроорганизмах и проводимых ими процессах, но и позволяют судить об условиях формирования ММО.

Щербакова Виктория Артуровна, ведущий научный сотрудник, д.б.н., Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина, ФИЦ «Пушкинский научный центр биологических исследований РАН», г. Пушкино, Московская обл.

Телефон: +7 (916) 567-50-19

E-mail: vshakola@gmail.com

## 186. МЕХАНИЗМ ОКИСЛЕНИЯ ЭЛЕМЕНТНОЙ СЕРЫ У ПРЕДСТАВИТЕЛЯ НИТЧАТЫХ СЕРОБАКТЕРИЙ ИЗ СЕМЕЙСТВА *BEGGIATOACEAE* — *BEGGIATOA LEPTOMITIFORMIS*

Руденко Татьяна Сергеевна<sup>1,\*</sup>, Трубицина Любовь Игоревна<sup>2</sup>, Грабович Маргарита Юрьевна<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Воронежский государственный университет, Россия, 394018, Россия, г. Воронеж, Университетская площадь, 1

<sup>2</sup> Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина Российской академии наук – обособленное подразделение Федерального государственного бюджетного учреждения науки «Федеральный исследовательский центр «Пушкинский научный центр биологических исследований Российской академии наук», Россия, 142290, Московская область, г. Пушкино, проспект Науки, 5

### Введение:

Хотя важность неорганических субстратов серы как доноров электронов для *Beggiatoaceae* уже давно признана, однако механизм окисления внутриклеточных включений элементной серы у представителей рода *Beggiatoa* до сих пор остается открытым: не обнаружены гены, кодирующие ферменты, участвующие в окислении или восстановлении внутриклеточной элементной серы, которая со временем исчезает.

Мы предложили возможный путь окисления серы у *Beggiatoa leptomitiformis*, и выявили белки, которые потенциально могут осуществлять реакцию окисления элементной серы до сульфита.

### Материалы и методы:

Методы биоинформатики, количественная ОТ-ПЦР, ВЭЖХ-МС/МС, экспрессия гена в гетерологичной системе.

### Результаты и обсуждение:

В качестве фермента, окисляющего внутриклеточные включения серы до сульфита, предложена персульфиддигидрогеназа (PDO). Филогенетический анализ двух гомологов PDO, обнаруженных в геноме штамма D-402, позволил отнести один из них к I типу PDO, участвующей у некоторых организмов в детоксикации сероводорода. Анализ ВЭЖХ-МС/МС подтвердил, что найденный белок является дифференциально экспрессирующим-

ся в хемоавтотрофных условиях роста, где внутриклеточные включения элементной серы были опосредованным донором электронов для энергетического метаболизма. В этих же условиях анализ ОТ-ПЦР показал увеличение экспрессии генов Sox-комплекса. Вероятно, тиосульфат, химически образующийся при взаимодействии сульфита и персульфида/полисульфида, транспортируется в периплазму белками-переносчиками, где окисляется Sox-комплексом с образованием сульфата. Исследование динамики накопления продуктов окисления серы показало эквимолярное соотношение накопленного сульфата относительно окисленного тиосульфата.

#### **Заключение:**

Таким образом, на основании полученных данных, был предложен новый путь превращения элементной серы, в котором *Beggiatoa leptomitiformis* использует PDO и Sox-комплекс для окисления серы до сульфата: PDO катализирует реакцию окисления внутриклеточной серы до сульфита без образования энергии; однако тиосульфат, образующийся при химическом взаимодействии сульфита и персульфида, является субстратом для Sox-комплекса, при функционировании которого бактерии способны осуществлять литотрофный рост при окислении внутриклеточной элементной серы.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (грант № 20-14-00137)

Руденко Татьяна Сергеевна, младший научный сотрудник кафедры биохимии и физиологии клетки ФГБОУ ВО «ВГУ» (Воронежский государственный университет), Воронеж, Россия,

Телефон: +7 (905) 657-64-96

Email: ipigun6292@gmail.com

## **187. ИММОБИЛИЗАЦИЯ МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА АНАММОКС НА ПОДВИЖНЫХ НОСИТЕЛЯХ**

*Канапацкий Т.А.<sup>1</sup>, Николаев Ю.А.<sup>1</sup>, Грачев В.А.<sup>1</sup>, Пелевина А.В.<sup>1</sup>, Пименов Н.В.<sup>1</sup>, Марданов А.В.<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> Институт микробиологии им.

С.Н. Виноградского ФИЦ Биотехнологии РАН

<sup>2</sup> Институт биоинженерии ФИЦ Биотехнологии РАН

Анаммокс-бактерии являются уникальными организмами, способными осуществлять реакцию анаэробного окисления аммония нитритом (anaerobic ammonium oxidation – ANAMMOX), которая приводит к образованию молекулярного азота. Традиционно аммоний в очистных сооружениях удаляют в форме азота за счет процессов нитрификации и денитрификации. Анаммокс-бактерии способны эффективно окислять аммоний в аноксидных условиях, что также позволяет использовать их для очистки сточных вод. Известно, что иммобилизация микроорганизмов на различных носителях повышает их устойчивость к неблагоприятным факторам внешней среды с сохранением активности основных метаболических процессов.

Целью работы была оценка эффективности иммобилизации анаммокс-сообщества на трех различных полимерных подвижных (плавающих) носителях.

Культивирование анаммокс-сообщества проводили в биореакторах непрерывного действия SBR-типа (с чередованием кислородных и бескислородных стадий). Кислород необходим для образования нитрита нитрифицирующими микроорганизмами, который в отсутствие кислорода используется анаммокс-бактериями для окисления аммония. В реакторах обеспечивалось круговое движение среды с носителями. Были использованы три вида носителей, отличающихся материалом, формой и гидродинамическими свойствами. Первый носитель - отечественного производства (Реактор №1), был представлен дисками (5x25x20мм), состоящими из нитей (ø~0.5 мм). Реакторы №2 и №3 загружали пористыми носителями, округлой седловидной формы, произведенными в России и Германии, соответственно, толщиной 1-1.5 мм и ø~36 и 30 мм, соответственно.

После 8 месяцев культивирования во всех биореакторах наблюдалось формирование анаммокс-сообщества на полимерных носителях. Удельная (на 1 элемент) масса обрастания составила 13.6,



10,0 и 8,9 мг/шт соответственно, для носителей № 1, 2 и 3. Общее количество биомассы в биореакторах № 1, 2 и 3 составило 1,63, 2,03 и 3,34 г/реактор, соответственно. Наибольшая эффективность удаления минеральных форм азота (84%), была обнаружена в реакторе №1. Для реакторов № 2 и 3 этот показатель составил 51% и 72%. Удельная активность биомассы в реакторах № 1, 2 и 3 составила 103, 50 и 43 мг/г/сут, соответственно.

Таким образом, наиболее эффективным носителем биоценоза анаммокс для очистки сточных вод является носитель №1 российского производства.

Работа финансировалась из средств РНФ (проект № 21-64-00019).

Канапацкий Тимур Александрович, научный сотрудник лаборатории реликтовых микробных сообществ ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (916) 244-19-28

E-mail: timkanap\_inmi@mail.ru

### **188. БИОДЕГРАДАЦИЯ КОМПОЗИЦИОННЫХ СОСТАВОВ НА ОСНОВЕ АЛЬГИНАТА НАТРИЯ *TRICHODERMA HARZIANUM***

*Н.В. Филинова, В.С. Мясникова, Л.А. Беловежец*

ИрИХ СО РАН

Разработка гидрогелевых композиционных составов на основе водорослевых полисахаридов - альгинатов, является одним из перспективных направлений в последние десятилетия, благодаря преимуществам альгинатного биополимера – дешевизне, нетоксичности, биосовместимости, биоразлагаемости, наличию реакционных групп и способности к ионотропному гелеобразованию в мягких условиях, что обеспечивает регулируемость химико-механических свойств биополимерной матрицы. Исследовалась биодegradация композиционных альгинатных составов с целевыми добавками для дражирования семян сосны обыкновенной (*Pinus sylvestris*) активным биодеструктором растительных полисахаридов *Trichoderma harzianum*, выделенным со спилов древесины в Восточной Сибири. Интерес к микроскопическим грибам рода *Trichoderma* в последние годы возрастает в связи с активным развитием экологической биотехнологии.

Для оценки биодеструкции измерялась вязкость основы композиции – альгината натрия с целевыми добавками после воздействия биоагента (ми-

целий со спорами высевался на поверхность альгината), а также фиксировали количество сахаров фенол-серноокислотным методом.

Исследования показали, что после воздействия микромицета (в течение 30 дней) вязкость состава, содержащего 1% альгината натрия уменьшалась на 66%. При наличии в составе кукурузного крахмала вязкость состава уменьшалась на 32%, а количество сахаров увеличивалось в 1,7 раза по сравнению с контролем. Следует отметить, что обрастания поверхности композиции в чашке Петри не происходило.

Таким образом, можно предположить, что *Trichoderma harzianum* участвует в биодegradации капсул дражированных семян в условиях почвенного прорастания путем воздействия выделяемыми экссудатами, но не использует альгинат в качестве источника питания.

Филинова Надежда Владимировна, старший научный сотрудник лаборатории экологической биотехнологии ФГБУН Иркутского института химии им. А.Е. Фаворского СО РАН (ИрИХ СО РАН), Иркутск, Россия.

Телефон: +7 (914) 906-15-71

E-mail: Filinova\_nv@mail.ru

### **189. АНТИМИКРОБНЫЕ СВОЙСТВА КОМПОЗИТНЫХ МАТЕРИАЛОВ, МОДИФИЦИРОВАННЫХ МИКРОЧАСТИЦАМИ ОКСИДОВ ТЯЖЕЛЫХ МЕТАЛЛОВ И СВЧ ВОЗДЕЙСТВИЕМ**

*Злобина И.В.<sup>1,2</sup>, Шишкин А.Ю.<sup>3</sup>, Смирнов В.Ф.<sup>3</sup>,  
Корягин А.В.<sup>3</sup>*

<sup>1</sup> СГТУ имени Гагарина Ю.А., г. Саратов

<sup>2</sup> НИЦ «Курчатовский институт», г. Москва

<sup>3</sup> Нижегородский государственный университет  
им. Н.И. Лобачевского

Во многих литературных источниках упоминается о создании различных полимерных и композитных материалов с микрочастицами оксидов тяжелых металлов, которые обладают антимикробными свойствами. На их формирование может влиять ряд факторов, например, качественный и количественный состав полимера, композита, дополнительно вводимых функциональных компонентов, расположения их частиц. В качестве таких компонентов применяются микроразмерные частицы оксидов тяжелых металлов (ZnO, TiO<sub>2</sub> и др.),

которые способны проявлять антимикробную активность. Также в некоторых научных работах сообщается о влиянии СВЧ электромагнитного поля на полимерные и полимерные композиционные материалы, в результате которого свойства последних могут изменяться (прочность, плотность упаковки участков, «залечивание» дефектов и др.).

В данной работе в состав поверхностного слоя матрицы стекло- и углепластика, изготовленных с использованием эпоксидной смолы ЭД-20, отвердителя ПЭПА и соответствующих тканей, вводились микрочастицы новых сложных оксидов тяжелых металлов  $RbTe_{1.5}WO_{0.5}O_6$  и  $CsTeMoO_6$  в концентрации 1%, со средним размером 736 и 670 нм, соответственно, которые были вновь получены и описаны в НИИ Химии ННГУ. СВЧ обработку образцов осуществляли на частоте 2450 МГц и плотности потока энергии, равной  $(17-18) \times 10^4$  мкВт/см<sup>2</sup> в течение 2 мин для углепластика и 5 мин для стеклопластика. Обработка производилась со стороны поверхности с внедренными микрочастицами оксидов.

В качестве тест культур микроорганизмов были использованы бактерии *Escherichia coli* ATCC 25922, *Staphylococcus aureus* ATCC 25923, *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853 и *Bacillus subtilis* ATCC 6051. Антимикробные свойства оценивались по диаметру зоны ингибирования роста бактерий на среде ГРМ-агар.

Введение исследуемых оксидов состав  $RbTe_{1.5}WO_{0.5}O_6$  и  $CsTeMoO_6$  придавало стекло- и углепластику антимикробные свойства. Было отмечено снижение этих свойств у образцов, прошедших обработку в СВЧ поле. Предположительно этот эффект связан с временным переходом связующего композиционного материала в высокоэластичное состояние, что оказывает влияние на расположение микрочастиц на поверхности композита.

Таким образом, введение в состав композиционных материалов фотокаталитически активных частиц сложных оксидов тяжелых металлов придает антимикробные свойства, степень проявления которых можно регулировать, используя СВЧ воздействие.

Аналитические исследования выполнены с использованием научного оборудования ЦКП «Исследовательский химико-аналитический центр НИЦ «Курчатовский институт».

Шишкин Андрей Юрьевич, младший научный сотрудник лаборатории микробиологического анализа ОХБИ НИИХ ННГУ им. Н.И. Лобачевского, г. Нижний Новгород, Россия.

Телефон: +7 (952) 441-69-77

Email: uandshi@yandex.ru

## 190. СОВРЕМЕННАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ *Mycobacterium tuberculosis* В РЕСПУБЛИКЕ БУРЯТИЯ

Мударисова Р.С.<sup>1</sup>, Бадлеева М.В.<sup>2</sup>, Вязовая А.А.<sup>1</sup>, Мокроусов И.В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> НИИ эпидемиологии и микробиологии им.

Пастера, Санкт-Петербург

<sup>2</sup> Бурятский государственный университет имени Доржи Банзарова, Улан-Удэ, Республика Бурятия

Ситуация по туберкулезу на Дальнем Востоке отличается снижением заболеваемости при одновременном росте доли лекарственно-устойчивых штаммов. Недавно в азиатской части России был обнаружен кластер Beijing 14717-15, относящийся к предковой сублинии Beijing, ассоциированный с множественной лекарственной устойчивостью и эндемичный для Бурятии. Целью исследования было определение современной структуры *M. tuberculosis* и его лекарственно-устойчивых генотипов в Бурятии.

Материалы и методы. Всего было изучено 194 изоляты от больных с впервые выявленным туберкулезом из Бурятии в 2021-2022 годах. Штаммы были охарактеризованы по профилю лекарственной устойчивости и генотипированы по маркерам основных генотипов.

Результаты. Генотип Beijing преобладает в структуре популяции *M. tuberculosis* в Бурятии (65,5%) и равномерно распределяется по всей территории (63,2%-63,9%), за исключением северо-востока, где его доля была значительно выше (81,3%). Субтип Beijing Central Asian/Russian выявлен в 43,8% всех штаммов, его доля нарастала с 36,1% на западе Бурятии до 62,5% на северо-востоке. Российский эпидемический кластер Beijing B0/W148 выявлен в 9,8% штаммов, по районам Бурятии распределен неоднородно, в целом 11,5%-13,9%, но в центральной части - 2%. Кластер Beijing 14717-15 (7,7%) был распространен районам равномерно, в диапазоне 6,3% - 8,3%. Среди данного кластера значительно преобладали лекарственно-устойчивые изоляты (93,3%), по сравнению с другими генотипами вместе взятыми ( $p < 0,01$ ).

### **Заключение:**

Помимо присутствия общероссийских субтипов Beijing, в Бурятии продолжается циркуляция высоковирулентного кластера Beijing 14717-15, который является наиболее устойчивым к различным противотуберкулезным препаратам. Полученная информация необходима для современного эпидемиологического контроля за туберкулезом в Республике Бурятия, а также для наблюдения за распространением и возникновением наиболее эпидемически значимых штаммов Beijing B0/W148 и 14717-15.

Работа поддержана грантом РНФ 19-14-00013.

Мударисова Регина Салаватовна, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной эпидемиологии и эволюционной генетики, НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия.

Телефон: +7 (981) 817-03-71

E-mail: mudarisova.regina@bk.ru

### **191. ВЗАИМООТНОШЕНИЯ БАКТЕРИЙ *BACILLUS THURINGIENSIS* И КОЛОРАДСКОГО ЖУКА: КАК УВЕЛИЧИТЬ ЭФФЕКТИВНОСТЬ БИОЛОГИЧЕСКИХ ИНСЕКТИЦИДОВ НА ОСНОВЕ БАКТЕРИЙ?**

*Дубовский Иван Михайлович, Гризанова  
Екатерина Валерьевна, Терещенко Дарья  
Сергеевна, Крыцына Татьяна Игоревна*

Новосибирский государственный аграрный  
университет, Россия, Новосибирск

Бактерии *Bacillus thuringiensis* (BT) широко используют в качестве биологического инсектицида для борьбы с насекомыми-вредителями. Инсектицидная активность BT в первую очередь обусловлена белковыми кристаллическими эндотоксинами (Cry), которые вырабатываются во время спорообразования и активируются в кишечнике насекомого-хозяина. К факторам вирулентности BT также относятся энтеротоксины, гемолизины, фосфолипазы и металлопротеазы, которые продуцируются в вегетативных клетках и могут принимать участие в инфекционном процессе. Важную роль в защите насекомых от бактериальной инфекции BT играют иммунная, детоксицирующая и антиоксидантная системы насекомых. Выявление активности факторов вирулентности BT в средней кишке, а также участия систем защиты

хозяина необходимо для дальнейшего совершенствования биопрепаратов и стратегий их применения. В результате исследований было показано, что совместное действие спор и Cry токсинов приводит к синергетическому эффекту в смертности колорадского жука. Личинки колорадского жука демонстрируют сложные локальные защитные реакции в средней кишке при заражении BT их спорами и/или токсинами Cry. Дополнительные факторы вирулентности, участвующие в патогенезе BT, обнаруженные как в спорах, так и в вегетативных клетках, а также, нарушение регуляции баланса активированных кислородных метаболитов (АКМ) и антиоксидантной системы, по-видимому, являются ключевыми особенностями патофизиологии бактериоза и причинами синергизма между спорами и Cry токсинами бактерий BT. Для усиления вирулентности BT были успешно протестированы три типа модифицированных наночастиц диоксида кремния с добавками эпоксидных, силановых и аминогрупп.

В работе также рассмотрены возможности комбинации различных бактериальных токсинов и спор, некоторых подвидов BT, модифицированных наночастиц диоксида кремния для повышения эффективности биопестицидов на основе бактерий, а также РНК интерференции.

Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда (грант № 22-16-20031) и Правительства Новосибирской области (№ р-4).

Дубовский Иван Михайлович, д.б.н., Заведующий  
Лабораторией Биологической Защиты Растений  
и Биотехнологии,

Новосибирский Государственный Аграрный Университет,  
Новосибирск, Россия

Телефон: +7 (913) 902-99-15

Email: dubovskiy2000@yahoo.com

### **192. РАЗНООБРАЗИЕ, МЕТАБОЛИЗМ И ГЕНОМИКА НИТЧАТЫХ БЕСЦВЕТНЫХ СЕРОБАКТЕРИЙ**

*Маргарита Грабович*

Воронежский государственный университет,  
Россия, 394018, Россия, г. Воронеж,  
Университетская площадь, 1

Идея хемолитотрофии, была впервые сформулирована С.Н. Виноградским на примере нитчатых бесцветных серобактерий, что значительно расширило наши представления о метаболических воз-

возможностях прокариот. Бесцветные серобактерии - это одна из загадочных групп прокариот. Многие из них характеризуются гигантскими размерами (20 - 750 мкм), среди них преобладают некультивируемые формы, откладывают элементарную серу внутри клеток (до 80% от сухого веса), в природных биотопах, как правило, доминируют, образуя мощные видимые невооруженным глазом маты и обрастания.

Обобщены многолетние исследования по изучению генетических основ природного разнообразия, физиологии и таксономии рода *Thiothrix*.

С учетом известных и новых геномных последовательностей была предложена обновленная филогения рода *Thiothrix*.

Получен пангеном рода *Thiothrix*. Основным геном включает гены диссимиляционного метаболизма серы и центральных метаболических путей; вспомогательный геном - гены диссимиляционной нитрат- и тиосульфатредукции, фиксации азота; уникальные гены - гипотетические белки, транспортеры, регуляторы транскрипции, метилтрансферазы, транспозазы и системы токсин-антитоксин.

Впервые показана необходимость и способность большинства представителей рода *Thiothrix* к анаэробному дыханию в присутствии нитратов и тиосульфата, а также наличие у некоторых представителей рода *Thiothrix* полного натриевого цикла с превращением дельта-S в химическую работу (потребителем дельта-S выступает Na<sup>+</sup>-АТРаза). Можно предполагать, что дуалистичность энергетики позволяет этим бактериям в микроаэробных и анаэробных условиях перейти на более экономичный энергорезжим за счет того, что биомембраны имеют меньшую утечку по натрию, чем по протону, и следовательно дольше сохраняют электрохимический градиент ионов Na<sup>+</sup> на мембране в микроаэробных и анаэробных условиях.

Получение чистых культур, структурная и функциональная геномика впервые позволили раскрыть путь реализации генома у представителей рода *Beggiatoa* в области диссимиляционного метаболизма элементарной серы: от генов к определенным белкам и особенностям организма.

Впервые было установлено, что способность накапливать элементарную серу внутри клеток *Beggiatoa* может быть нарушена из-за транспозонов, последовательности которых попадают в кодирующие области генов, ответственных за синтез белков оболочки серных глобул.

Впервые для представителей рода *Beggiatoa* пред-

ложен и доказан путь окисления серы и показана его связь с энергетическим метаболизмом.

На базе геномных данных и их верификации выведена гипотетическая схема серного метаболизма у представителей родов *Thiothrix* и *Beggiatoa*.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (грант № 20-14-00137)

Маргарита Грабович

Телефон: +7 (905) 659-15-25

Email: margarita\_grabov@mail.ru;

office@main.vsu.ru

### 193. ФЕНОТИПИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ И АНАЛИЗ ГЕНОМА НОВОГО ИЗОЛЯТА *CANDIDATUS METHYLOSPIRA MOBILIS*, МЕТАНОТРОФА СО СПИРАЛЬНОЙ ФОРМОЙ КЛЕТОК

Данилова О.В., Сулейманов Р.С., Ошкин И.Ю.,  
Мирошников К.К., Дедыш С.Н.

Институт микробиологии им. С.Н.

Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН,  
Москва

Метанотрофные бактерии – особая группа прокариот, использующих метан в качестве источника углерода и энергии. В числе морфотипов этих бактерий недавно были описаны микроаэробные метанотрофы-спириллы, принадлежащие к таксону *Candidatus Methylospira mobilis*. Несмотря на широкое распространение этих метанотрофов в природных экосистемах, в чистой культуре до сих пор был получен лишь единственный штамм Shm1.

Целью настоящей работы являлось расширение спектра изолятов метанотрофов-спирилл и изучение их характеристик. Для выделения целевых организмов использовали образцы торфа, отобранные из микроаэробной зоны верхового болота Мухринское, Ханты-Мансийский АО. Культивирование проводили на среде NMS (pH 6) в статических условиях, с добавлением в газовую фазу метана (30%) и CO<sub>2</sub> (5%). Через несколько месяцев инкубации в культурах доминировали клетки целевого морфотипа, выделенные в чистую культуру методом предельных разведений. Рост и физиологию изолята исследовали на среде NMS. Секвенирование генома проводили на платформах Illumina Miseq и Oxford Nanopore. Гибридную сборку и аннотацию генома выполняли программами Unicycler, Prokka и GhostKOALA.

Полученный изолят, штамм SpMx, был пред-

ставлен спиральными клетками, формирующими цепочки до 30 мкм длиной. Штамм SpMx рос в диапазоне pH 5.5-7.0 и температур 4–30 °C. Оптимальный рост наблюдался в микроаэробных условиях с удельной скоростью роста 0.02 ч<sup>-1</sup>. В отличие от ранее описанного штамма Shm1, новый изолят не требовал присутствия CO<sub>2</sub> в газовой фазе. Размер генома составил 4.6 млн. п.о. Последовательность гена 16S рРНК штамма SpMx показала 100% сходства с таковым у штамма Shm1, при этом величина ANI геномов SpMx и Shm1 составила 99.5%, что подтверждает их принадлежность к одному виду. В геноме штамма SpMx кодированы мембранная (2 копии кластера *rhoCAB*) и растворимая метанмонооксигеназы (кластер *mmoXYBZDC*), гены метанолдегидрогеназы (MxaFI), а также 2 копии *Xox* оперона, кодирующего альтернативную метанолдегидрогеназу. Работа поддержана грантом РФФ 21-14-00034.

Данилова Ольга Витальевна, научный сотрудник лаборатории молекулярной экологии и филогеномики бактерий ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия

Телефон: +7 (909) 910-81-81

E-mail: vinnigo@gmail.com

#### 194. МЕТАГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА ВКЛЮЧАЮЩЕГО АНАММОКС БАКТЕРИЙ В ПОДЗЕМНЫХ ВОДАХ С ЭКСТРЕМАЛЬНЫМ АЗОТНЫМ ЗАГРЯЗНЕНИЕМ И НИЗКОЙ ТЕМПЕРАТУРОЙ

Сафонов А.В.<sup>2</sup>, Литти Ю.В.<sup>1</sup>, Ельченинов А.Г.<sup>1</sup>,  
Бочкова Е.А.<sup>1</sup>, Черных Н.А.<sup>1</sup>, Меркель А.Ю.<sup>1</sup>,  
Вишнякова А.В.<sup>1</sup>, Попова Н.М.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Федеральный исследовательский центр «Основы биотехнологии» Российской академии наук, пр-т 60 лет Октября, д. 7, корп. 2, 117312 Москва, Россия

<sup>2</sup> Институт физической химии и электрохимии им. Фрумкина РАН, Россия, 119071, Москва, Ленинский проспект, д. 31, стр. 4

Процесс анаэробного окисления аммония (анаммокс) является неотъемлемой частью глобального азотного цикла. На сегодняшний день анаммокс-бактерии относятся к семи родам *Candidatus* и более чем к 25 видам и обнаружены в различных антропогенных и природных местобитаниях, в том числе в слабо и сильно загряз-

ненных азотом водоносных горизонтах. В данной работе с помощью флуоресцентной гибридизации *in situ* и секвенирования гена 16S рРНК впервые обнаружены анаммокс-бактерии в экосистеме подземных вод с экстремальным антропогенным загрязнением азотом (до 360 мг NH<sub>4</sub>/л и 7800 мг NO<sup>3</sup>/л) и низкой температурой (7–8°C) в зоне хранилища урановых шламов Чепецкого механического завода (Удмуртия, Россия). Метагеномный анализ позволил обнаружить четыре различных генома, анаммокс бактерий, включая представителей нового рода, названного *Ca. Frigussubterria*, новый вид представителей *Ca. Kuenenia* и два новых штамма представителей *Ca. Scalindua*. Анализ геномов выявил все основные гены, участвующие в метаболизме анаммокса. Оба штамма *Ca. Scalindua chemerplantii* имел большое количество копий генов, кодирующих белки холодового шока *CspA/B*. Представители *Ca. Kuenenia glazovii* и *Ca. Frigussubterria udmurtii* были многочисленны на более загрязненных азотом участках, в то время как *Ca. Scalindua chemerplantii* обнаружены в пробах с разным уровнем загрязнения. В геномах микроорганизмов обнаружены гены утилизации мочевины и восстановления нерастворимых оксидов Fe(III) или Mn(IV). Высокая относительная численность (19,2-20,3%) нового сообщества анаммокс-бактерий в этом уникальном загрязненном водоносном горизонте создает потенциальный шанс возможности их выделения и использования как для биоремедиации подземных вод, так и очистки холодных сточных вод.

#### 195. НОВЫЕ ДРОЖЖЕВЫЕ МОДЕЛИ ХРОНИЧЕСКИХ ЗАБОЛЕВАНИЙ

Рогов А.Г.<sup>1,2</sup>, Епремян Х.Х.<sup>2</sup>, Голева Т.Н.<sup>1,2</sup>,  
Мустафин Д.А.<sup>1</sup>, Хвастунов В.О.<sup>1</sup>,  
Звягильская Р.А.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Национальный исследовательский центр «Курчатовский институт», Москва

<sup>2</sup> Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук, Москва

По мере изучения механизмов, лежащих в основе системных патологий, таких как рак, нейродегенеративные и многие метаболические заболевания, становится ясным, что все большее их число может быть отнесено к так называемым “митохондриальным” заболеваниям, имеющим в своей основе дисфункцию митохондрий (мутации мито-

хондриальной ДНК, избыточное образование активных форм кислорода, нарушение морфологии и динамики). Поскольку большинство таких заболеваний комплексные, наличие многочисленных симптомов, сложная взаимная регуляция факторов, участвующих в патогенезе, привели к осознанию того, что наиболее конструктивным способом разобраться в внутриклеточных основах их развития является постепенное упрощение моделей.

Дрожжи аэробного типа обмена *Yarrowia lipolytica* являются не только относительно простыми одноклеточными эукариотами, позволяющими исследовать консервативные внутриклеточные процессы, но и, в отличие от пекарских дрожжей, обладают полноценной дыхательной цепью и полностью функциональными митохондриями, что позволяет моделировать в них процессы, связанные с нарушением биоэнергетики. В работе были созданы мутанты дрожжей *Y. lipolytica*, экспрессирующие основные маркеры, связанные с патогенезом болезни Альцгеймера, болезни Паркинсона и гепатоцеллюлярной карциномы на фоне инфекции вирусом гепатита В.

Использование моделей нейродегенеративных и онкологических заболеваний на основе дрожжей аэробного типа обмена и применение методов молекулярной биологии, биохимии, флуоресцентной, электронной микроскопии и проточной цитометрии позволило выявить ключевые факторы, связанные с дисфункцией митохондрий, окислительным стрессом и клеточной гибелью, и предложить перспективные соединения для их ослабления.

Данная работа была поддержана НИЦ «Курчатовский институт» (Тематический план исследований 1п.4.1 «Структурные и функциональные исследования митохондрий, разработка потенциальных терапевтических средств»).

Рогов Антон Геннадьевич, старший научный сотрудник отдела биотехнологий и биоэнергетики Курчатовского комплекса НБИКС-природоподобных технологий, НИЦ «Курчатовский институт», Москва, Россия.

Телефон +7 (965) 132-19-29

E-mail: lloss@rambler.ru

## 196. ПРОБИОТИКИ И МЕТАБИОТИКИ НА МИНЕРАЛЬНЫХ НОСИТЕЛЯХ

Ильинская О.Н., Галеева А.Г., Зеленихин П.В.

Казанский (Приволжский) федеральный университет

Сегодня для введения в организм оральным путем разрабатываются методы капсулирования пробиотических бактерий, их метаболитов и терапевтических белков на основе биodeградируемых полимеров. Пролонгированный выход агентов обеспечивают также минеральные носители – цеолиты, известные своими сорбционными свойствами, которые используются для очистки выбросов предприятий, очистки питьевой воды, устранения радионуклидов. Включение цеолитов в состав препаратов придает последним дополнительные детоксицирующие свойства. Однако производители используют не всегда подходящие технологии изготовления препаратов и практически не учитывают характеристики собственно цеолитов, которых насчитывается около 80 видов.

В настоящей работе методами трансмиссионной микроскопии охарактеризована структура и пористость ряда цеолитов, определена их токсичность в МТТ тесте, целевые свойства пробиотических бактерий, их устойчивость к жидкостям организма и выживаемость при хранении. Установлено, что фибриллярные и тонкоиглольчатые цеолиты небезопасны: эрионит, натролит проявляют токсичность к клеткам эукариот. Наименее опасным оказался клиноптилолит сферической морфологии, система каналов и полостей которого образует «окна» общим объемом 24–32% и позволяет сорбировать разнообразные вещества. Этот минерал мы использовали как носитель молочнокислых бактерий и бактериальной рибонуклеазы с противоопухолевыми свойствами. Среди охарактеризованных лактобацилл выбраны штаммы *Lactobacillus plantarum*, *L. acidophilus*, *L. crispatus* с наибольшей антагонистической активностью по отношению к представителям условно патогенной микробиоты, высоким уровнем кислотообразования и стабильностью в жидкостях желудочно-кишечного тракта. Зарегистрирован протективный эффект цеолитов при инкубации образцов в желудочном соке. Определены оптимальные технологические приемы иммобилизации и лиофилизации, подтверждено сохранение жизнеспособности и пробиотических свойств бактерий в течение 10 месяцев хранения. Сорбирован-

ная на цеолите РНКазы *Bacillus pumilus* сохраняла противоопухолевую активность по отношению к клеткам колоректальной аденокарциномы. Полученные данные свидетельствуют о перспективности разрабатываемых препаратов, сочетающих детоксикацию вредных метаболитов кишечника и пролонгированный выход целевых агентов. Исследование выполнено в рамках Программы «Приоритет - 2030»

Ильинская Ольга Николаевна, проф., заведующий кафедрой микробиологии ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский) федеральный университет», Казань, Россия.  
Телефон: +7 (917) 928-06-59  
E-mail: [Ilinskaya\\_kfu@mail.ru](mailto:Ilinskaya_kfu@mail.ru)

**197. ВЛИЯНИЕ СУБМИКРОННЫХ ЧАСТИЦ ОКСИДОВ МЕТАЛЛОВ, ОБЛАДАЮЩИХ ФОТОКАТАЛИТИЧЕСКОЙ АКТИВНОСТЬЮ, НА ПРОДУКЦИЮ ПЕРОКСИДА ВОДОРОДА И АКТИВНОСТЬ НЕКОТОРЫХ ЭКЗООКСИДОРЕДУКТАЗ ГРИБОВ-БИОДЕСТРУКТОРОВ РАЗЛИЧНЫХ ПРОМЫШЛЕННЫХ МАТЕРИАЛОВ**

*Шишкин А.Ю., Аникина Н.А., Барышков Р.В., Смирнов В.Ф., Смирнова О.Н.*

Нижегородский государственный университет им. Н.И. Лобачевского

Перспективными соединениями для защиты материалов от биодеградации, вызываемой микромицетами, являются оксиды тяжелых металлов. В НИИ Химии ННГУ разработаны фотокаталитически активные сложные оксиды на основе W, Rb и Cs, обладающие противогрибковой активностью, возрастающей на свету в спектре видимого излучения.

В экспериментах использовались вегетативный мицелий грибов *Aspergillus niger* van Tieghen VKMF-1119, *Penicillium chrysogenum* Thom VKM F-245; микрочастицы сложных оксидов  $RbTe_{1.5}W_{0.5}O_6$  и  $CsTeMoO_6$ . Варианты эксперимента: грибы, выращенные на среде Чапека-Докса без введения соединений; грибы на среде с исследуемыми соединениями (концентрация 2 мг/мл) в темноте и на свету; культуральная среда с соединениями без грибов. Источник света – светодиодные прожекторы JAZZWAY PFL-C3 мощностью 50

Вт (плотность потока излучения 524 Вт/м<sup>2</sup>). Время экспозиции - 7 суток. Определялась активность экзокаталазы и экзопероксидазы и содержание пероксида водорода в культуральной жидкости (КЖ). Показано, что *A. niger* и *P. chrysogenum* являются активными продуцентами пероксида водорода. Введение в среду культивирования грибов изучаемых соединений содержание пероксида водорода в КЖ значительно снижалось по сравнению с контролем во всех вариантах эксперимента. Активности экзокаталазы и экзопероксидазы *A. niger* возрастали по сравнению с контролем при добавлении  $CsTeMoO_6$ , причем при действии света больше, чем в темноте. В случае *P. chrysogenum* данный оксид оказывал разнонаправленное действие на исследуемые экзооксидоредуктазы: отмечено полное подавление активности каталазы и значительное увеличение активности экзопероксидазы. Введение  $RbTe_{1.5}W_{0.5}O_6$  в среду культивирования существенно увеличивало активность экзооксидоредуктаз гриба *P. chrysogenum* и в меньшей степени влияло на активность экзооксидоредуктаз *A. niger*.

Обсуждается возможность использования данных соединений в качестве средств защиты материалов, в биодеструкции которых способен принимать участие пероксид водорода.

Смирнов Василий Филиппович, заведующий отделом химико-биологических исследований НИИХ ННГУ им. Н.И. Лобачевского, Нижний Новгород, Россия

Телефон: +7 (951) 917-10-15

E-mail: [biodeg@mail.ru](mailto:biodeg@mail.ru)

**198. МИКРОБИОЛОГИЯ ПИЩЕВЫХ ПРОИЗВОДСТВ В РОССИИ**

*Намсараев З.Б., Тоцаков С.В., Федосов Д.Ю., Патрушев М.В.*

НИЦ «Курчатовский институт»

Россия является одним из крупнейших производителей продуктов питания в мире, в том числе произведенных с использованием микроорганизмов. Продукты микробного происхождения критически важны для хлебопекарной (производство более 9 млн. тонн в год) и молочной (производство кисломолочных продуктов 8.7 млн. тонн, сыров и творога 2 млн. тонн в год) промышленности, пивоварения (821 млн. дал в год), безалкогольных напитков брожения (76 млн. дал в год), вино-

деляя (60 млн. дал в год) и производства других продуктов. Россия является 3-м в мире производителем хлеба, 3-м в мире производителем сыра и 6-м в мире производителем пива. Таким образом, в России существует значительный спрос на продукцию промышленной микробиологии. Нами был проведен комплексный анализ данных государственной статистики по производству, экспорту и импорту ферментных препаратов, дрожжевых и бактериальных заквасок в России, а также состава заквасок с использованием методов высокопроизводительного секвенирования.

Анализ показывает, что наибольшая доля импорта наблюдается в области бактериальных культур, что наиболее критично для молочной промышленности, в частности сыроделия. В сегменте дрожжей объем производства составляет около 400 тысяч тонн в год, тогда как импорт дрожжей составляет до 22 тысяч тонн в год. Тем не менее, необходимо учитывать, что в зависимости от конкретной отрасли доля импортных культур дрожжей может быть гораздо выше. Например, в виноделии доля импортных чистых культур дрожжей составляет 98%. Изучение состава дрожжевых и бактериальных заквасок показывает, что их фактический состав зачастую не соответствует указанному в документации, при этом в них могут присутствовать незаявленные в их составе микроорганизмы. Это требует дополнительных мер предосторожности и проведения микробиологического контроля на предприятиях и контролирующими органами. Намсараев Зоригто Баирович, начальник лаборатории синтетической биологии ККНБИКС-пт, НИЦ «Курчатовский институт», Москва, Россия  
Телефон: +7 (926) 855-16-49  
Email: zorigto@gmail.com

### 199. ОДНОСТАДИЙНАЯ БИОТРАНСФОРМАЦИЯ ФИТОСТЕРИНА В ТЕСТОСТРОН ШТАММАМИ МИКОЛИЦИБАКТЕРИЙ

Текучева Д.Н., Карпов М.В., Фокина В.В.,  
Тимакова Т.И., Шутков А.А., Донова М.В.

ФГБУН Институт биохимии и физиологии  
микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина ФИЦ  
ПНЦБИ РАН

Андрост-4-ен-3-он-17-ол (тестостерон, ТС) - андрогенный стероидный гормон, участвующий в регуляции **роста скелета**, плотности костей и мышечной массы, **обмена микро- и макроэ-**

**лементов, необходимых для синтеза белка.** ТС востребован и широко используется в медицине, а также является предшественником в синтезе других важных стероидных соединений. В настоящее время ТС производят из андрост-4-ен-3,17-диона (АД) химическим путем. Разрабатываются экологически чистые подходы микробиологического получения ТС из природных растительных стероидов, но известные методы малоэффективны (нагрузка субстратов не превышает 1,0 г/л) и не могут быть рекомендованы для практического применения. Настоящая работа нацелена на разработку экономичного, высокоэффективного одностадийного способа получения ТС из фитостерина (ФС) с нагрузкой до 20 г/л с использованием штаммов миколицибактерий, способных к окислительной дегградации алифатической боковой цепи стероидов до важных интермедиатов АД и АДД, и рекомбинантных штаммов, гетерологично ко-экспрессирующих ферменты 17 $\beta$ -гидроксистероиддегидрогеназу (ГСД) и глюкозо-6-фосфат-дегидрогеназу.

#### Ключевые слова:

Тестостерон, миколицибактерии, фитостерин, гетерологичная экспрессия, биотрансформация стероидов, 17 $\beta$ -гидроксистероиддегидрогеназа.

Созданы генетические конструкции, содержащие гены 17 $\beta$ -гидроксистероиддегидрогеназы из гриба *Cochliobolus lunatus* и глюкозо-6-фосфат-дегидрогеназы из *Mycobacterium tuberculosis* в составе бицистронных оперонов под регуляцией конститутивного либо индуцибельного промоторов. Генетические конструкции введены в лабораторные штаммы *Mycolicibacterium neoaurum* ВКМ Ас-1815D и 1816D и мутантные штаммы *M. smegmatis* mc<sup>2</sup>155, *M. neoaurum* NRRL В-3805 с делециями в одном или двух генах стероидного метаболизма, предотвращающих деструкцию стероидного ядра. Полученные пять рекомбинантных штаммов наряду с исходными лабораторными штаммами *M. neoaurum* использованы для получения ТС. Штаммы способны к образованию ТС в качестве основного продукта из фитостерина. Найден состав среды, обеспечивающий активный рост миколицибактерий и дисперсное распределение гидрофобного ФС в объеме. Интенсивная аэрация способствует активному росту миколицибактерий и окислению боковой цепи с образованием 17-кетоандростанов – АД или андростадиендиона (АДД). Слабая аэрация способствует НАДН-зависимому восстановлению кето-группы при атоме C<sub>17</sub> стероидного



ядра при участии ГСД. Показано, что конститутивная ко-экспрессия гетерологичных генов способствует увеличению выхода тестостерона в среднем на 30 %. Выявлены условия, обеспечивающие эффективное накопление ТС при высоких нагрузках фитостерина (до 20 г/л). Результаты могут быть использованы в качестве основы биотехнологии производства важнейшего гормона – тестостерона из растительных стероидов.

Работа поддержана Российским научным фондом (грант 21-64-0024).

Текучева Дарья Николаевна, старший научный ИБФМ ФИЦ ПНЦБИ РАН, г. Пушкино, Россия  
Телефон: +7 (905) 566-03-22  
E-mail: tekuchevadn@gmail.com

## 200. МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОНТРОЛЬ НАЛИЧИЯ ЭНДОФИТНЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ В КУЛЬТИВИРУЕМЫХ *IN VITRO* КЛЕТКАХ ВЫСШИХ РАСТЕНИЙ

Майборода А. Д., Глаголева Е. С., Носов А. М.,  
Лобакова Е. С.

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова

При введении растений в культуру клеток в процессе стерилизации происходит избавление от большинства сопутствующих микроорганизмов, но в ряде случаев эндофитные микроорганизмы, характерные для интактного растения, могут продолжать сосуществование с клетками растения и в условиях *in vitro*. Исследований ассоциаций бактерий с клетками растений в культурах *in vitro* все еще достаточно мало. В коллекции культур клеток высших растений ИФР РАН подобные исследования ранее не проводились. В настоящей работе при помощи ДНК-метабаркодинга по варибельному участку V4 гена 16S rRNA (MiSeq Illumina) был проведен анализ наличия и таксономического состава микроорганизмов в культурах клеток коллекционных штаммов растений *Panax ginseng*, *Panax japonicus* var. *repens*, *Taxus baccata* (T.b.), *Taxus wallichiana* (T.w.). В культурах клеток женьшеней бактериальной контаминации не было обнаружено. В биомассе культуры клеток T.b. были идентифицированы ОТЕ, соответствующие родам бактерий *Paenibacillus* и *Stenotrophomonas*. В культуре клеток T.w. обнаружены ОТЕ представителей 11 родов бакте-

рий, среди которых доминируют бактерии родов *Rhodococcus* и *Cutibacterium*. Многие виды бактерий из обнаруженных родов встречаются в ризо- и филлосфере различных видов растений, в том числе растений тиса, и относятся к группе PGPR-бактерий (plant growth promoting bacteria). Следует отметить, что в культуральной жидкости ОТЕ бактерий не было обнаружено. Полученные результаты дают основание предполагать, что наличие микроорганизмов в культуре клеток связано с их первичным присутствием в экспланте, из которого была получена культура, а не со вторичной контаминацией.

Глаголева Елена Сергеевна, научный сотрудник кафедры физиологии растений биологического факультета МГУ имени М.В.Ломоносова, Москва, Россия  
Телефон: +7 (925) 717-81-98  
E-mail: glagoleva.elena@gmail.com

## 201. ГЛИКОПОЛИМЕРЫ КЛЕТОЧНОЙ СТЕНКИ В ТАКСОНОМИИ АКТИНОБАКТЕРИЙ РОДА *RATHAYIBACTER*

Потехина Н.В.<sup>1</sup>, Тульская Е.М.<sup>1</sup>, Шапков А.С.<sup>2</sup>,  
Оспенников Ю.В.<sup>3</sup>, Евтушенко Л.И.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова

<sup>2</sup>Институт органической химии им. Н.Д. Зелинского РАН

<sup>3</sup>Всероссийская коллекция микроорганизмов, ФИЦ Пушкинский научный центр биологических исследований РАН

Род *Rathayibacter* входит в состав семейства *Microbacteriaceae*, включающего более 60 родов актинобактерий, среди них известные фитопатогены и ассоцианты растений. Для большинства членов семейства определен состав сахаров клеточной стенки (важный диагностический признак родов и видов). Однако структура гликополимеров, в состав которых входят диагностические сахара, описаны лишь для представителей нескольких родов, включая *Rathayibacter*. Известные виды *Rathayibacter* – фитопатогены и эндофиты травянистых растений, преимущественно злаковых. Ряд видов этого рода переносятся на растения фитонематодами.

В фокусе настоящего сообщения – сравнительный анализ и оценка таксономической значимости гликополимеров для организмов рода *Rathayibacter*.

Штаммы бактерий получены из Всероссийской коллекции микроорганизмов. Культуры выращивали на пептонно-дрожжевой среде, клеточные стенки получали из разрушенных ультразвуком клеток, гликополимеры экстрагировали трихлоруксусной кислотой и исследовали химическими и ЯМР-спектроскопическими методами.

Представители разных видов характеризовались индивидуальным набором гликополимеров и имели разные по структуре теихуроновые кислоты в сочетании с различными рамнанами, рамноманнами и глюкоманнаном. При этом все организмы рода содержали теихуроновую кислоту (за исключением *R. toxicus* и «*R. tanacetii*») и рамноманнан (рамноманнаны) или рамнан. Характерным признаком рода является также наличие в рамноманнах/рамнаннах рамнозы в D-конфигурации. Все идентифицированные у *Rathayibacter* гликополимеры описаны впервые у прокариот.

Таким образом, выявлены общие для рода *Rathayibacter* и характерные для видов особенности состава и структуры гликополимеров, что позволяет использовать их в качестве хемотаксономических признаков рода и видов. Результаты исследований показали перспективность дальнейшего изучения гликополимеров у известных и пока не описанных видов рода как в плане структурного разнообразия, так и в таксономическом и экологическом аспектах.

Потехина Наталья Викторовна, ведущий научный сотрудник каф. микробиологии биологического ф-та МГУ, Россия

Телефон: +7 (963) 921-26-07

E-mail: potekhina56@mail.ru

## **202. ХАРАКТЕРИСТИКА СИСТЕМЫ РЕСТРИКЦИИ-МОДИФИКАЦИИ СБА ТЕРМОФИЛЬНОЙ БАКТЕРИИ TERPIDIFORMA BONCHOSMOLOVSKAYAЕ 3753O**

Холдина А.М.<sup>1,2</sup>, Заюлина К.С.<sup>1</sup>, Ельченинов А.Г.<sup>1</sup>,  
Кочеткова Т.В.<sup>1</sup>, Кубланов И.В.<sup>1</sup>, Фролов Е.Н.<sup>1</sup>,  
Клюкина А.А.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН, Москва, Россия

<sup>2</sup> Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, биологический факультет, Москва, Россия

Проблема отсутствия генетического инструментария у большинства микроорганизмов является важной как для метаболической инженерии, так и для фундаментальных биологических исследований. При разработке такового для новых модельных микроорганизмов одним из важных этапов является преодоление рестрикционного барьера, обусловленного функционированием систем рестрикции-модификации (РМ), которые деградируют чужеродную ДНК, метилированную иначе, чем ДНК организма-хозяина. Механизм действия систем РМ и оценка степени рестрикционной активности штамма являются важными параметрами для выбора стратегии преодоления этого барьера. В рамках работы по разработке генетических инструментов на основе термофильной бактерии *Terpidiforma bonchosmolovskayae* 3753O был проведен анализ потенциала системы РМ этого микроорганизма. С помощью базы данных REBASE в геноме *T. bonchosmolovskayae* 3753O был идентифицирован ген, кодирующий единственную систему РМ – эндонуклеазу/метилазу Сба. Ген, кодирующий Сба, и его фрагмент, кодирующий только эндонуклеазный домен (Сба-Res), были клонированы в экспрессионный вектор pLATE51, трансформированный в *E. coli* BL21DE3. Рекомбинантные белки Сба и Сба-Res были получены и очищены с помощью Ni-аффинной хроматографии. Для них были определены оптимальные параметры рестрикционной активности - концентрация, соответствующая 1 Ед активности, t, pH. При оптимальных условиях в присутствии Сба и Сба-Res наблюдался гидролиз метилированной и неметилированной ДНК фага λ, а также плазмидной ДНК с образованием шмера в течение первого часа инкубации. Анализ показал, что Сба и Сба-Res обладают активностью частощепящих эндонуклеаз рестрикции.

Полученные результаты характеризуют систему рестрикции-модификации Сба как препятствующую эффективной трансформации *T. bonchosmolovskayae* 3753O. В настоящее время проводится работа по получению мутантов с deletированным геном, кодирующим Сба, и фрагментом гена, кодирующим эндонуклеазный домен Сба.

Работа поддержана Министерством науки и высшего образования РФ (соглашение 075-15-2021-1396).

Холдина Анна Мансуровна, студент лаборатории метаболизма экстремофильных прокариот, ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии РАН», Москва, Россия  
Телефон: +7 (963) 651 21 07  
Email: annahold@yandex.ru

### **203. РОЛЬ НЕОРГАНИЧЕСКИХ ПОЛИФОСФАТОВ В СТРЕССОВОЙ АДАПТАЦИИ У ДРОЖЖЕЙ**

*Кулаковская Т.В.*

ФИЦ «Пушкинский научный центр биологических исследований Российской академии наук», Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН

Неорганические полифосфаты, линейные полимеры, содержащие от нескольких до сотен фосфатных остатков, связанных энергетически богатыми фосфоангидридными связями, являются необходимым компонентом клеток дрожжей, которые обладают специальными пулами полифосфатов в различных компартментах, в том числе в ядрах, вакуолях, митохондриях и клеточной стенке. Современные представления о роли этих полимеров и ферментов их метаболизма включают концепцию вовлечения их в различные адаптационные процессы, в том числе не связанные напрямую с фосфорным обменом. Неорганические полифосфаты участвуют в процессах, обеспечивающих переход клеток дрожжей к потреблению метанола или углеводов, а также в преодолении различных видов стресса, в том числе перекисного и щелочного, и стресса, вызванного ионами тяжелых металлов. Эта роль обусловлена как способностью этих отрицательно заряженных биополимеров образовывать комплексы с ионами металлов, белками и нуклеиновыми кислотами при посредстве ионов кальция или магния, так и тем, что большинство ферментов, участвующих в катаболизме полифосфатов, способно гидролизовать еще и различные вторичные сигнальные соединения и нуклеотидфосфаты. Так, полифосфатазы Ppx1 и Ppn1 гидролизуют гуанозинтетрафосфат, Ddp1 - фосфоинозитол пирофосфаты, а Ppn1 гидролизует dATP. Система метаболизма полифосфатов у дрожжей, кроме указанных полифосфатаз, включает неспецифические фосфатазы и Vst комплекс, ответственный за биосинтез полифосфатов. Нокаут-мутации по генам, кодирующим эти белки, оказывали существенное, но неодинаково-

е воздействие на количество и длину цепи полифосфатов в разных органеллах и компартментах дрожжевой клетки, а также на устойчивость к стрессовым факторам. Значительные изменения в устойчивости к стрессам наблюдали также в клетках штаммов, сверхэкспрессирующих полифосфатазы. Полученные данные свидетельствуют в пользу представления о множественности путей вовлечения полифосфатов и ферментов их метаболизма в адаптационные процессы у дрожжей.

Кулаковская Татьяна Валентиновна, ведущий научный сотрудник, ФИЦ «Пушкинский научный центр биологических исследований Российской академии наук», Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, Пушкино, Россия.

Телефон: + 7 (495) 956-33-70

E-mail: alla@ibpm.ru

### **204. БАКТЕРИОФАГИ КАК АНТИБАКТЕРИАЛЬНЫЕ АГЕНТЫ В ПИЩЕВОЙ ПРОМЫШЛЕННОСТИ**

*Скорынина А.В.<sup>1</sup>, Казанцева О.А.<sup>1</sup>, Пилиgrimova Э.Г.<sup>1</sup>, Рябова Н. А.<sup>1,2</sup>, Шадрин А.М.<sup>1</sup>*

Лаборатория биологии вирусов бактерий, Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г. К. Скрыбина, ФИЦ Пушкинский научный центр биологических исследований РАН, Пушкино  
ФГБУН Институт белка РАН, Пушкино

Бактериофаги одобрены Food and Drug Administration, для прямого использования как средство деконтаминации пищевых продуктов с 2006 года и активно используются за рубежом. Первые средства сдерживания роста бактерий на основе фагов, были направлены против наиболее распространённых и опасных пищевых патогенов, таких как *E.Coli*, *Listeria*, *Salmonella*. Эффективность таких средств привела к открытию целого направления их использования в цепочке производства от фермы до готового продукта. В свете этой тенденции возникает интерес изучать не только фаги значимых патогенных бактерий, но также и технически-значимые, которые влияют на качество, органолептические свойства и увеличивают сроки хранения продуктов.

Бактерии группы *Bacillus cereus* (*B. cereus sensu lato*, или *s.l.*) продуцируют ряд токсинов и факторов патогенности, за счёт чего способны вызывать

пищевые отравления, а также порчу пищевых продуктов, связанную с наличием термостабильных протеолитических и липолитических ферментов. В частности, *B. cereus s.l.* часто встречается в молоке и молочных продуктах.

Нами был выделен бациллярный бактериофаг *Kirovirus kirovense* Kirov, заражающий представителей группы *B. cereus* и относящийся к семейству *Caudoviricetes*. В качестве штамма для размножения использовали *B. tropicus* ATCC 4342. Анализ спектра чувствительных штаммов показал, что бактериофаг Kirov способен заражать 12 из 37 штаммов *B. cereus s.l.*, при этом 5 штаммов других видов *Bacillus*, не входящих в группу *B. cereus*, были устойчивы к фаговой инфекции. Фаг проявляет стабильность в течение часа культивирования при температурах до 40°C и при значениях pH от 5 до 10.

При внесении в коровье молоко в концентрации 10<sup>4</sup> БОЕ/мл, фаг Kirov снижает содержание *B. cereus s.l.* в нём с 10<sup>5</sup> до менее 10<sup>2</sup> КОЕ/мл, что показано с помощью микробиологических посевов и исследования активности бактериальных клеток в молоке с применением резазурина.

Таким образом, фаг Kirov может рассматриваться как потенциальный кандидат для создания препаратов фаговых коктейлей для молочной промышленности.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РНФ в рамках научного проекта № 22-15-00385.

Скорынина Анна Валерьевна, младший научный сотрудник Лаборатории биологии вирусов бактерий Института биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г. К. Скрыбина, ФИЦ Пущинский научный центр биологических исследований РАН.

Россия, г.Пущино, пр-т Науки, д.5.

Телефон: +7 (953) 967-44-37

E-mail: s\_an.net@mail.ru

## 205. КЛЕТОЧНЫЕ КУЛЬТУРЫ РАСТЕНИЙ КАК ОСНОВА ДЛЯ РАЗРАБОТКИ ЛЕКАРСТВЕННЫХ СРЕДСТВ

Чурин А.А.<sup>1,2</sup>, Филонова М.В.<sup>1,2</sup>, Дорофеев В.Ю.<sup>1</sup>,  
Медведева Ю.В.<sup>1</sup>, Неупокоева О.В.<sup>2</sup>,  
Федорова Е.П.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Национальный исследовательский Томский государственный университет, Россия, Томск.

<sup>2</sup> Научно-исследовательский институт фармакологии и регенеративной медицины имени Е.Д. Гольдберга, Томский НИМЦ РАН, Россия, Томск.

Одним из актуальных трендов современной биотехнологии является разработка способов и получение веществ вторичного метаболизма с применением культур растений и микроорганизмов, представляющих интерес для медицинского применения.

На кафедре физиологии растений и биотехнологии ТГУ под руководством проф. Р.А. Карначук и в сотрудничестве с ИФР РАН (в.н.с. Кузовкина И.Н., г. Москва) *Scutellaria baicalensis* Georgi был введён в культуру трансформированных корней с применением агробактерии *A. rhizogenes*, изучен уровень флавоноидов в сравнении с культурой клеток *in vitro* и интродуцированным растением [Гусева А.В., 2000; Окладникова Н.Н., 2007].

На основе культуры трансформированных корней шлемника был получен экстракт и проведен комплекс исследований. Показано, что средство обладает широким спектром фармакологической активности [Федорова Е.П., 2011, Дыгай А.М., и др., 2012]. Было установлено, что экстракт шлемника предупреждает генотоксические эффекты противоопухолевых средств [Неупокоева О.В., и др., 2013]. Также были изучены экстракты из клеточных суспензионных культур княжика сибирского (*Atragene speciosa* Weinm.) и болиголова пятнистого (*Conium maculatum* L.), полученных на кафедре. Для каждого из них была показана высокая эффективность в сравнительных фармакологических исследованиях.

Таким образом, на основании результатов проведенных исследований можно утверждать, что экстракты из клеточных культур изученных растений обладают выраженной фармакологической активностью и могут выступать в качестве кандидатов в лекарственные средства.

Работа выполнена при финансовой поддержке

Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019-2027 годы (Соглашение № 075-15-2021-1401 от 03 ноября 2021 года).

Чурин Алексей Александрович, профессор кафедры физиологии растений, биотехнологии и биоинформатики НИ ТГУ, зав. отделом лекарственной токсикологии НИИФиРМ им. Е.Д.Гольдберга ТНИМЦ, г. Томск, Россия.  
E-mail: churin\_aa@pharmso.ru

## 206. ХАРАКТЕРИСТИКА ПРОКАРИОТНОГО СООБЩЕСТВА ЧЕРНОЗЕМА ЗАГРЯЗНЕННОГО НЕФТЬЮ ПОД ВЛИЯНИЕМ ХЛОРИД- И НИТРАТСОДЕРЖАЩИХ СОЛЕЙ

А.П. Власова

Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова

На микробиологическую активность в почве и способность почвы к самоочищению может влиять, большое количество экологических факторов, в том числе и минеральные соли, вносимые в почву в качестве удобрений.

Целью данной работы являлась оценка влияния хлорид и нитрат содержащих солей на структуру прокариотного комплекса чернозема, загрязненного нефтью.

Объекты и методы: Объектами исследования были образцы почв чернозема обыкновенного, на котором проводились модельный опыт по внесению сырой нефти (5г на 100г почвы, нефть Азово-Кубанского нефтегазоносного бассейна, 0.835 г/см<sup>3</sup>) и минеральных удобрений: нитрата аммония, хлорида калия и карбоната кальция: NH<sub>4</sub>NO<sub>3</sub> (202 мг/100г почвы) KCl (149 мг/100г почвы), CaCO<sub>3</sub> (200мг/100г почвы)

### Методы:

Метод FISH, real time PCR, высокопроизводительное секвенирование.

### Результаты исследования:

При помощи методов FISH и PCR in real time нами было установлено снижение микробного разнообразия и смена метаболически активных доминантов – представителей домена Bacteria – в микрочастицах чернозема, загрязненных нефтью

по сравнению с контрольными образцами в процессе микробной сукцессии. Со внесением нефти увеличивается относительное отношение представителей *Actinobacteria* и *Proteobacteria*.

Совместное внесение в загрязненный нефтью черноземом нитрат и хлорид анионов приводит к возрастанию более чем в 2 раза копий генов 16S, а также функциональных генов AlkB и AlkM. В вариантах с применением карбоната кальция было показано уменьшение количества копий генов 16S и функциональных генов по сравнению с другими нефтезагрязненными образцами.

По данным высокопроизводительного секвенирования опытных образцов выявлено формирование специфического комплекса бактерий, в котором преобладали представители *Actinobacteria* и *Alphaproteobacteria* спустя 6 месяцев после внесения нефти и солей, спустя 12 месяцев большую часть прокариотного комплекса занимают *Gammaproteobacteria* и *Alphaproteobacteria*

Власова Анастасия Павловна, аспирант факультета почвоведения Московского государственного университета имени М.В. Ломоносова (МГУ), Москва, Россия.

Телефон: +7 (909) 161-26-33

E-mail: anastasya.nast-vlasova@yandex.ru

## 207. ИДЕНТИФИКАЦИЯ ПЕРЕНОСА ЭЛЕКТРОНОВ В СИСТЕМЕ ФЕРРЕДОКСИНОВ И ФЕРРЕДОКСИНРЕДУКТАЗ MYCOLICIBACTERIUM SMEGMATIS Эпиктетов Д.О., Карпов М.В., Донова М.В.

ФИЦ «Пушинский научный центр биологических исследований Российской академии наук» (Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН)

Окисление стероидных соединений актинобактериями имеет фундаментальный интерес и несет практическую значимость. Благодаря обширным данным о геномике и протеомике актинобактериальный штамм *Mycolicibacterium smegmatis* mc<sup>2</sup>155 представляется удобным объектом при изучении катаболизма стероидов и может быть использован в стероидной биотехнологии. *M. smegmatis* характеризуются наличием набора стероидных гидроксилаз – монооксигеназ семейства цитохромов P450. Цитохромы P450 бактериального типа функционируют в составе трехкомпонентных фер-

## 208. ОПЫТ ФИТОМОНИТОРИНГА МИКОЗОВ КОЛЛЕКЦИОННЫХ ДЕКОРАТИВНЫХ И ЛЕКАРСТВЕННЫХ РАСТЕНИЙ

Серая Л.Г., Ларина Г.Е.

ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт фитопатологии

**Для получения непрерывной и комплексной информации о характеристиках растений, параметрах окружающей среды, изменений во времени различных процессов жизнедеятельности компонентов экосистем необходим непрерывный фитомониторинг.** Во ВНИИ фитопатологии в 1958 году был заложен дендрарий из редких дикорастущих растений из разных природных зон. В 2016 году на его базе была создана коллекция декоративных и лекарственных растений (КДЛР) в качестве базы для выполнения государственных заданий и проведения фундаментальных, поисковых и прикладных научных исследований в области патологии декоративных, лекарственных и садовых культур. В период 2016-2022 гг. проводили фитомониторинг коллекционных посадок растений в условиях южно-таежной зоны (дерново-подзолистые почвы) в следующих точках: КДЛР (ВНИИ фитопатологии, Московская область) и в городской среде (г. Москва) ГБС им. Н.В. Цицина РАН и ВИЛАР.

Цель работы – изучение микозов и фунгистазиса почвы в коллекционных посадках декоративных и лекарственных растений.

Ежегодно было обследовано свыше 165 видов растений. Систематизированы основные симптомы болезней в коллекционных посадках: краевой некроз, хлороз, некротические пятна, антоциановая окраска, деформация листьев, листовые пятнистости. Выделены устойчивые к микозам растения, принятые за условно здоровые без видимых поражений болезнями (семейства): в сезон весна-лета Айрные, Актинидиевые, Амариллисовые, Валериановые, Вербеновые, Гвоздичные, Горечавковые, Датисковые, Ирисовые, Капустные, Кутровые, Лаконосовые, Лимонниковые, Лоховые, Льновые, Мальвовые, Мареновые, Молочайные, Пасленовые, Пионовые, Рутовые, Сельдерейные, Синюховые, Спаржевые, Хвощовые, Хвощовые, Щитовниковые, Эвкомиевые; сезон осень Амариллисовые, Бурачниковые, Вербеновые, Гвоздичные, Сельдерейные, Спаржевые, Толстянковые, Хвощовые.

ментных систем совместно с окислительно-восстановительными партнерами: железо-серным белком ферредоксином и NAD(P)H-зависимой ферредоксинредуктазой, которые осуществляют перенос необходимых для реакции гидроксилирования электронов от восстановительных эквивалентов. На сегодняшний момент белки участвующие в транспорте электронов к цитохромам P450 в клетках *M. smegmatis* не изучены.

Целью исследования было выявление потенциальных P450-редокс-партнеров бактерий *M. smegmatis* mc<sup>2</sup>155.

Были клонированы гены двух ферредоксинов: FdxD (*MSMEG\_5904*) и FdxE (*MSMEG\_2559*) – и двух ферредоксинредуктаз: NADH-зависимой FdrA (*MSMEG\_1416*) и NADPH-зависимой FprA (*MSMEG\_2085*). Препараты целевых белков были получены гетерологической экспрессией в клетках *E.coli* с последующей очисткой методом аффинной хроматографии.

Функцию переноса электронов определяли *in vitro* по способности белков осуществлять восстановление цитохрома *c* в четырех системах транспортеров: FdrA-FdxD, FdrA-FdxE, FprA-FdxD и FprA-FdxE. Восстановление цитохрома *c* детектировали по изменению оптического поглощения при длине волны 550 нм. В каждом случае выявлено стабильное изменение окраски цитохрома *c*. Результаты позволяют утверждать, что рекомбинантные белки сохраняют активность и могут выступать в качестве редокс-партнеров. Полученные данные важны при изучении механизмов бактериального катаболизма стероидов.

Работа поддержана Российским Научным Фондом (проект РНФ 21-64-00024)

Эпиктетов Дмитрий Олегович, младший научный сотрудник лаборатории микробной энзимологии, ФИЦ «Пушкинский научный центр биологических исследований Российской академии наук» (Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН), Пушкино, Россия.

Телефон: +7 (925) 264-76-08

E-mail: epiktetoff@gmail.com

**Системный анализ микологических данных продемонстрировал различия в биоразнообразии грибного комплекса в разных точках наблюдений:**

- КДЛР (ВНИИ фитопатологии, Московская область) *Acremonium* sp., *Alternaria* sp., *Ascochyta* sp., *Aspergillus* sp., *Bipolaris* sp., *Bisifusarium dimerum*, *Botrytis cinerea*, *Chaetomium globosum*, *Cladosporium* sp., *Clonostachys* sp., *Colletotrichum* sp., *Cylindrocarpon destructans*, *Dinemasporium* sp., *Fusarium chlamydosporium*, *Fusarium solani*, *Fusarium* sp., *Marssonina* sp., *Oidium* sp., *Pestalotia* sp., *Phoma* sp., *Phomopsis* sp., *Phomopsis obscurans*, *Phytophthora* sp., *Pythium* sp., *Ramularia* sp., *Rhizoctonia* sp., *Rhizopus* sp., *Sphaerotheca morsuvae*;

- ГБС им. Н.В. Цицина РАН *Alternaria* spp., *Chaetomium* spp., *Fusarium avenaceum*, *Fusarium solani*, *Fusarium* spp., *Heterosporium iridis*, *Phoma* spp., *Stemphylium* spp., *Verticillium* sp.;

- ВИЛАР (г. Москва) *Alternaria* spp., *Botrytis* spp., *Cladosporium* spp., *Fusarium avenaceum*, *Fusarium* spp., *Peronospora* spp., *Phoma* spp., *Pullularia* spp., *Septoria* spp.

**Признак сезонности характерен и для микромицетов, в том числе фитопатогенных грибов, так весной и летом максимально представлены (обилие в микроценозе выше 10%) – *Actinomyces* sp., *Botrytis* spp., *Arthrobotrys* sp., *Aspergillum* sp., *Clonostachys* sp., *Pythium* sp., *Fusarium* sp.; осенью – *Verticillium* sp., *Phoma* spp., *Aspergillum* sp., *Trichoderma* sp., *Clonostachys* sp., *Fusarium* sp.**

**Итак, многолетний фитомониторинг коллекционных декоративных и лекарственных растений показал, что поражение болезнями у разных видов составляет до 34% ( $p < 0.05$ ) от всей выборки. В качестве устойчивых к микозам (корневые гнили, листовые пятнистости) с учетом фунгистазиса почвы выделены представители из семейств астровые и яснотковые.**

Серая Лидия Георгиевна, кандидат биологических наук, заведующий отделом патологии декоративных и садовых культур ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт фитопатологии ул. Институт, владение 5, р.п. Большие Вяземы, Одинцовский район, Московская область, 143050, Российская Федерация  
Телефон: +7 (916) 125-46-38  
E-mail: lgseraya@gmail.com

Ларина Галина Евгеньевна, профессор, доктор биологических наук, руководитель лаборатории экспериментальных методов исследований ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт фитопатологии, ул. Институт, владение 5, р.п. Большие Вяземы, Одинцовский район, Московская область, 143050, Российская Федерация  
Телефон: +7 (903) 152-73-04  
E-mail: larina.galina2014@gmail.com

## **209. ИЗУЧЕНИЕ МЕТАБОЛИЗМА МЕТАНОТРОФНЫХ БАКТЕРИЙ НА ОСНОВЕ АНАЛИЗА ОМИКСНЫХ ДАННЫХ И ПОТОКОВОГО МОДЕЛИРОВАНИЯ**

Акбердин Илья Ринатович<sup>1,2,3</sup>, Куляшов М.А.<sup>1,2,3</sup>, Колмыков С.К.<sup>1,3</sup>, Гамильтон Р.<sup>4</sup>, Хлебодарова Т. М.<sup>1,5</sup>, Калюжная М. Г.<sup>4</sup>

<sup>1</sup> «Научно-технологический университет «Сириус», Сириус, Россия

<sup>2</sup> Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия

<sup>3</sup> ООО «Биософт.РУ», Новосибирск, Россия

<sup>4</sup> San Diego State University, San Diego, USA

<sup>5</sup> ФИЦ ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия

### **Введение:**

Аэробные метанокисляющие бактерии или метанотрофы обладают уникальным свойством: использовать для роста метан в качестве единственного источника углерода и энергии. Среди них, галоалколофильных аэробных метанотрофов выделяют, как наиболее перспективные микробные «фабрики» в промышленных исследованиях в качестве новых источников ферментов и белковых продуктов, устойчивых к повышенным содержаниям солей и уровням pH, и естественных продуцентов аминокислот, сахаров и осмопротекторов. Однако биотехнологическое применение этих организмов ограничено крайне низким уровнем знаний о молекулярно-генетических механизмах регуляции их метаболизма, без которых сложно планировать эксперименты по конструированию штаммов-продуцентов целевых продуктов на основе метанотрофных бактерий для их использования в промышленных целях.

### **Ключевые слова:**

Метанотрофы, транскриптомика, транскрипционные факторы (ТФ), потоковое моделирование, *Methylobacterium alcaliphilum 20Z<sup>R</sup>* (*20Z<sup>R</sup>*)

### **Материалы и методы:**

В рамках выполнения данного проекта проводится детальное теоретическое исследование молекулярных механизмов регуляции экспрессии генов у бактерии 20Z<sup>R</sup> на основе интеграции методов биоинформатики и системной биологии при анализе оригинальных и опубликованных экспериментальных данных. Подробности о материалах и методах представлены в тезисах этого сборника: Куляшова М.А. и др., Колмыкова С.К. и др., 2023.

### **Результаты и заключение:**

При анализе оригинальных транскриптомных данных (более 70-ти наборов) и транскриптомных наборов для близкородственных видов метанотрофов были выявлены регуляторные взаимодействия ТФ с их генами-мишенями, кодирующих ферменты центрального метаболизма, что служит базисом для реконструкции глобальной сети транскрипционной регуляции у данного метанотрофного микроорганизма. Все полученные данные интегрированы в оригинальную потоковую метаболическую модель. Расширенная версия потоковой модели позволила еще более точно предсказывать скорость роста метанотрофа, его метаболические возможности в качестве продуцента целевых биотехнологических продуктов (метаболитов и рекомбинантных белков) в зависимости не только от условий культивирования, но и при экспериментах с изменением уровня экспрессии ТФ.

### **Благодарность**

Финансирование проекта осуществляется при поддержке гранта РФФ №23-24-00606.

Акбердин Илья Ринатович, старший научный сотрудник направления «Вычислительная биология» АНО ВО «Университет Сириус», Сириус, Россия. Телефон: +7 (913) 890-81-84  
E-mail: akberdin.ir@talantiuspeh.ru

## **210. ЗНАЧИМЫЕ ПОКАЗАТЕЛИ КИШЕЧНОГО МИКРОБИОМА У ЖЕНЩИН РЕПРОДУКТИВНОГО ВОЗРАСТА ПРИ СИНДРОМЕ ПОЛИКИСТОЗА ЯИЧНИКОВ**

*Белькова Наталья Леонидовна, Сутурина Л.В.,  
Клименко Е.С., Немченко У.М., Игумнов И.А.,  
Тюменцева Д., Лазарева Л.М., Данусевич И.Н.,  
Наделяева Я.Г., Шолохов Л.Ф., Рашидова М.А.,  
Аталян А.В.*

ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи  
и репродукции человека»

Активные исследования кишечного микробиома позволили сформулировать гипотезу о дисбиозе кишечника (DOGMA, dysbiosis of gut microbiota), приводящем к хроническому воспалению, резистентности к инсулину, гиперсекреции андрогенов, которые связаны с синдромом поликистоза яичников (СПКЯ). Развивая эту гипотезу, целью настоящего исследования стал изучение ассоциативных связей микробиоты кишечника с различными патологическими состояниями и показателями пациенток с СПКЯ.

Для характеристики микробиоты кишечника при синдроме поликистоза яичников были привлечены участницы (n=184) многоцентрового, перекрестного исследования эпидемиологии и фенотипа СПКЯ Восточной Сибири (ESPEP), проведенного в Иркутской области и Республике Бурятия в 2016-2019 гг. Оценка индексов альфа-разнообразия (ASV, Shannon, Simpson, Chao1 и ACE) микробиоты кишечника в двух группах (СПКЯ и не СПКЯ) и четырех подгруппах женщин (контроль, «серая зона», СПКЯ фенотипы А, В, С и СПКЯ фенотип D) показала, что «классические» гиперандрогенные фенотипы СПКЯ продемонстрировали наиболее значительное снижение альфа-разнообразия, оцениваемого по пяти показателям, по сравнению со здоровыми женщинами без признаков СПКЯ. Анализ таксономического разнообразия выявил семь крупных таксонов Bacteroidota, Bacillota, Pseudomonadota, Actinobacteriota, Fusobacteriota, Verrucomicrobiota, а также Cyanobacteriota/Melainabacteria group, доля которых в кишечной микробиоте пациенток составила от 97,7 до 100%. Поиск ассоциативных связей между наличием бактериальных таксонов и параметрами метаболического синдрома выявил положительные корреляционные связи между значениями липопротеидов высокой плотности и представленностью



бактерий рода *Paraprevotella* у женщин с фенотипами СПКЯ А, В и С, а также некультивируемых представителей порядка Oscillospirales (*Bacillota*, *Clostridia*) у женщин с фенотипами СПКЯ D.

Работа выполнена в рамках поисковой технологии №1022040800022-7-3.2.2;3.2.24.

Белькова Наталья Леонидовна, ведущий научный сотрудник, руководитель лаборатории микробиома и микрoэкологии ФГБНУ НЦ ПЗСРЧ, Иркутск, Россия

Телефон: +7 (902) 560-12-40

E-mail: nlbelkova@gmail.com

## **211. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ СИНТЕТИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА ИРКУТСКОГО ИНСТИТУТА ХИМИИ ДЛЯ СОЗДАНИЯ НОВЫХ ПЕРСПЕКТИВНЫХ АНТИМИКРОБНЫХ АГЕНТОВ**

*Беловежец Л.А., Кондрашов Е.В., Малышева С.Ф.,  
Куимов В.А., Белогорлова Н.А., Мареев А.В.,  
Ишигеев Р.С., Матвеева Е.А., Кузнецова В.Е.,  
Коржова С.А.*

Иркутский институт химии им. А.Е. Фаворского  
СО РАН

Глобальная антибиотикорезистентность является актуальной проблемой современности. Она связана с приспособляемостью микроорганизмов к неблагоприятным условиям среды, усугубленной недостаточностью контроля использования антимикробных препаратов как при лечении людей и животных, так и в использовании дезсредств и средств защиты растений. С этой точки зрения поиск антимикробных средств из новых классов соединений является перспективным. Особый интерес представляет исследование активности соединений, отличающихся функциональными группами или их расположением. В этом случае можно соотнести строение химического соединения и его свойства. Нами была проведена оценка антибактериальной активности широкого ряда синтезированных в ИрИХ соединений, показана ее зависимость в ряду от положения заместителей, наличия спейсеров, а также гетероатома. Среди бромсодержащих соединений выявлен перспективный дезинфектант, сравнимый по активности с коммерческим дибромантином. Среди производных 2,3-дигидро[1,3]халькогеназоло[3,2-а]пиридин-4-ий хлорида отмечены активные и чрезвычай-

чайно активные соединения. В связи с тем, что наиболее активные соединения содержат в своем составе кватернизованный азот, возможно их использование в качестве потенциальных дезинфектантов. Еще одним интересным направлением является получение материалов с биоцидным покрытием. Нами было синтезировано соединение, характеризующееся четвертичным аммониевым центром с липофильным заместителем длиной C16. Было показано, что исследованное вещество проявляет активность по отношению к тестовым микроорганизмам. Показано, что мягкая обработка ПАВ не снижает активность пленок. Нанесенная в оптимальных условиях пленка (8% р-р) не теряет своей активности в течение 9 последовательных опытов. Отдельным блоком работы является поиск новых антисептиков для древесины. В настоящее время активно исследуются активность неполной медно-литиевой соли полиакриловой кислоты и медьпроизводных поливинилтриазола, показавшей в предварительных опытах хорошие результаты по сохранности древесины. Таким образом, в ИрИХ СО РАН синтезируются и исследуются большое количество соединений, перспективных в качестве антимикробных агентов. Работа поддержана грантом РФФИ № 23-26-10008.

Беловежец Людмила Александровна, ведущий научный сотрудник лаборатории экологической биотехнологии ИрИХ СО РАН

Телефон: +7 (964) 652-11-88

E-mail: lyu-sya@yandex.ru

## **212. KANREMUVER – ИНСТРУМЕНТ ДЛЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОГО ВВЕДЕНИЯ ДЕЛЕЦИЙ В ГЕНОМ SACCHAROMYCES CEREVISIAE С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ДРОЖЖЕВОЙ ДЕЛЕЦИОННОЙ КОЛЛЕКЦИИ**

*Хованкина А.В.<sup>1,2</sup>, Сабирзянов Ф.А.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> АО «Научно-исследовательский институт  
Аджиномото-Генетика», Москва

<sup>2</sup> НИЦ «Курчатовский Институт», Москва

### **Введение:**

Работа над совершенствованием дрожжевого штамма-производителя подразумевает проверку множества гипотез о влиянии той или иной модификации: нокаут гена, усиление или ослабление его экспрессии, вставка чужеродных фрагментов, изменение копийности генов. В данной

работе мы остановимся на полном удалении открытой рамки считывания (ОРС). Для этой цели обычно используют коллекцию делеционных вариантов дрожжей *S. cerevisiae* (Yeast Knock-Out Collection – YKOC). Каждый штамм в коллекции, содержит делецию одной ОРС, полученную путем инсерции маркера *kanMX4*, фланкированного локус-специфичными штрих-кодами, замещающей область между старт- и стоп-кодонами. Данную коллекцию используют в различных высокопроизводительных поисковых исследованиях [Giaever G., Nislow C., 2014].

#### Ключевые слова:

*Saccharomyces cerevisiae*, *kanMX4*, дрожжевая делеционная коллекция.

#### Материалы и методы:

Все штаммы, использованные в данной работе, происходят от лабораторного штамма дикого типа S288с и гаплоидного набора YKOC MATa типа спаривания, которые являются потомками YU4741.

#### Результаты:

Нами разработан инструмент, позволяющий путем его многократного использования относительно быстро получать штаммы с сочетанием нокаута двух и более генов. Так, была получена универсальная кассета *KanRemUver* (KRU), включающая селективный/контрселективный маркер *URA3* и способная к гомологичной рекомбинации с маркером *kanMX4* с получением инсерции в целевом локусе ауксотрофного по урацилу штамма *ura3Δ0*. Далее, в отсутствие селекции, кассета KRU может самостоятельно выщепляться с частотой около  $6 \cdot 10^{-5}$  на сутки инкубации; для отбора клонов, потерявших указанную кассету, применяется контрселекция на среде с добавлением урацила и 5-фтороротовой кислоты [Boeke J.D. et al, 1987]. Такие клоны содержат целевую делецию с соответствующим штрих-кодом YKOC, тем же способом в них можно последовательно вводить новые делеции.

Применимость описанного подхода была продемонстрирована на на 6 целевых генах, связанных с половым процессом дрожжей [Michaelis S., Barrowman J., 2012]. На основе комбинаций делеций этих генов, был сконструирован набор штаммов для определения типа спаривания пекарских дрожжей методом Yeast Mating Type Halo Assay и контрольные штаммы к ним. Этим методом получено функциональное подтверждение введенных делеций.

Следующим этапом стало усовершенствование данного подхода путем введения в кассету KRU инсульторных последовательностей, что позволяет избежать негативного влияния получаемых инсерций на рост делеционных штаммов.

#### Заключение:

Разработан удобный генно-инженерный инструмент для последовательного введения в геном *S. cerevisiae* множественных делеций, маркированных штрих-кодами.

Хованкина Анна Викторовна, младший научный сотрудник АО АГРИ, аспирант НИЦ КИ (ККГИ), Москва, Россия.

Телефон: +7 (964) 575-45-40

E-mail: khovankina@gmail.com

### 213. ТРАНСКРИПТОМНЫЕ ЛАНДШАФТЫ БАКТЕРИЙ

Гоголев Ю.В.<sup>1,2\*</sup>, Коннова Т.А.<sup>1</sup>, Хамза Хамо<sup>2</sup>, Ведерников А.С.<sup>2</sup>, Осипова Е.В.<sup>1</sup>, Гоголева Н.Е.<sup>1,2</sup>, Балкин А.С.<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Казанский институт биохимии и биофизики ФИЦ КазНЦ РАН, Казань, Россия

<sup>2</sup> Казанский (Приволжский) Федеральный университет, Казань, Россия

<sup>3</sup> Институт клеточного и внутриклеточного симбиоза УрО РАН, Оренбург

Изучение РНК микроорганизмов показало, что бактериальные транскриптомы имеют неожиданно сложную структуру. Значительную их долю составляют некодирующие РНК (нкРНК). Некоторые из них действуют как регуляторы активности генов, другие могут служить факторами иммунитета. Однако для большинства нкРНК функциональная роль остается неясной. Также остается загадкой каким образом большое количество транскриптов генерируется на основе компактного генома.

Другим вызовом служит необходимость метатранскриптомного анализа сложных бактериально-эукариотных сообществ, в первую очередь, патосистем. Нативные транскриптомные профили патогена являются ценной информацией, которая скрыта подавляющим количеством РНК хозяина в тотальных препаратах.

Развитие метода *Carable-Seq* предоставляет дополнительные возможности для изучения сложных транскриптомов. Нами проведено секвенирование РНК патогенных бактерий *Pectobacterium*

*atrosepticum* и *Salmonella enterica* непосредственно в тканях и клетках эукариотических организмов-хозяев – *Nicotiana tabacum* L. и *Acanthamoeba castellanii* Neff соответственно. В результате была охарактеризована дифференциальная активность транскрипции бактериальной РНК при развитии инфекции. Сайты инициации транскрипции картировали с точностью до одного нуклеотида. Было идентифицировано и классифицировано более 20 000 новых сайтов инициации транскрипции (TSS) в соответствии с их положением относительно регуляторных элементов генов и оперонов. Также выполнено сопоставление активности TSS кодирующих и некодирующих РНК модельного штамма *Escherichia coli* K12 MG1655 при обработке антибиотиками, действующими на основные клеточные процессы. В результате удалось охарактеризовать полные транскриптомные ландшафты бактерий в данных условиях, показывающие закономерности распределения нкРНК в геноме и изменения их активности во взаимодействии с аннотированными функциональными элементами.

Гоголев Юрий Викторович, зав. лабораторией молекулярной биологии КИББ ФИЦ КазНЦ РАН, г. Казань, Россия

Телефон: +7 (917) 916-83-81

Email: gogolev.yuri@gmail.com

## 214. РАЗНООБРАЗИЕ ЭРИКОИДНЫХ ЭНДОМИКОРИЗООБРАЗУЮЩИХ ГРИБОВ-МИКРОМИЦЕТОВ ИЗ ОДНОГО САЙТА НА ТЕРРИТОРИИ ТОМСКОЙ ОБЛАСТИ

Ю.С. Топилина<sup>1,2</sup>, Л.Б. Глухова<sup>1,2</sup>, Ю.А. Франк<sup>1,2</sup>,  
А.Л. Герасимчук<sup>1</sup>, Д.В. Анциферов<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> ФГОУ ВПО «Национальный исследовательский Томский государственный университет», Томск, Россия

<sup>2</sup> ООО «Дарвин», Томск, Россия

Растения рода *Vaccinium* имеют обширный ареал, приуроченный к биогеоценозам с труднодоступными питательными веществами. Их приспособляемость обусловлена особым типом симбиоза с некоторыми микромицетами – эрикоидной микоризой. Однако на территории РФ эта физиологическая группа грибов малоизучена.

Из предварительно простерилизованных корней брусники и черники, отобранных из одного сайта на территории Томской области, получены чистые

культуры грибов-микромицетов. Первичное культивирование проводили на агаризованной среде Чапека-Докса с добавлением антибиотиков.

На основе морфофизиологических характеристик были отобраны 9 изолятов. Дальнейший молекулярно-генетический анализ последовательности ITS отнёс эти штаммы к родам *Leptodophora*, *Umbelopsis*, *Eryoscyphella*, *Phialocephala*, *Oidiodendron*. Показано, что эти филогенетические группы могут образовывать эрикоидный тип микоризы. Способность полученных штаммов к симбиозу с вересковыми была подтверждена в ходе эксперимента по колонизации корней стерильных микрорклонов голубики высокой в процессе их адаптации, степень колонизации составила 11-36%. Получены достоверные данные о положительном влиянии одного штамма на развитие растений голубики высокой сорта 'North blue'.

Таким образом, впервые исследованы разнообразие микоризообразующих грибов-микромицетов на территории Томской области и их способность к образованию микоризы с вересковыми.

Исследование выполнено при поддержке Программы развития Томского государственного университета (Приоритет-2030).

Топилина Юлия Сергеевна, старший лаборант лаборатории промышленной микробиологии ФГОУ ВПО «НИ ТГУ»; Томск, Россия.

Телефон: +7 (905) 915-54-64

E-mail: madam.topilina@mail.ru

## 215. АДАПТИВНАЯ РОЛЬ МНОЖЕСТВЕННЫХ АРХЕЛЛИНОВЫХ ГЕНОВ

<sup>1</sup>Пятибратов М.Г., <sup>1</sup>Сюткин А.С., <sup>1</sup>Мельник Т.Н.,  
<sup>2</sup>Щеголев С.Ю.

<sup>1</sup> Институт белка Российской академии наук. 142290, Россия, Московская область, г. Пущино, ул. Институтская, 4.

<sup>2</sup> Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов, ФИЦ «Саратовский научный центр РАН», 410049, Россия, г. Саратов, просп. Энтузиастов, 13.

### Введение:

Архелла (архейный жгутик) – уникальная структура двигательного аппарата клетки, имеющая лишь функциональное сходство с бактериальным жгутиком. Филаменты археллы построены из белка, называемого археллином. Большинство геномов эв-

риархей содержат несколько археллиновых генов. Роль этой множественности до конца не изучена и может различаться от вида к виду. В геноме модельной галоархеи *Haloferax volcanii* имеется 2 археллиновых гена A1 и A2, организованных в один оперон. Ранее было показано, что основной субъединицей жгутиков является A1, а A2 представлен в минорном количестве. Геном другой галоархеи *Halobacterium salinarum* содержит 5 археллиновых генов, организованных в 2 оперона А (гены A1, A2) и В (гены В1, В2, В3). Продукты всех пяти генов представлены в составе архелл. Целью работы было выяснить роль множественных археллинов *H. volcanii* и *H. salinarum* в формировании надмолекулярной структуры архелл.

#### Материалы и методы:

Были получены плазмидные конструкции для триптофан-индуцируемой экспрессии генов археллинов *H. salinarum* в гетерологичном хозяине *H. volcanii*. Для изучения синтезируемых структур использовали масс-спектроскопию, дифференциальную сканирующую микрокалориметрию, электронную микроскопию. Структуру нативных и модифицированных пептидными вставками археллинов и их биологическую сборку в составе археллы изучали методом молекулярного моделирования с применением программ SwissModel и AlphaFold.

#### Результаты и обсуждение:

Впервые показано, что в археллах *H. volcanii*, выделенных из клеток, культивируемых в средах с разной соленостью, доля археллина А2 заметно увеличивается при повышении солености. Мы полагаем, что археллины А1 и А2 *H. volcanii* подобно археллинам *Haloarcula marismortui* (Syutkin *et al.*, 2014) проявляют себя как экопаралоги: А2 лучше адаптирован к высокой ионной силе и частично замещает А1 при повышении солености.

Для выяснения структурно-функциональной роли археллинов *H. salinarum*, мы экспрессировали как оперон *A1A2*, так и гены *A1* и *A2* по отдельности в штамме *H. volcanii* без собственных археллиновых генов. Функциональные рекомбинантные жгутики *H. salinarum* формировались как из обоих археллинов, так и из отдельных субъединиц (А1 или А2). С помощью молекулярного моделирования мы провели поиск подходящих сайтов в археллинах А1 и А2 для выведения различных пептидов на поверхность археллы. Археллин А2, модифицированный вставкой FLAG-пептида в вы-

бранный сайт T119-T120 формировал филаменты, сходные с природными. В то же время модификация А1 по сходному сайту T120-A121 приводила к утрате его способности собираться в нормальные филаменты. Однако при коэкспрессии модифицированного А1 и нативного А2 отрицательный эффект модификации А1 нивелировался и формировались функциональные археллы, состоящие из обеих субъединиц. Мы полагаем, что наличие в составе жгутика *H. salinarum* нескольких взаимозаменяемых паралогов археллинов способствует нейтрализации функционально значимых мутаций в одном из них.

Работа поддержана Российским фондом фундаментальных исследований (грант № 19-04-00613 А).

Пятибратов Михаил Геннадьевич, старший научный сотрудник ИБ РАН, Пущино, Россия.

Телефон: +7 (903) 254-90-32

E-mail: bratov@vega.protres.ru.

### 216. О-АНТИГЕН МОЖЕТ РАСПОЗНАВАТЬСЯ БАКТЕРИОФАГАМИ, РОДСТВЕННЫМИ ФАГУ RB49, КАК ОДИН ИЗ АЛЬТЕРНАТИВНЫХ ПЕРВИЧНЫХ РЕЦЕПТОРОВ

Куликов Е.Е., Голомидова А.К., Ефимов А.Д.,  
Кузнецов А. С.

ФИЦ «Биотехнологии» РАН, Институт микробиологии им. С. Н. Виноградского, лаборатория вирусов микроорганизмов

Многолетнее исследование бактериофагов на лабораторных штаммах, обычно лишённых синтеза поверхностных О-антигенов, не позволяло получить полной биологической картины рецепции бактериофагов с использованием всего спектра поверхностных структур бактериальной клетки. Недавно была признана способность большинства типов энтеробактериальных О-антигенов обеспечивать надежную защиту от прямого распознавания клеточной поверхности белками распознавания рецепторов бактериофагов (RBP, receptor binding proteins). Бактериофаги, инфицирующие снабжённые О-антигеном штаммы *E. coli*, используют различные стратегии для борьбы с этой неспецифической защитой. Фаги, родственные Т-чётным, включая RB49-подобные вирусы, часто имеют широкий круг хозяев и считаются хорошими кандидатами для использования в фаго-

вой терапии. Механизмы, с помощью которых эти фаги преодолевают барьер О-антигена, остаются пока неизвестными. В настоящей работе мы демонстрируем, что RB49 и родственные ему фаги Cognac49 и Whisky49 напрямую используют определенные типы О-антигена в качестве своих первичных рецепторов, распознаваемых вирусом посредством его длинных хвостовых фибрилл (LTF, long tail fibers) gp38, поэтому О-антиген становится для бактериофагов этой группы аттрактантом, а не препятствием. Одновременно для распознавания нескольких структурных типов О-антигенов LTF каждого из этих фагов могут связываться с дополнительными рецепторами, такими, как консервативный белок-порин OmpA, что позволяет им инфицировать некоторые *rough*-штаммы *E. coli*. Мы предполагаем, что механическая сила раскрытия коротких хвостовых фибрилл фага (STF), вызванная связыванием длинных хвостовых фибрилл (LTF) с О-антигеном или структурами под ним, позволяет рецептор-связывающим доменам STF физически прорваться через слой О-антигена и способствовать успешной инфекции клетки вирусом.

Куликов Евгений Евгеньевич, старший научный сотрудник лаборатории вирусов микроорганизмов ФИЦ «Биотехнологии» РАН, Москва, Россия  
Телефон: +7 (499) 135-72-64  
E-mail: kulikov.ee@mipt.ru

## 217. РИЗОСФЕРНЫЙ МИКРОБИОМ РАСТЕНИЙ СЕМЕЙСТВА ЯСНОТКОВЫЕ (*LAMIACEAE* L.)

Жаркова Е.К., Ванькова А.А., Свиридова Л.А.

РГАУ-МСХА имени К. А. Тимирязева

Лекарственные растения семейства Яснотковые (*Lamiaceae* L.) синтезируют эфирное масло, обладающее высокой антимикробной активностью по отношению к микроорганизмам из различных систематических групп. Наибольшая метаболическая активность эфирного масла характерна для периода цветения, причем растительные метаболиты, оказавшись в почве, могут оказать существенное влияние на почвенный микробиом.

Для оценки бактериальных сообществ, ассоциированных с лекарственными растениями, использовали образцы ризосферы душицы обыкновенной (*Origanum vulgare* L.), мяты перечной (*Mentha piperita* L.), тимьяна обыкновенного (*Thymus*

*vulgaris* L.), тимьяна ползучего (*Thymus serpyllum* L.), шалфея лекарственного (*Salvia officinalis* L.), культивируемых на делянках УНПЦ садоводства и овощеводства имени В.И.Эдельштейна (г.Москва). В качестве контроля использовали почву делянки, оставленной под чистый пар. Для каждого исследуемого образца было проведено высокопроизводительное секвенирование генов 16S рНК. Максимальное количество бактерий наблюдалось в ризосфере тимьяна обыкновенного (*T. vulgaris* L.), наименьшее обилие наблюдалось в ризосфере душицы обыкновенной (*O. vulgare* L.). Филлум *Actinobacteriota* был преобладающим во всех образцах ризосферы. Максимальное бактериальное  $\alpha$ -разнообразие было обнаружено в ризосфере шалфея лекарственного (*S. officinalis* L.). Согласно индексу Брэя-Кертиса, бактериальное  $\beta$ разнообразие ризосферы тимьяна обыкновенного (*T. vulgaris* L.) значительно отличалось от сообществ контрольной почвы. Ризосферный эффект был положительным для таких таксонов, как *Mycococcota*, *Bacteroidota*, *Verrucomicrobiota*, *Proteobacteria* и *Gemmatimonadota*.

Таким образом, наибольшее влияние на формирование почвенного микробиома оказали виды, являющиеся интродуцентами для Нечерноземной зоны - шалфей лекарственный (*S. officinalis* L.) и тимьян обыкновенный (*T. vulgaris* L.), что может быть связано с экзометаболитами данных видов, существенно отличающихся от таковых у представителей местной флоры.

Жаркова Екатерина Константиновна, ассистент кафедры микробиологии и иммунологии РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, Москва, Россия.  
Телефон: +7 (926) 403-60-34  
E-mail: ekzharkova@rgau-msha.ru

## 218. ГАЛОАЛКАЛОТОЛЕРАНТНЫЕ ГРИБЫ РОДА *EMERICELLOPSIS* В ГРУНТАХ ОЗЕРА ТАМБУКАН

Георгиева М.Л.<sup>1,2</sup>, Биланенко Е.Н.<sup>2</sup>,  
Понизовская В.Б.<sup>2</sup>, Кокаева Л.Ю.<sup>2,3</sup>, Георгиев А.А.<sup>2</sup>,  
Ефименко Т.А.<sup>1</sup>, Маркелова Н.Н.<sup>1</sup>, Куварина А.Е.<sup>1</sup>,  
Садыкова В.С.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> НИИНА имени Г. Ф. Гаузе, Москва

<sup>2</sup> Биологический факультет МГУ имени  
М.В. Ломоносова, Москва

<sup>3</sup> Факультет почвоведения МГУ имени  
М.В. Ломоносова, Москва

Мицелиальные грибы рода *Emericellopsis* могут быть выделены из различных субстратов по всему миру, включая сельскохозяйственные и лесные почвы, торфяные отложения, пресноводные, эстуарные и морские илистые отмели. В настоящее время род насчитывает 27 видов, многие из которых способны к продукции антимикробных веществ. Целью работы было изучение коллекции из 20 изолятов грибов рода *Emericellopsis*, выделенных из образцов грунтов соленого слабощелочного горного озера Тамбукан (Северный Кавказ, Россия).

Результаты филогенетического анализа показали, что изоляты *Emericellopsis* из грунтов озера Тамбукан, принадлежали к содовой (3 изолята), морской (13) и наземной (4) кладам этого рода. Изоляты *Emericellopsis* из наземной клады обладали слабой или умеренной галоалкалотолерантностью, изоляты из содовой и морской клад были сильными или умеренными галоалкалотолерантами. Некоторые изоляты *Emericellopsis* показали большую устойчивость к высокому рН, когда в среде присутствовал NaCl. Оценка антимикробной активности *Emericellopsis* spp. показала, что они проявляли как антибактериальную (преимущественно в отношении *B. subtilis*), так и противогрибную (в отношении *A. niger* и *C. albicans*) активности. Обнаружение галоалкалотолерантных изолятов *Emericellopsis* spp. в грунтах озера Тамбукан может свидетельствовать об их участии в процессах деструкции и в начальных этапах формирования лечебных грязей.

Работа выполнена при финансовой поддержке Гентех Минобрнауки РФ (соглашение № 075-15-2021-1345, уникальный идентификатор проекта RF----193021X0012); гранта РНФ № 22-25-00353; государственного задания МГУ № 121032300079-4.

Георгиева Марина Леонидовна, старший научный сотрудник кафедры микологии и альгологии Биологического факультета МГУ имени М.В. Ломоносова, научный сотрудник лаборатории таксономического изучения и коллекции культур микроорганизмов Научно-исследовательского института по изысканию новых антибиотиков имени Г.Ф. Гаузе, Москва, Россия.

Телефон: +7 (495) 939-54-82

E-mail: [i-marina@yandex.ru](mailto:i-marina@yandex.ru)

## 219. БИОПЛЕНКИ СО СТЕН КАПОВОЙ ПЕЩЕРЫ КАК ИСТОЧНИК ПРОДУЦЕНТОВ ГИДРОЛАЗ

Курди У., Яковлева Г.Ю., Ильинская О.Н.

Казанский (Приволжский) федеральный  
университет

Карстовые пещеры – подземные полости, сообщающиеся с земной поверхностью, либо замкнутые, которые образуются при выщелачивании растворимых горных пород, чаще всего известняка или гипса. Это экосистемы с ограниченным содержанием питательных веществ, обычно с постоянной низкой температурой, высокой влажностью, недостатком света, низким давлением и низкой концентрацией кислорода. Пещеры создают свои микроклиматические и физико-химические условия, приводящие к формированию специфических ассоциаций живых организмов. Интерес к микроорганизмам экстремальных местообитаний связан не только с изучением и сохранением этих объектов, но и с поиском новых биологически активных веществ, в частности, секретлируемых ферментов, которые можно использовать в промышленности, сельском хозяйстве и медицине.

Несмотря на успехи в изучении микробного разнообразия, недостаточно внимания уделяется культивируемым бактериям, которые могут быть эффективными продуцентами метаболитов, применимых в медицине и биотехнологии. В данной работе исследовали семь образцов биопленок со стен Каповой пещеры (Башкортостан, Россия). Культивируемые бактериальные гетеротрофные сообщества образцов охарактеризованы по альфа- и бета- биоразнообразию и способности синтезировать секретлируемые гидролитические ферменты – РНКазы, протеазы и амилазы. Большинство выделенных бактерий (89%) принадлежат к филуму *Proteobacteria*, остальные изоляты

распределены по трем другим филумам, а именно *Actinobacteria* (5%), *Firmicutes* (4%) и *Bacteroidetes* (2%). Всего на основании секвенирования региона V3-V4 16S рРНК было идентифицировано 102 изолята, из них 42 принадлежали к роду *Pseudomonas*. Оценка функциональных профилей сообществ с помощью инструмента Global Mapper на платформе iVikodak показала, что относительное обилие функциональных генов по KEGG в образцах отражает способность изолятов к биодеградации ароматических соединений, РНК, а также возможность секреции вторичных метаболитов. 39 изолятов проявляли все три внеклеточные ферментативные активности, только 6 изолятов не проявляли ферментативной активности. Бактерии, продуцирующие высокий уровень протеазы, РНКазы и амилазы, были идентифицированы как *Stenotrophomonas rhizophila*, *Lysinibacillus fusiformis* и *Pseudomonas stutzeri* соответственно. Полученные результаты свидетельствуют о важности дальнейших исследований в области поиска новых микробных продуцентов полезных соединений, перспективных для разработки терапевтических и биотехнологических средств. Исследование поддержано грантом РФФ № 22-24-00036.

Курди Уильям, ассистент кафедры микробиологии ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский) федеральный университет», Казань, Россия.  
Телефон: +7 (937) 585-37-83  
E-mail: william.m.kurdy@hotmail.com

**220. СБОРКА ГЕНЕТИЧЕСКИХ  
КОНСТРУКЦИЙ *IN VIVO*  
В МИЦЕЛИАЛЬНОМ ГРИБЕ  
*TALAROMYCES CELLULOLYTICUS*  
Орленева А.П., Тесля П.Н., Серебряный В.А.**

Акционерное общество «Научно-исследовательский институт Аджиномото-Генетика» 117545 Москва, 1-й Дорожный проезд, д.1, к.1

**Введение:**

В генетической инженерии мицелиальных грибов, интегрируемые конструкции окружают протяженными флангами, чтобы направить их интеграцию в целевой сайт. Длина таких флангов составляет 0,5 - 2,5 тысяч пар оснований (п.о.) в зависимости от вида гриба и природы целевого локуса. В то же время, в генетической инженерии *Saccharomyces*

*cerevisiae* используется метод, при котором длинные фланги, направляющие интеграцию в целевой локус, соединяются с интегрируемой конструкцией в результате гомологичной рекомбинации после попадания фрагментов ДНК внутрь трансформируемой клетки. Рекомбинация происходит по коротким, около 50 п.о., областям гомологии. Такой подход позволяет сочетать высокую частоту целевой интеграции с экономией времени на сборке полноразмерной конструкции. Целью нашей работы было выяснение возможности применения подобного метода для мицелиальных грибов, в частности для *Talaromyces cellulolyticus*.

Ключевые слова: *Talaromyces cellulolyticus*, мицелиальные грибы, генетическая инженерия, гомологичная рекомбинация.

**Материалы и методы:**

В качестве модели для оценки эффективности интеграции в целевой локус использовалась замена промотора гена секретируемой β-галактозидазы. Результаты. Обнаружено, что в *T. cellulolyticus* для гомологичной рекомбинации между линейными фрагментами ДНК достаточно наличия у них идентичных концевых последовательностей длиной 50 п.о. (несмотря на то, что для направленной интеграции в интактную хромосомальную ДНК необходимы фланги около 2,5 тысяч п.о.). Это позволяет собирать генетические конструкции из нескольких фрагментов ДНК *in vivo*, в частности, присоединять фланги, направляющие интеграцию в целевой локус, к интегрируемым конструкциям.

**Заключение:**

Применение подобного подхода значительно ускоряет генетическое конструирование *T. cellulolyticus*. Более того, так как уровень гомологичной рекомбинации у *T. cellulolyticus* не выше чем у других мицелиальных грибов, метод может быть применен для других грибов.

Серебряный Всеволод Александрович, старший научный сотрудник лаборатории № 2 Акционерного общества «Научно-исследовательский институт Аджиномото-Генетика», 117545 Москва, 1-й Дорожный проезд, д.1, к.1, Россия.  
Телефон: +7 (495) 780-33-78 доб 404  
E-mail: vsevolod\_serebrianyi@agri.ru

## 221. МЕТАГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА, АССОЦИИРОВАННОГО С ПОДЗЕМНЫМ ГОРЕНИЕМ УГЛЯ В РЕСПУБЛИКЕ БУРЯТИЯ

*Кадников В.В.<sup>1</sup>, Марданов А.В.<sup>1</sup>, Белецкий А.В.<sup>1</sup>,  
Карначук О.В.<sup>2</sup>, Равин Н.В.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> Институт Биоинженерии им. К.Г. Скрябина,  
ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия

<sup>2</sup> Томский государственный университет, Томск,  
Россия

Естественное горение подземных угольных пластов приводит к образованию газа, который содержит молекулярный водород и СО. В местах, где горячие угольные газы выходят на поверхность, формируются особые термальные экосистемы. Профилирование по генам 16S рРНК и секвенирование метагенома были использованы для характеристики таксономического разнообразия и генетического потенциала микробных сообществ грунта вблизи выходов горячих газов в угольном карьере недалеко от г. Гусиноозерск, Бурятия. В сообществах доминировали несколько групп спорообразующих Firmicutes, а именно: аэробный гетеротроф *Candidatus Carbobacillus altaicus*, аэробные хемолитоавтотрофы *Kyrpidia tusciae* и *Hydrogenibacillus schlegelii*, а также анаэробный хемолитоавтотроф *Brockia lithotrophica*. Анализ геномов показал, что эти организмы могут получать энергию за счет окисления водорода и/или СО. Близкородственные бактерии были обнаружены в различных термальных экосистемах, в том числе районах горения угольных пластов, на расстоянии тысяч километров от исследуемого участка. Споры термофильных фирмикут, вероятно, могут распространяться на большие расстояния, что позволяет им заселять термальные экологические ниши.

Из метагенома получен первый полный геном представителя некультивируемого класса DTU015 в филуме Firmicutes. Анализ генома этой бактерии, «*Candidatus Fermentithermobacillus carboniphilus*» Bu02, указывает на то, что она имеет палочковидную форму, способна передвигаться с помощью жгутика и образовывать споры. У «*Ca. Fermentithermobacillus carboniphilus*» Bu02 отсутствуют пути аэробного и анаэробного дыхания. Вероятно, бактерия Bu02 является хемогетеротрофом и может сбрасывать пептиды, аминокислоты, N-ацетилглюкозамин и интермедиаты цикла три-

карбоновых кислот. Сравнительный анализ геномов представителей DTU015 показал, что большинство из них имеют сходные пути метаболизма. Работа поддержана Российским научным фондом (проект 22-14-00178).

Кадников Виталий Валерьевич, старший научный сотрудник института Биоинженерии им. К.Г. Скрябина, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва Россия  
Телефон: +7 (926) 735-85-52  
E-mail: vkadnikov@bk.ru

## 222. КИШЕЧНЫЙ МИКРОБИОЦЕНОЗ ПОДРОСТКОВ ПРИ ОЖИРЕНИИ

*Клименко Е.С., Белькова Н.Л.  
ФГБНУ НЦ ПЗСРЧ*

### Введение:

Понимание принципов стабильности и устойчивости кишечного микробиома может помочь в реализации индивидуального подхода к устранению метаболических нарушений у подростков с ожирением. Цель данного исследования заключается в описании таксономического состава и метаболических функций кишечной микробиоты на основе функциональной аннотации с помощью PICRUSt2. Ключевые слова: кишечная микробиота; подростки; ожирение; метаболизм

### Материалы и методы:

В исследовании участвовали подростки в возрасте 11-17 лет. Основную группу составили 23 пациента с клинически установленным диагнозом ожирение (стандартное отклонение индекса массы тела (SDS ИМТ)  $2.8 \pm 0.6$ ), контрольную - 28 (SDS ИМТ  $0.01 \pm 0.50$ ). Секвенирование ампликонов V3-V4 участков гена 16S рРНК проводили в компании Novogene, первичные данные депонированы в NCBI как BioProject PRJNA604466.

### Результаты:

Значения индексов альфа-разнообразия Chao1, Shannon и Faith PD для всех пациентов составили  $422.5 \pm 9.99$ ;  $6.31 \pm 0.08$  и  $13.3 \pm 0.08$  соответственно. Достоверных различий между контрольной и основной группой не наблюдалось. Для обеих групп было характерно доминирование Bacteroidota, Bacillota, Pseudomonadota и Actinomycetota. Однако представителей Pseudomonadota наблюдалось больше в группе ожирения (1.1%), чем в группе контроля (0.4%). Для исследуемых кишечных ми-



кrobiомов всех подростков характерно доминирование путей биосинтеза над путями деструкции, ассимиляции и утилизации. Для представителей группы ожирения характерно доминирование метаболических путей, отвечающих за деградацию крахмала, синтез и деструкцию гликогена, синтез аденозин-дезоксирибонуклеотидов и гуанозин-дезоксирибонуклеотидов, синтез L-изолейцина и трансформацию пирувата в изобутанол. Однако эти функции также были представлены для нескольких микробных сообществ из контрольной группы.

#### **Заключение:**

Ожирение – мультифакторное заболевание, которое может быть ассоциировано с дисбалансом компонентов микробиоты кишечника и нарушением ее метаболической и регуляторной функции.

Клименко Елизавета Станиславовна, младший научный сотрудник лаборатории микробиома и микрoэкологии ФГБНУ Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека, Иркутск, Россия.

Телефон: +7 (950) 107-60-53

E-mail: klimenko.elizabet@gmail.com

### **223. ОПРЕДЕЛЕНИЕ СКОРОСТИ СУЛЬФАТРЕДУКЦИИ В ФЕКАЛИЯХ И КОМПОСТЕ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ РАДИОИЗОТОПНОГО МЕТОДА**

*Русанов И.И.<sup>1</sup>, Кадников В.В.<sup>2</sup>, Лукина А.П.<sup>3</sup>,  
Захарова Е.Е.<sup>1</sup>, Карначук О.В.<sup>3</sup>*

<sup>1</sup> Институт микробиологии им.

С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН,  
Москва, Россия

<sup>2</sup> Институт Биоинженерии им. К.Г. Скрябина,  
ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия

<sup>3</sup> Томский государственный университет, Томск,  
Россия

Микробная сульфатредукция (СР) является основным процессом, ответственным за образование сульфидов в природных и техногенных средах с высокой концентрацией сульфатов и низким содержанием кислорода. В биогеохимических исследованиях давно и успешно используется радиоизотопный метод для определения интенсивности СР в природных биотопах, таких как морские

и пресноводные осадки, анаэробные зоны водоемов и др. Скорость образования биогенного  $H_2S$  в кишечнике и отходах сельхоз животных остается малоизученной, хотя летучие сульфиды с неприятным запахом является серьезной проблемой животноводческих комплексов. Другое последствие активности СР сообщества в кишечнике животных - снижение доступности железа и меди из-за осаждения ионов металлов в виде труднорастворимых сульфидов.

До наших исследований определение СР с использованием радиоактивного сульфата в фекалиях животных не проводили. В докладе будут представлены результаты определения СР в двух типах биотопов, ассоциированных с животными – фекалиях верблюдов и отходах крупного свиного комплекса. Обе системы рассматривают как местообитания с низким содержанием сульфатов без очевидного источника окисленных соединений серы. Исследования показали, что кормовые добавки в виде сульфатных солей, использование гипсовой (сульфат кальция) подстилки для животных, может поставлять значительные количества акцептора электронов для активного процесса сульфатредукции. Измеренные радиоизотопным методом скорости СР составляли заметную величину и варьировали от 0.018 до 0.168 нмольS  $см^{-3}день^{-1}$  в фекалиях верблюдов. В отходах свиного комплекса микробное образование  $H_2S$  из сульфата достигало 7.25 нмольS  $см^{-3}день^{-1}$ , являясь причиной интенсивного запаха на близлежащих территориях.

В совокупности с молекулярными и биогеохимическими методами радиоизотопное определение скорости СР является действенным инструментом изучения активности сульфидогенных прокариот в организме животных и биотопах, ассоциированных с сельскохозяйственным производством.

Радиоизотопные исследования выполнены в рамках госзадания Министерства науки и высшего образования РФ

Русанов Игорь Иванович, старший научный сотрудник Института микробиологии им. С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва Россия

Телефон: +7 (916) 430-69-88

E-mail: rusanov\_igor@mail.ru

**224. МИКРОБНЫЙ ПЕЙЗАЖ  
МОКРОТЫ БОЛЬНЫХ  
С COVID-АССОЦИИРОВАННЫМИ  
ПНЕВМОНИЯМИ  
И ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬ,  
ВЫДЕЛЕННЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ,  
К АНТИМИКРОБНЫМ ПРЕПАРАТАМ**

*Степаненко И.С.*

ФГБОУ ВО ВолгГМУ Минздрава России

**Введение:**

Сопутствующее инфицирование микроорганизмами является фактором, влияющим на диагностические особенности, лечебную тактику и прогностическую значимость пневмонии, вызванной вирусом COVID-19. Инфекции нижних дыхательных путей являются одной из форм инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи (ИСМП). В отношении распространения госпитальных штаммов актуальны проблемы их циркуляции в ограниченном пространстве, применения эффективных антибактериальных препаратов и стратегии профилактики в условиях многопрофильных стационаров.

**Ключевые слова:**

Нозокомиальные пневмонии, антибиотикорезистентность, COVID-19, ИСМП.

Материалы и методы. Материал исследования получен из двух многопрофильных стационаров г. Саранска Республики Мордовия (2020-2021 гг). Выделение и верификацию штаммов микроорганизмов проводили бактериологическим методом. Анализ чувствительности, выделенных микроорганизмов, проводили с использованием **онлайн платформы для анализа и обмена данными антибиотикорезистентности AMRcloud**.

**Результаты:**

В результате исследования за отчетный период из проб больных с пневмонией, инфицированных SARS CoV-2, было выделено и изучено 763 штамма микроорганизмов, дающих обильный рост и идентифицированных как представители семейств *Staphylococcaceae*, *Enterobacteriaceae*, *Pseudomonadaceae*. Количественно преобладали представители *S.aureus* (52,03%), дальнейшая градация по убыванию соответствует следующему: *K.pneumoniae* (27%), *E.coli* (9,83%), *P.aeruginosa* (7,99%), *K.oxitoca* (2,23%), *K.ozaenae* (0,92%). Выделенные микроорганизмы демонстрировали различную чувствительность к традиционно используемым противомикробным препаратам.

Степаненко Ирина Семеновна, заведующий кафедрой микробиологии, вирусологии, иммунологии с курсом клинической микробиологии ФГБОУ ВО ВолгГМУ Минздрава России, Волгоград, Россия.  
Телефон: 89033252098  
E-mail: ymahkina@mail.ru

**225. МЕТАБОЛИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ  
МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА  
ПРИБРЕЖНОЙ ЗОНЫ В РАЙОНЕ  
ТЕРМАЛЬНОГО ИСТОЧНИКА ЗМЕИНЫЙ  
(СЕВЕРНЫЙ БАЙКАЛ)**

*Черницына С.М., Еловская И.С., Букин С.В.,  
Букин Ю.С., Земская Т.И.*

<sup>1</sup> ФГБУН Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук, Иркутск

Проведен 16S рРНК-метабаркодинг для оценки разнообразия микробного сообщества в горячем источнике Змеиный (Северный Байкал). В зоне излива термальной воды развиваются бактерии, участвующие в цикле серы и азота, с доминированием представителей родов *Thiovirga* (окисляет серу) и *Azonexus* (фиксирует азот). В ручье, в токе термальной воды, формируются цианобактериальные маты, а на побережье преобладают обрастания серных бесцветных бактерий рода *Thiothrix*. Для исследования путей вовлечения неорганических соединений, поступающих с термальными водами, и изучения возможных метаболических процессов в литорали озера проведено секвенирование метагенома на платформе DNBSEQ-G400RS (MGI TECH), в формате 2X150 пн в Институте Геномного Анализа (Москва). В результате получено 39.1 млн прочтений суммарной длиной 11.4 млрд нт. Собрано 6 бинов с оценочной полнотой сборки более 50% и контаминационным показателем менее 2.2%. Согласно NCBI RefSeq геномы отнесены к филуму *Proteobacteria* семейства *Rhodobacteraceae* ( $\alpha$ ), *Comamonadaceae* ( $\beta$ ) и *Thiotrichaceae* ( $\gamma$ ). При анализе метаболических путей с помощью баз данных KEGG и MetaCyc выявлены пути окисления восстановленных соединений серы (сульфида, серы, сульфита) и водорода, ацетокластического метаногенеза, нитратредукции и фиксации азота. Кроме того, в бинах отмечены гены, ответственные за биосинтез и деградацию жирных кислот и углеводов. Исследования выполнены при поддержке гранта РФФ 22-14-00084.

Черницына Светлана Михайловна, старший научный сотрудник лаборатории микробиологии углеродородов Федерального государственного бюджетного учреждения науки Лимнологического института Сибирского отделения Российской академии наук, Иркутск, Россия.  
Телефон: +7 (908) 664-77-997  
E-mail: sveta@lin.irk.ru

## **226. БАКТЕРИИ ЦИКЛА СЕРЫ КАК ВОЗМОЖНЫЙ ИНДИКАТОР СМЕНЫ ЭКОЛОГИЧЕСКОГО ТИПА ВОДОЕМА (НА ПРИМЕРЕ ЗАЛИВА КАНДА, КАНДАЛАКШСКИЙ ЗАЛИВ БЕЛОГО МОРЯ)**

*В.В. Беленкова<sup>а</sup>, А.С. Саввичева, Н.А. Демиденко<sup>б</sup>*

<sup>а</sup> Институт микробиологии им.

С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН,  
Москва, 117312 Россия

<sup>б</sup> Институт Океанологии им. П.П. Ширшова РАН,  
Москва, 117997 Россия

В марта 2023 года были проведены исследования залива Канда, образовавшегося при строительстве железнодорожной дамбы в начале XX века. Это морская лагуна, изолированная от бассейна Кандалакшского залива, в которой произошло сокращение водообмена и изменился гидрологический режим, в результате чего образовались придонные застойные воды, где возрастает концентрация сероводорода и метана и активизируются процессы сульфатредукции, и метанокисления. Также заметно меняется состав микробного сообщества: уменьшается численность истинно морских и пресноводных микроорганизмов, зато развиваются бактерии и археи, доминирующие в микробных сообществах аноксигенных вод меромиктических водоемов. Нами были обнаружены и выделены в чистую культуру пурпурные серные бактерии *Thiocapsa litoralis* и *Thiorhodococcus mannitoliphagus* (сем. Chromatiaceae). Данные микроорганизмы цикла серы являются индикаторами застойных морских вод, свидетельствующими о формировании меромиктического водоема, однако на данный момент их присутствие не так значительно, как в расположенном неподалеку меромиктическом озере Трехцветном, отделившемся от моря около 200 лет назад. Ситуация в водной толще озера Трехцветного является негативным прогнозом полной изоляции залива Канда. Дальнейшие наблюдения за развитием сообщества

аноксигенных фототрофных бактерий в заливе Канда позволят заблаговременно определить, достаточен ли обмен вод через морскую дамбу для поддержания нынешнего экологического состояния или залив со временем превратится в стратифицированный водоем с устойчиво аноксигенным придонным водным слоем.

Работа поддержана Российским научным фондом (грант 23-24-00208).

Беленкова Валерия Викторовна, ведущий инженер лаборатории микробиологии и биогеохимии водоемов института микробиологии им. С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия  
Телефон: +7 (925) 886-76-08  
E-mail: vbelenkova@yandex.ru

## **227. НОВЫЕ МЕХАНИЗМЫ ЗАПАСАНИЯ ЭНЕРГИИ У АЦЕТОГЕННЫХ БАКТЕРИЙ**

*Фролов Е.Н., Гололобова А.В., Лебединский А.В., Ельченинов А.Г., Кубланов И.В.*

Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского,  
Федеральный исследовательский центр  
Фундаментальных основ биотехнологии РАН,  
пр-т 60-летия Октября, д. 7, корп. 2, Москва,  
117312, Россия

Ацетогенные бактерии представляют собой уникальную группу прокариот, которые из двух молекул  $\text{CO}_2$  способны продуцировать молекулу ацетата в ходе анаэробного дыхания. При этом катаболическом процессе, ключевым путем которого является путь Вуда-Льонгдаля,  $\text{CO}_2$  окисляется терминальным акцептором электронов. Таким образом, ацетогенные бактерии способны расти в хемолитоавтотрофных условиях в присутствии только молекулярного водорода (донор электронов) и углекислого газа (акцептор электронов и источник углерода) в качестве субстратов. Из-за низкого энергетического выхода реакции  $4\text{H}_2 + 2\text{CO}_2 = \text{CH}_3\text{COOH} + 2\text{H}_2\text{O}$ , а также более низкого сродства к водороду у ацетогенов по сравнению с другими гидрогенотрофными микроорганизмами, такими как метаногенные археи и сульфатредуцирующие прокариоты, ацетогены проигрывают конкурентную борьбу в своих местобитаниях. Вероятно, это является причиной того, что ацетогены крайне малочисленны в природе,

а также того, что до настоящего времени были известны только факультативно автотрофные ацетогенные бактерии. Последнее добавляет им метаболической пластичности, заключающейся в использовании как широкого спектра органических субстратов, так и разнообразных акцепторов электронов. Доклад будет посвящен метаболизму первых облигатно автотрофных ацетогенных бактерий — ‘*Aceticella autotrophica*’ штамм 3443-3Ac и ‘*Acetotalea autotrophica*’ штамм 3819-GS1, выделенных из горячих источников кальдеры Узон полуострова Камчатка. Данные микроорганизмы, каждый из которых является представителем нового рода и вида в филуме *Bacillota*, демонстрируют наличие ранее неизвестных стратегий запасания энергии или других особенностей, которые, либо позволяют увеличить энергетический выход ацетогенеза, либо занимать такие экологические ниши, которые делают возможным существования облигатно автотрофных ацетогенных бактерий. Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 21-14-00242 «Исследование механизмов запасания энергии у прокариот, живущих в условиях, близких к термодинамическим пределам жизни».

Фролов Евгений Николаевич, старший научный сотрудник, института микробиологии им. С.Н.Виноградского  
ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.  
Телефон: +7 (925) 017-15-66  
E-mail: evgenii\_frolov\_89@mail.ru

## 228. ЭВОЛЮЦИЯ И КЛАССИФИКАЦИЯ КЛАСТЕРОВ ГЕНОВ *TFD*, КОНТРОЛИРУЮЩИХ БАКТЕРИАЛЬНУЮ ДЕГРАДАЦИЮ 2,4-ДИХЛОРФЕНОКСИУКСУСНОЙ КИС- ЛОТЫ (2,4-Д)

*Ясаков Тимур Рамилевич*

Уфимский Институт биологии УФИЦ РАН (УИБ  
УФИЦ РАН), Уфа, Россия

Кластеры генов  $tfd_I$  ( $tfdB_I F_I E_I D_I C_I T$ ) и  $tfd_{II}$  ( $tfdK_{II} B_{II} F_{II} E_{II} C_{II} D_{II} R$ ) плазмиды рJP4 контролируют деградацию 2,4-дихлорфеноксиуксусной кислоты (2,4-Д). 2,4-Д представляет опасность для окружающей среды и человека, но вследствие успешной коммерциализации продолжает использоваться в качестве гербицида по всему миру. В настоящее время открыто большое количество как канонических, так и неканонических структур кластеров

*tfd*. Тем не менее, в литературе отсутствуют работы по сравнительной геномике этих кластеров и их филогении.

Цель работы – *in silico* исследование кластеров генов *tfd* с помощью филогенетического и сравнительно-геномного подходов.

В задачи работы входили: поиск последовательностей кластеров *tfd*, их аннотация и сравнительная геномика, анализ уровней идентичности и сходства, филогения белков, разработка классификации и номенклатуры.

Объектом исследования являлись геномы бактерий. BLAST-поиск последовательностей, имеющих идентичность с последовательностями ДНК кластеров  $tfd_I$  и  $tfd_{II}$  плазмиды рJP4, позволил вывить несколько десятков кластеров, имеющих как каноническую так и неканоническую структуру. Сравнительно-геномный анализ показал наличие четырех разных типов кластеров, что было подтверждено топологией филогенетических деревьев их белков. Показано, что они образуют три разные эволюционные линии. Предложено ввести четырех типовую классификацию кластеров и новую номенклатуру.

Таким образом, в данной работе проанализированы все секвенированные кластеры *tfd*, показана их эволюция, разработана новая классификация и номенклатура, а также предложены схемы аннотации.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-24-00480, <https://rscf.ru/project/23-24-00480/>.

Ясаков Тимур Рамилевич, старший научный сотрудник

Телефон: +7 (937) 164-91-93

E-mail: iasakovtimur@gmail.com

**229. ИНАКТИВАЦИЯ ГЕНОВ СИСТЕМЫ РЕПАРАЦИИ ДНК ПО МЕХАНИЗМУ СОЕДИНЕНИЯ НЕГОМОЛОГИЧНЫХ КОНЦОВ СНИЖАЕТ УСТОЙЧИВОСТЬ *DEBARYOMYCES HANSENI* К РАЗЛИЧНЫМ ВИДАМ СТРЕССА**

*Черданцев И.А.<sup>1,2</sup>, Котлов М.И.<sup>2</sup>, Полякова А.Н.<sup>2</sup>, Карпов Д.С.<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова

<sup>2</sup> Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта Российской академии наук, Москва, Россия

**Ключевые слова:**

*Debaryomyces hansenii*, CRISPR/Cas9, NHEJ, окислительный стресс

*Debaryomyces hansenii* – осмо- и галотолерантный вид дрожжей с высоким биотехнологическим потенциалом. *D. hansenii* широко используется в пищевой промышленности при изготовлении колбасных изделий и сыров, а в биотехнологии служит продуцентом рибофлавина, D-арабинитола, ксилита и других веществ.

В нашей лаборатории разработан высокоэффективный метод редактирования генома *D. hansenii* на основе CRISPR/Cas9. Это значительно расширяет возможности по созданию генно-инженерных штаммов с заданными свойствами и исследованию молекулярных механизмов устойчивости этих дрожжей к стрессовым условиям, связанным с технологическими процессами. Слабо изучен вопрос о том какие системы репарации ДНК активны у этого вида дрожжей и какой вклад они вносят в устойчивость к стрессу.

Цель работы – оценить вклад системы репарации ДНК по механизму соединения негомологичных концов (NHEJ) в устойчивость *D. hansenii* к различным стрессовым факторам.

С помощью системы CRISPR/Cas9 получены штаммы с нокаутами генов, кодирующих ключевые компоненты NHEJ Ku70, Ku80 и DNL4B. Устойчивость мутантных штаммов к стрессовым факторам определяли методом выращивания серий разведений дрожжевых культур на чашках Петри.

Показано, что мутантные штаммы в разной степени проявляют чувствительность к веществам, повреждающим ДНК (4-NQO, MMS, кофеин), вызывающим окислительный стресс (H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>), осмотический шок (сорбитол, NaCl).

Полученные результаты свидетельствуют о существенном вкладе NHEJ в реакцию клеток *D. hansenii* на различные стрессовые факторы.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФ № 22-24-01065.

**230. ВЗАИМОСВЯЗЬ ПРОЯВЛЕНИЙ НАРУШЕНИЙ ГЛИКОЗИЛИРОВАНИЯ БЕЛКОВ В СЕКРЕТОРНОМ ПУТИ С CA<sup>2+</sup>-ЗАВИСИМОЙ РЕГУЛЯЦИЕЙ АКТИВНОСТИ ПРОТЕИНКИНАЗЫ HOG1**

*Пахомова М.Д., Кулакова М.В., Каргинов А.В., Красовитов К.В., Агафонов М.О.*

Федеральное государственное учреждение «Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук», Москва

**Введение:**

Функция кальция в эукариотической клетке как вторичного мессенджера требует поддержания его концентрации в цитозоле ([Ca<sup>2+</sup>]<sub>цит</sub>) на низком уровне. У дрожжей это обеспечивается АТФазой Pmc1. Инактивация Pmc1 у дрожжей рода *Ogataea* приводит к повышению чувствительности к додецилсульфату натрия (SDS), что обычно связывают с нарушениями клеточной стенки, в частности, при нарушениях гликозилирования белков в секреторном пути. Однако у мутанта *pmc1* таких нарушений выявлено не было. Более того, анализ мутаций супрессирующих это проявление показал, что оно связано с регуляцией клеточного цикла (Fokina et al// Cell Cycle. 2012. P. 778–784). Одним из генов, влияющих на чувствительность к SDS мутанта *pmc1*, был ген *HOG1*, который кодирует MAP-киназу, участвующей в осморегуляции. Кроме того, протеинкиназа Hog1 участвует в регуляции клеточного цикла. Было предположено, что ингибирование роста клеток под действием SDS связано с входом кальция в цитозоль и активацией Hog1, а гиперчувствительность к этому детергенту вызвана неспособностью клеток справиться с повышением [Ca<sup>2+</sup>]<sub>цит</sub>.

**Результаты:**

Для отслеживания [Ca<sup>2+</sup>]<sub>цит</sub> был использован генетически кодируемый сенсор Ca<sup>2+</sup> GEM-GECO. Добавление SDS в среду вызывало резкий скачок [Ca<sup>2+</sup>]<sub>цит</sub>. У мутантов с повышенной чувствительностью к SDS из-за нарушений гликозилирования было выявлено увеличение [Ca<sup>2+</sup>]<sub>цит</sub> и в отсут-

ствии SDS. Нарушения O-маннозилтрансфераз Pmt1 и Pmt4 приводило к повышению базального уровня фосфорилирования Hog1, а инактивация  $\alpha$ -1,2-маннозилтрансферазы Mnn2 – нет, хотя все эти мутации увеличивали чувствительность к SDS. Влияние SDS на фосфорилирование Hog1 у разных мутантов также существенно различалось, но инактивация гена *HOG1* снижала чувствительность к SDS как у мутантов, так и у штамма дикого типа.

**Заключение.** Ингибирующее действие низких концентраций SDS на клетки дрожжей *O. parapolymorpha* связано с входом  $Ca^{2+}$  в цитозоль из внешней среды и активацией Hog1, но не связано с лизисом клеток.

Работа поддержана Федеральной научно-технической программой развития генетических технологий на 2019–2027 годы (соглашение № 075-15-2021-1071 от 28.09.2021).

Для контактов: Пахомова Мария Дмитриевна, младший научный сотрудник группы геномного редактирования промышленных микроорганизмов ФГУ ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (919) 761-74-97

E-mail: mari.pakhomova.99@mail.ru

### **231. ВЛИЯНИЕ НЕФТЕВЫТЕСНЯЮЩЕЙ КОМПОЗИЦИИ И ЕЕ КОМПОНЕНТОВ НА ПЛАСТОВУЮ МИКРОФЛОРУ РАЗНЫХ ГРУПП**

*Овсянникова В. С., Щербакова А. Г.*

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт химии нефти Сибирского отделения Российской академии наук, Томск (Россия)

В ИХН СО РАН для решения проблем увеличения нефтеотдачи разрабатываются новые нефтевытесняющие композиции, в том числе на основе глубоких эвтектических композиций (ГЭР), для разных климатических условий, например, северных территорий и Арктики. В частности, разработана и протестирована многофункциональная композиция МИКА (МФК МИКА), обладающая свойствами нефтевытеснения и выравнивания фронта вытесняющей жидкости. Показано, что ее компоненты глицерин и карбамид в лабораторных условиях положительно повлияли на рост пластовых углеводородокисляющих (УОБ) и денитрифицирующих (ДНБ) бактерий. Присутствие же ком-

понента борной кислоты как индивидуально, так и в системах с карбамидом и глицерином подавляло рост ДНБ. Сама МФК МИКА при разбавлении в 20-50 раз вызывала рост УОБ и ДНБ, а в более концентрированных растворах – подавляла. Коррозионно-опасная группа серувосстанавливающих бактерий (СВБ) чаще снижала численность в присутствии как отдельных компонентов, так и МФК МИКА в разных концентрациях.

Двухлетний анализ в ходе опытно-промышленных работ с применением МФК МИКА на пермокарбонной залежи Усинского месторождения показал ее стимулирующее влияние на углеводородокисляющую микрофлору через 1-3 месяца после закачки с последующим снижением через 9-10 месяцев после ее окончания. На трех из пяти проанализированных участков численность ДНБ возрастала, а СВБ – уменьшалась. Этот эффект снижался через 9-10 месяцев, по мере многократного разбавления композиции и выхода ее из пласта.

В практическом плане, обработка нагнетательных скважин композициями на основе ГЭР может вызвать два положительных эффекта со стороны микрофлоры: рост численности УОБ и ДНБ, как потенциальных агентов нефтевытеснения, и подавление активности СВБ, как агента сульфидной коррозии оборудования.

Работа выполнена в рамках государственного задания Института химии нефти Сибирского отделения Российской академии наук, финансируемого Министерством науки и высшего образования Российской Федерации (НИОКТР № 121031500048-1)

Овсянникова Варвара Сергеевна, старший научный сотрудник лаборатории коллоидной химии нефти Института химии нефти СО РАН. Томск, РФ  
Телефон +7 (913) 874-73-63  
E-mail varja@ipc.tsc.ru

**232. ИЗМЕНЕНИЕ  
ВОСПРИИМЧИВОСТИ БАКТЕРИЙ  
К АНТИБИОТИКАМ В СМЕШАННЫХ  
СООБЩЕСТВАХ: МОЛЕКУЛЯРНЫЕ  
АСПЕКТЫ**

*Каюмов А.Р., Тризна Е.Ю., Миронова А.В.,  
Федорова М.С.*

ФГАОУ ВО Казанский (Приволжский)  
федеральный университет

**Введение:**

В последнее десятилетие все больше внимания уделяется смешанным бактериальным культурам. Понимание механизмов и последствий межвидовых взаимодействий бактерий в консорциумах позволит скорректировать рекомендации по антимикробной терапии в зависимости от состава инфекции.

**Материалы и методы:**

Подсчет КОЕ, дифференциальное окрашивание, конфокальная микроскопия, количественный ОТ-ПЦР-РВ, транскриптомика.

**Результаты**

В докладе приводятся данные по изменению структуры, состава матрикса двувидовых биопленок и их проницаемости для антибиотиков. Обсуждаются механизмы этих изменений на основе данных транскриптомного анализа и количественной ОТ-ПЦР-РВ.

По данным микроскопии **двувидовые биопленки *S. aureus-E. coli* и *S. aureus-K. pneumoniae* становятся более пористыми и *S. aureus* расположен в нижних слоях биопленок. Биопленка *S. aureus-P. aeruginosa* наоборот становится более плотной с перемещением стафилококка в верхние слои.**

В биопленке *S. aureus-K. pneumoniae* увеличивается содержание бета-полисахаридов и снижается количество белков. В матриксе биопленки *S. aureus-P. aeruginosa* снижаются альфа-полисахариды и белки. Кроме того, в биопленках *S. aureus* с *P. aeruginosa* или *K. pneumoniae* **подавляется транскрипция *ica*-оперона *S. aureus* и повышается транскрипция генов полисахаридов в *P. aeruginosa* и *K. pneumoniae*.** В двувидовых биопленках повышается проницаемость матрикса для фторхинолонов. **Данный эффект сохраняется при внесении культуральной жидкости *S. aureus* к биопленкам *P. aeruginosa*, *E. coli*, *K. pneumoniae* и повышает чувствительность бактерий к антибиотикам.**

**Заключение**

Таким образом, в составе смешанного сообщества происходит изменение состава внеклеточного матрикса и ее структуры, что в свою очередь может приводить к изменению ее проницаемости для антимикробных препаратов. Понимание этих аспектов может способствовать эффективному подбору подходов для терапии инфекций, ассоциированных с образованием микробных биопленок. Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ (проект № 20-64-47014).

Каюмов Айрат Рашитович, заведующий кафедрой генетики ФГАОУ ВО Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, Россия  
Телефон +7 (904) 665-19-08  
E-mail: kairatr@yandex.ru

**233. МОДИФИКАЦИЯ ЛИГНИНА  
СЕКРЕТИРУЕМЫМ ФЕРМЕНТНЫМ  
КОМПЛЕКСОМ РЕКОМБИНАНТНОГО  
ШТАММА *PENICILLIUM CANESCENS*,  
СОДЕРЖАЩИМ УНИВЕРСАЛЬНУЮ  
ПЕРОКСИДАЗУ VP2 *TRAMETES HIRSUTA***

*Савинова О.С., Чулкин А.М., Федорова Т.В.*

Федеральный исследовательский центр  
«Фундаментальные основы биотехнологии»  
Российской академии наук Москва, Россия

Универсальные пероксидазы (VP; КФ 1.11.1.16) входят в состав секретируемого лигнолитического ферментного комплекса грибов белой гнили. Благодаря своим свойствам, VP могут использоваться для трансформации различных соединений, что имеет большое биотехнологическое значение. Грибы рода *Trametes* – перспективные объекты для получения пероксидаз с целью изучения их свойств и последующего применения. В геноме *Trametes hirsuta* LE-BIN072 найдено 2 гена, кодирующих изоферменты VP, один из которых (VP2) обнаруживается в секретах *T. hirsuta* в разных условиях, однако его выделение из нативного источника затруднительно.

В настоящей работе штамм *Penicillium canescens* PCA-10 (*niaD*<sup>-</sup>, мутант по нитратредуктазе) успешно использован для получения рекомбинантного штамма *P. canescens* pVP2D-6, способного секретировать VP2 *T. hirsuta*. Целевой ген клонирован в *P. canescens* под контролем промотора β-галактозидазы. Наличие VP2 в КЖ подтверждено MALDI TOF/TOF MS/MS.

Поскольку пероксидазам отводят ведущую роль в деструкции лигнина (AL), проведена оценка способности секрета нового штамма, включающего VP2, к модификации AL. К раствору AL добавляли концентрированную КЖ нового штамма и инкубировали 144 ч (концентрация AL - 1 г/л, смесь желто-коричневая). За 24 ч смесь обесцвечивалась на 11 %, а к 144 ч – на 28% по сравнению с исходным. Обесцвечивание не наблюдалось с КЖ реципиента. Полученные результаты свидетельствуют о том, что рекомбинантная VP2 гриба белой гнили *T. hirsuta* способна модифицировать структурные звенья AL. Однако VP2, по всей видимости, в первую очередь окисляет фенольные фрагменты AL. Полученный штамм *P. canescens* pVP2D-6 будет использован для выделения изофермента VP2 и изучения его свойств, что в дальнейшем поможет определить механизм деградации AL грибами белой гнили рода *Trametes*, тем самым открыть перспективы для направленного применения ферментов лигнолитического комплекса грибов, в частности пероксидаз. Работа поддержана Российским Научным Фондом (грант № 22-74-00078).

Савинова Ольга Сергеевна, научный сотрудник лаборатории молекулярных основ биотрансформаций ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия. Телефон: +7 (916) 520-95-15  
E-mail: savinova\_os@rambler.ru

#### 234. ФАКТОРЫ, ВЛИЯЮЩИЕ НА СТАБИЛЬНОСТЬ ТРИМЕРНОЙ ФОРМЫ 2'-ДЕЗОКСИУРИДИН-5'-ТРИФОСФАТНУКЛЕОТИДГИДРОЛАЗЫ *ESCHERICHIA COLI*

А.А. Кириленко<sup>а</sup>, Е.А. Коваленко<sup>а</sup>, А.В. Юджина<sup>б,с</sup>,  
А.В. Ендуткин<sup>б</sup>, Е.П. Панфёрова<sup>б</sup>,  
А.А. Коханенко<sup>а</sup>, Д.О. Жарков<sup>б,с</sup>

<sup>а</sup> Томский государственный университет, Томск

<sup>б</sup> Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН,  
Новосибирск

<sup>с</sup> Новосибирский государственный университет,  
Новосибирск

Неканонические нуклеотиды встречаются в пуле мононуклеотидов вследствие повреждения или могут присутствовать как метаболиты. Встраивание таких нуклеотидов ДНК-полимеразами может приводить к возникновению повреждений в ДНК,

что в последствии становится причиной мутаций и в отсутствии репарации ведет к гибели клеток. Клеточный пул dUTP — одного из самых распространенных неканонических нуклеотидов — контролирует дезоксиуридинтрифосфатаза (Dut), которая катализирует реакцию гидролиза dUTP до dUMP.

Активный фермент Dut является монотримером, связывающим субстрат в межсубъединичной области. Механизм действия Dut охарактеризован, но образование активного тримера изучено гораздо хуже. Цель данной работы — изучение физико-химических факторов, влияющих на стабильность тримера Dut *E. coli*.

Стабильность тримерной формы изучалась методом высокоскоростной наномасштабной дифференциальной сканирующей флуориметрии (nanoDSF) по измерению собственной флуоресценции белка. Dut содержит только один остаток Trp, и при сборке белка в тример три Trp располагаются в межсубъединичной полости, контактируя друг с другом. Так, ожидается, что с повышением температуры интенсивность флуоресценции Trp будет меняться при распаде тримера Dut, а затем при денатурации мономера.

В рамках работы было показано, что увеличение ионной силы раствора ведет к стабилизации тримера Dut, которая обеспечивается гидрофобными взаимодействиями. Ожидаемо, тример Dut наиболее стабилен при физиологических значениях pH, однако в слабощелочных условиях тример демонстрирует гораздо большую стабильность, чем в слабокислых, а молекулярный крайдинг не оказывает значительного влияния на стабильность тримера.

Таким образом, метод nanoDSF — удобный и быстрый инструмент для оценки стабильности тримерной формы Dut в присутствии различных соединений, что позволит в будущем проводить скрининг соединений на способность нарушать стабильность тримера Dut с целью поиска новых антиметаболитов для борьбы с бактериальными инфекциями.

Исследование поддержано Программой развития Томского государственного университета (Приоритет-2030). Структурный анализ выполнен при поддержке Министерства науки и высшего образования РФ (соглашение 075-15-2022-263). Секвенирование ДНК выполнено сотрудниками ЦКП “Геномика” СО РАН.



Кириленко Анна Андреевна, младший научный сотрудник лаборатории Экологии, генетики и охраны окружающей среды НИ ТГУ, Томск, Россия. Телефон: +7 (923) 417-41-76  
E-mail: annaakirilenko@gmail.com

### 235. АДАПТИВНЫЕ ИЗМЕНЕНИЯ УЛЬТРАСТРУКТУРНОЙ ОРГАНИЗАЦИИ БАКТЕРИАЛЬНОЙ КЛЕТКИ ПРИ РОСТЕ В УСЛОВИЯХ СТРЕССА И ПОКОЯ

Поливцева В.Н., Иминова Л.Р., Звонарев А.Н., Сузина Н.Е., Соляникова И.П.

ФИЦ «Пушинский научный центр биологических исследований» РАН,  
Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г. К. Скрыбина РАН

Бактериальная деструкция распространенный метод деструкции поллютанов антропогенного происхождения из-за своей рентабельности и экологической безопасности. Причины выживаемости бактерий в условиях стрессового воздействия токсиканта зачастую остаются не изучены, между тем понимание механизмов адаптации к стрессовым условиям может лежать в основе создания эффективных биопрепаратов.

Выделение изолятов производилось из накопительных культур с минеральной средой с целевым поллютантом. Определение жизнеспособности клеток осуществлялось: 1) культуральными методами (подсчет КОЕ), 2) с применением флуоресцентной микроскопии. Электронная просвечивающая микроскопия использовалась для выявления ультраструктурных изменений клеток.

Состояние покоя у неспорообразующих клеток *Rhodococcus* sp. 7Ba вызвало изменения на ультраструктурном уровне: цитоплазма покоящихся клеток более конденсирована, в цитоплазме практически не обнаруживаются специфические включения, характерные для вегетативных клеток, пептидогликановая оболочка более рыхлая. При этом штамм 7Ba сохранил жизнеспособность и способность к деградации фенола до 1 г/л после 1,5 лет хранения. На ультраструктурном уровне выявлены морфологические изменения в клетке, вызванные стрессом при росте штамма 7Ba на среде с фенолом (0,5 г/л). Обнаружено, что рост на феноле не вызывает деструктивных изменений в клетке, даже при длительном (20 дней) культивировании при концентрации субстрата до 1 г/л. Цитохимически выявлена полисахаридная капсула

у клеток штамма 7Ba, при этом ее наличие не зависит от субстрата для роста. Изучение роста клеток спорообразующих бактерий на глифосате (0,5 г/л) показало, что, хотя субстрат не является оптимальным, клетка способна расти на нем. Для клеток штамма *Rossellomorea* sp. GP5-7 и *Paenibacillus* sp. GP5-2 обнаружилось изменения ультраструктуры клеток, вызванные действием гербицида.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-24-00590, <https://rscf.ru/project/23-24-00590/>.

Поливцева Валентина Николаевна, старший научный сотрудник лаборатории цитологии микроорганизмов ФИЦ ПНЦБИ РАН, Пушкино, Россия.  
E-mail: v.polivtseva@pbcras.ru

### 236. АДАПТАЦИОННЫЕ СТРАТЕГИИ *HELICOBACTER PYLORI*

Жуховицкий В.Г.

ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» МЗ РФ

*Helicobacter pylori*, открытый Робинот Уорреном и описанный им совместно с Бэрри Маршаллом (Warren J.R., Marshall B.J., 1983), распространён в человеческой популяции весьма широко: в первом приближении, им инфицировано не менее половины населения Земли. В ходе совместной эволюции с видом *Homo sapiens*, насчитывающей не менее 60 000 лет, *H. pylori* выработаны изоэволюционные адаптационные стратегии, позволяющие эффективно колонизировать желудок, персистировать в нём и индуцировать специфический инфекционный процесс. *H. pylori* обладает значительным патогенным потенциалом, складывающимся из разнообразных факторов патогенности (жгутиков, уреазы, липополисахарида, адгезинов, вакуолизирующего токсина, системы секреции 4-го типа). Динамическое взаимодействие факторов патогенности позволяет *H. pylori* реализовывать несколько стратегий адаптации к условиям существования в агрессивных условиях желудка.

Тотчас по попадании в просвет желудка *H. pylori* реализует стратегию ацидопротекции: кислая среда активирует инфлюкс мочевины с последующим её гидролизом, вследствие чего формируется область локального защелачивания. Адгезия бактериальных клеток *H. pylori* к клеткам столбчатого эпителия желудка открывает возможность реализации стратегии квазиинвазии: индукции захвата эпителиоцитами, имитирующего фагоцитоз, завершающийся формированием фагосомы.

По достижении множественности популяции некоего критического значения реализуется стратегия биоплёнкообразования: формируется единый структурно-функциональный консорциум бактериальных клеток. В условиях биоплёнки реализуется стратегия образования форм с дефектной клеточной стенкой – вплоть до полной её утраты, приводящей к возникновению персистентов. По проникновению в собственную пластинку *H. pylori* реализует стратегию антигенной мимикрии под антигены системы Lewis, экспрессирующиеся на мембране эпителиоцитов.

Реализация упомянутых адаптационных стратегий обеспечивает *H. pylori* эффективное противостояние факторам коррекции гомеостаза хозяина.

**Ключевые слова:**

*Helicobacter pylori*, адаптация

Жуховицкий Владимир Григорьевич, заведующий лабораторией индикации и ультраструктурного анализа микроорганизмов ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия  
Телефон: +7 (962) 938 22 76

E-mail: zhukhovitsky@rambler.ru

### 237. РАЗНООБРАЗИЕ

#### МИКРОВОДОРОСЛЕЙ ЭПИФИТНЫХ СООБЩЕСТВ ВЫСШИХ РАСТЕНИЙ УРБАНИЗИРОВАННЫХ ТЕРРИТОРИЙ

*Кучина Дарья Денисовна*

ФГБОУ ВО «Петрозаводский государственный университет»

Для оценки биоразнообразия микроводорослей эпифитных сообществ высших растений урбанизированных территорий выполнен эколого-морфологический и таксономический анализ эпифитной альгофлоры коры *Pinus sylvestris* и *Picea abies*.

Кору отбирали на высоте 120-140 см над уровнем почвы, равномерно по периметру ствола. Альгологический материал высевали на основную среду Болда. Культивирование выполняли в условиях климатостата марки «В2» с заданными условиями температурного режима — 22 °С, освещенности — 3500 лк и фотопериода — 12 ч свет/12 ч темнота. По мере накопления биомассы микроводорослей (МВ) оценивали их биоразнообразие на основе цитологических признаков, которые фиксировали на прижизненных препаратах с использованием

микроскопа Motic DM-BA-30, оснащенного цифровой камерой MoticamPro и программой Motic Images Advanced 3.2.

В результате выполненного исследования, среди микроводорослей эпифитных сообществ *P. sylvestris* и *P. abies* были обнаружены, как свободн-живущие одиночные клетки, так и целостные колонии. Среди одиночных клеток и одноклеточных цианоидов колоний преобладали шарообразные и эллипсоидные формы. Основные формы клеток, образующие трихомы представлены коротко- и удлиненно-эллипсоидными и квадратно-цилиндрическими клетками. Редко встречались гетерополярные клетки со слизистыми образованиями, необходимыми для прикрепления к субстрату. Независимо от вида форофита, в составе экологической группировки МВ установлено доминирование представителей синезелёных водорослей — *Anabaena* spp., *Nostoc* spp. и зелёных водорослей — *Klebsormidium* spp., *Pleurococcus* spp., *Desmococcus* spp.

Полученные первичные данные по разнообразию МВ эпифитных сообществ высших растений урбанизированных территорий важны, как для накопления знаний в области прикладной альгологии, так и для решения природоохранных вопросов, связанных с использованием данных МВ для целей биомониторинга.

Кучина Дарья Денисовна, студентка 4-го курса бакалавриата направления «Экология и природопользование» ИБЭАТ ФГБОУ ВО «Петрозаводский государственный университет» (ПетрГУ), Петрозаводск, Россия.

Телефон: +7 (911) 591-47-61

E-mail: Nabriz48@yandex.ru

## 238. ТРАНСПЛАНТАЦИЯ ФЕКАЛЬНОЙ МИКРОБИОТЫ ПРИ ВИРУСНОЙ И СМЕШЕННОЙ БАКТЕРИАЛЬНОЙ ИНФЕКЦИИ У РЕЦИПИЕНТОВ АЛЛО-ТГСК

Ю.А. Беспятых<sup>1,2,3</sup>, А.В. Господарик<sup>1</sup>,  
Г.З. Серёгин<sup>4</sup>, Я.Д. Шанский<sup>1</sup>, А.В. Комарова<sup>1,3</sup>,  
С.С. Есиев<sup>1</sup>, Жгун Е.С.<sup>1</sup>, Г.О. Бронин<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Федеральный научно-клинический центр физико-химической медицины имени академика Ю.М. Лопухина, Москва, Российская Федерация

<sup>2</sup> Национальный научно-исследовательский институт общественного здоровья имени Н.А. Семашко, Москва, Российская Федерация

<sup>3</sup> Российский химико-технологический университет имени Д.И. Менделеева, Москва, Российская Федерация

<sup>4</sup> Морозовская детская городская клиническая больница, Москва, Российская Федерация

Вторичный иммунодефицит у реципиентов аллогенной трансплантации гемопоэтических стволовых клеток (алло-ТГСК) часто сопровождается бактериальными и вирусными инфекциями желудочно-кишечного тракта, резистентными к конвенциональным методам терапии. Трансплантация фекальной микробиоты (ТФМ) способствует реколонизации кишечника и купированию симптомов поражения желудочно-кишечного тракта.

Цель исследования заключалась в профилактике и терапии различных желудочно-кишечных осложнений у пациентов от 1 до 18 лет после аллогенной трансплантации костного мозга методом трансплантации фекальной микробиоты.

В исследование включено 14 пациентов (от 1.6 до 17 лет) после алло-ТГСК с кишечными инфекциями. Всем пациентам проведена ТФМ следующими способами: введение жидкой фракции (n=20); прием пероральных капсул лиофилизированного материала (n=3). В кале пациентов на всех этапах, как до проведения ТФМ, так и после трансплантации, оценивали наличие патогенной кишечной флоры, включая вирусы; проводили качественный и количественный состав короткоцепочечных жирных кислот и желчных кислот.

Клинический эффект достигнут у 13 из 14 пациентов. У большинства пациентов нежелательные явления сводились к тошноте в день процедуры, метеоризму в первые 24-72 часа от процедуры. После двух процедур нивелирован кишечный синдром, анализы на РНК астровируса; кластри-

диальные токсины и энтероинвазивную *E. coli* отрицательные. Увеличилось содержание холевой и дезоксихолевой кислот в кале, а также их конъюгатов с глицином и таурином; увеличилось содержание уксусной кислоты с одновременным снижением уровня пропионовой кислоты, что указывает на восстановление функционального потенциала кишечной микробиоты.

Трансплантация фекальной микробиоты способствует восстановлению нормальной микрофлоры кишечника, устранению токсинов у реципиентов алло-ТГСК, что подтверждается показателями метаболитов в том числе, и может быть использована у реципиентов алло-ТГСК с течением инфекций, рефрактерных к конвенциональному лечению

Беспятых Юлия Андреевна - к.б.н., руководитель центра молекулярной медицины и диагностики, заведующая лабораторией молекулярной медицины ФГБУ ФНКЦ ФХМ им Ю.М. Лопухина ФМБА России, доцент кафедры экспертизы в допинг- и наркоконтроле РХТУ им. Д.И. Менделеева (Москва, Россия), окружной внештатный специалист ФМБА по клинической микробиологии и антибиотикорезистентности

Телефон: +7 (909) 961-18-46

E-mail: JuliaBespyatykh@gmail.com

## 239. ПЕРВЫЕ ОБЛИГАТНО АВТОТРОФНЫЕ АЦЕТОГЕННЫЕ БАКТЕРИИ

Гололобова А.В., Лебединский А.В., Ельченинов А.Г., Кубланов И.В., Фролов Е.Н.

Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского, ФИЦ биотехнологии РАН

Ацетогенные бактерии – это физиологическая группа микроорганизмов, которые в ходе анаэробного дыхания образуют ацетат из 2 молекул CO<sub>2</sub>. Наиболее примечательным свойством данных бактерий является их способность к автотрофному росту в присутствии H<sub>2</sub>. До настоящего времени были известны факультативно автотрофные и гетеротрофные ацетогенные бактерии, а существование облигатно автотрофных ацетогенов считалось маловероятным. Целью данной работы являлось выделение, физиологическая и филогенетическая характеристика первых облигатно автотрофных ацетогенных бактерий.

Из источника Каскадный кальдеры Узон полуострова Камчатка был выделен умеренно термо-

фильный штамм 3443-3Ac, клетки которого имели вид неподвижных палочек и были способны к спорообразованию. Новый изолят рос исключительно в анаэробных хемолитоавтотрофных условиях в присутствии  $H_2/CO_2$ , CO или формиата и не требовал внесения витаминов. Штамм 3443-3Ac также восстанавливал  $S^0$  и  $S_2O_3^{2-}$  до сульфида. На основании филогенетического анализа было показано, что штамм 3443-3Ac является представителем нового рода и нового вида *Aceticella autotrophica* gen. nov., sp. nov.

Из термальных почв Нефтяной площадки кальдеры Узон был выделен штамм 3819-GS1, клетки которого имели вид подвижных палочек и были способны к спорообразованию. Новый изолят также рос исключительно в анаэробных хемолитоавтотрофных условиях, но только в присутствии  $H_2/CO_2$ . Штамм 3819-GS1 не требовал внесения витаминов. Показана способность к восстановлению  $S^0$  до сульфида. На основании филогенетического анализа было предложено отнести штамм 3819-GS1 к новому роду и новому виду *Acetitalea autotrophica* gen. nov., sp. nov.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 21-14-00242.

Гололобова Александра Вадимовна, м.н.с. лаборатории метаболизма экстремофильных прокариот ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (965) 247-50-12

E-mail: sasha.gololobova@yandex.ru

#### **240. ИСТОЧНИК ТЕРМОФИЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ В ПСИХРОФИЛЬНЫХ ОСАДКАХ ОЗЕРА БАЙКАЛ – ГИДРОТЕРМЫ НА ПОБЕРЕЖЬЕ ОЗЕРА ИЛИ ГЛУБИННЫЕ ФЛЮИДЫ?**

*Павлова О.Н., Черницына С.М., Земская Т.И.*

<sup>1</sup>ФГБУН Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук, Иркутск

Ранее в донных осадках (ДО) оз. Байкал, ассоциированных с разгрузкой углеводородов (метановый сип [м/с], грязевой вулкан [г/в], нефтяные сипы [н/с]) были обнаружены термофильные бактерии. Анализ фрагментов гена 16S рРНК клональных библиотек термофильных накопительных культур с ДО из этих геологических структур выявил представителей родов *Caloramator* sp., *Tepidanaerobacter* sp., *Caldanaerobius* sp., *Symbiobacterium* sp., *Fervidicola* sp., *Desulfotomaculum* sp., *Caldinitratir-*

*uptor* sp., *Planifilum* sp. и *Thermaerobacter* sp. [Ханаева и др., 2017; Павлова и др., 2019; Pavlova et al., 2023]. Выдвинуто две гипотезы появления термофильных прокариот в психрофильных осадках оз. Байкал. Первая – поступление микроорганизмов с минерализованными углеводородсодержащими флюидами из зоны генерации углеводородов, аналогично морским осадкам; вторая – поступление из термальных источников, расположенных на побережье оз. Байкал, последующее их распределение с помощью сложной системы градиентно-конвективных течений в водной толще и захоронение в поверхностных ДО.

Целью исследований являлась проверка второй гипотезы. Для этого проведен сравнительный анализ разнообразия микробных сообществ 4-х наземных горячих источников (ГИ) (Котельниковский, Давшинский, Хакусский, Змеиный), расположенных на побережье оз. Байкал и донных осадков, отобранных из м/с, г/в, н/с, а также фонового района. Микробное сообщество источников Змеиный и Давшинский представлено, в основном, филумом *Proteobacteria* (91–98%, соответственно). Наиболее разнообразным по составу было микробное сообщество источника Хакусский. В нем, в сравнении с другими ГИ, выявлено наибольшее представительство филумов-кандидатов, которые зачастую находятся среди редко представленных таксонов, вместе с тем играют важную роль в функционировании биотопов. В источнике Котельниковский ( $t=78^\circ C$ ) преобладали представители филумов *Deinococcota* (53%) и *Aquificota* (26%). Термофильные *Caldisericot* и *Deinococcota* и умеренно термофильные *Gamma**proteobacteria* были общими для термальных источников и донных осадков из районов разгрузок озера Байкал. Вместе с тем структура последовательностей в библиотеках генов 16S рРНК из горячих источников не была идентичной таковой из библиотек этого гена из донных осадков, водной толщи Байкала и горячих источников, расположенных на территории Байкальской рифтовой зоны, что косвенно подтверждает их различное происхождение. Микроорганизмы, обитающие в гидротермах на побережье оз. Байкал, могут распространяться на большие расстояния с помощью сложных градиентно-конвективных течений. Низкая температура *in situ* воды и ДО озера Байкал не может обеспечить рост и развитие термофильных прокариот. В ГИ, в основном, выявлены аспорогенные микроорганизмы, которые погибают, попадая в воду оз. Байкал, либо даже не поступают

в нее, так как не обнаруживаются в местах впадения источников в озеро. Вероятнее всего, в донных осадках оз. Байкал, действует механизм, описанный для Мирового океана, где эндоспоры термофильных бактерий выносятся на поверхность вместе с мощными потоками газонасыщенных флюидов. Впоследствии эндоспоры пассивно разносятся течениями и оседают в донных отложениях, где сохраняются в течение многих лет и постепенно захораниваются [Volpi et al., 2017]. При благоприятных температурных условиях, которые формируются в глубоких донных отложениях, споры активизируются и прорастают на подходящих субстратах, завершая геологическую микробную петлю жизнеспособных клеток, циркулирующих из глубинной биосферы и обратно в нее [Gittins et al., 2022]. **Исследования выполнены** в рамках гос. задания по теме № 0279-2021-0006.

Павлова Ольга Николаевна, ведущий научный сотрудник лаборатории микробиологии углеводородов Федерального государственного бюджетного учреждения науки Лимнологического института Сибирского отделения Российской академии наук, Иркутск, Россия.

Телефон: +7 (902)-761-28-79

E-mail: pavlova@lin.irk.ru

#### **241. ОЦЕНКА ФУНКЦИОНАЛЬНОГО СОСТОЯНИЯ МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА ПОЧВ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МЕТОДА МУЛЬТИСУБСТРАТНОГО ТЕСТИРОВАНИЯ**

*Данилова Е.А.*

ФГБОУ ВО «Петрозаводский государственный университет»

Исследование функционального состояния микробиоты почв имеет огромное экологическое значение для понимания особенностей микробиоты почвы, включая его участие в процессах почвообразования и круговороте веществ, обеспечивающих гомеостаз экосистемы. С помощью почвенных микроорганизмов в биогеоценозах гомеостаз осуществляется в отношении поддержания на постоянном, характерном для данного типа почвы уровне органического вещества и доступных макроэлементов, процессы превращения которых находятся под контролем ферментов, которые можно оценить методом мультисубстратного тестирования (МСТ). В связи с вышесказанным, цель дан-

ного исследования заключалась в оценке функционального состояния микробного сообщества почв с использованием метода МСТ.

Объектом исследования послужили почвы Республики Карелия, отобранные в различных районах республики. Для оценки функционального состояния микробиоценоза исследуемых почв, отбор образцов был выполнен случайным образом согласно ГОСТ 17.4.4.02-2017. В лабораторных условиях из микрофлоры исследуемых образцов почвы выделены чистые культуры гетеротрофных бактерий, оценены морфологические и биохимические особенности доминантных культур. Для МСТ применены коммерческие микробиологические тест-системы, содержащие субстрат реакции в питательной среде.

В результате проведенного исследования из микрофлоры исследуемых образцов почвы фонового биогеоценоза выделены представители домена *Bacteria* – истинные бактерии или *Eubacteria* трех типов: *Actinobacteria*, *Firmicutes* и *Proteobacteria*. Таксономическая идентификация представителей данных типов была установлена согласно фенотипическим признакам, регламентированным «Bergey's Manual of Systematic Bacteriology».

Данилова Евгения Александровна, студент ФГБОУ ВО ПетрГУ, Петрозаводск, Россия.

Телефон: +7 (953) 536-54-29

E-mail: Dorriss@bk.ru

#### **242. УМЕРЕННЫЕ БАКТЕРИОФАГИ В13 И В473, ИНФИЦИРУЮЩИЕ ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ ГРУППЫ *BACILLUS CEREUS SENSU LATO***

*Казанцева О.А., Шадрин А.М.*

Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г. К. Скрыбина, ФИЦ ПНЦБИ РАН, Пущино, Россия

#### **Введение:**

На 2023 год имеется ограниченная картина разнообразия фагов: в NCBI загружено более 18000 полных геномов, а в списке ICTV находится 4079 установленных видов фагов, из которых 522 и 136, соответственно, относятся к *Bacillus*-инфицирующим фагам.

#### **Ключевые слова:**

*Bacillus cereus sensu lato*, бактериофаг, *Caudoviricetes*, siphovirus, *Bunatvirivir*, *Bquatseptrivir*

### Материалы и методы:

Исследование было выполнено с использованием методов, применяемых при анализе фагов и оценке их физиологических характеристик: индукция Митомицином С, определение специфичности, рН- и термостабильности, NGS-технологии, рестрикционный анализ, электронная микроскопия, сравнительный геномный и филогенетический анализы и другие методы.

### Результаты:

Фаги В13 и В473 обладающие литической активностью в отношении бактерий рода *Bacillus*, были индуцированы из штаммов *B. cereus* VKM В-13 и *B. cereus* VKM В-473 с помощью митомицина С, соответственно. Геномы В13 и В473 - линейные двунитевые ДНК длиной 36864 п.н. (34,8% GC-состав) и 41205 п.н. (34,9% GC-состав) соответственно. Функционально аннотировано 30 (56,6%) и 34 (56,7%) открытых рамок считывания из 53 и 60, присутствующих в геномах В13 и В473, соответственно. Анализ показал, что оба фага обладают морфотипом «siphovirus». Филогенетически В13 и В473 значительно удалены от ближайших родственных вирусов и каждый из них образует отдельную кладу на филогенетической дендрограмме. Нуклеотидная идентичность В13 и *Bacillus* phage ВМВtr1 составляет менее 28%, также как и между В473 и *Bacillus* phage В13. Таким образом, согласно критериям международного комитета по таксономии вирусов, фаги В13 и В473 представляют новые высокоранговые вирусные таксоны.

### Заключение:

В13 и В473 являются представителями и основателями двух новых родов бактериофагов: род *Bunatrivirus* и род *Vquatsseptrivirus*, что приводит к расширению таксономической классификации и дополняет современное представление о разнообразии вирусов.

Исследование было выполнено при поддержке гранта РФФИ № 22-15-00385.

Казанцева Олеся Андреевна, младший научный сотрудник лаборатории «Биологии вирусов бактерий», Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН Федеральный исследовательский центр «Пушкинский научный центр биологических исследований» РАН, Пушкино, Россия.

Телефон: +7 (915) 254-54-83

E-mail: olesyakazantseva@bk.ru

## 243. НОВЫЕ АНАЭРОБНЫЕ БАКТЕРИИ ЦИКЛА ЖЕЛЕЗА, ВЫДЕЛЕННЫЕ ИЗ ЭССЕНТУКСКОГО И НАГУТСКОГО МЕСТОРОЖДЕНИЙ МИНЕРАЛЬНЫХ ВОД

*Заварзина Д.Г.<sup>1</sup>, Прокофьева М.И.<sup>1</sup>, Подосокорская О.А.<sup>1</sup>, Клюкина А.А.<sup>1</sup>, Меркель А.Ю.<sup>1</sup>, Пухтерева В.А.<sup>1</sup>, Маслов А.А.<sup>2</sup>, Гаврилов С.Н.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> Институт микробиологии им.

С.Н. Виноградского ФИЦ Биотехнологии РАН  
Москва, Россия

<sup>2</sup> Геологический факультет МГУ им.  
М.В. Ломоносова, Москва, Россия

Эссентукское (ЕММВ) и Нагутское (НММВ) месторождения минеральных вод расположены в Предкавказье в северной части региона Кавказских минеральных вод, в 40 км друг от друга. Добыча термальных минеральных соляно-щелочных углекислых (Na-HCO<sub>3</sub>-Cl) вод «эссентукского типа» в обоих месторождениях ведется из верхне-(K<sub>1</sub>) и нижнемелового (K<sub>2</sub>) водоносных горизонтов с глубины 800–1500 м. На сегодняшний день нет единой точки зрения на взаимосвязь процессов генезиса минеральных вод этих месторождений, а также на причины существующих между ними геохимических отличий.

Для исследования микробных сообществ, населяющих меловые водоносные горизонты ЕММВ и НММВ, нами были применены как методы классической микробиологии, так и молекулярные методы, включающие высокопроизводительное секвенирование участков гена 16S рНК и метагеномный анализ.

Расчёты бета-разнообразия микробных сообществ ЕММВ и НММВ позволили подтвердить предположения гидрогеологов о существующей генетической и пространственной связи этих месторождений. Метагеномный анализ показал, что в исследуемых водоносных горизонтах присутствуют анаэробные микроорганизмы, получающие энергию от восстановления трех- и окисления двухвалентного железа. Культивирование на селективных средах с ферригидритом Fe(OH)<sub>3</sub> или сидеритом FeCO<sub>3</sub> позволило получить накопительные и чистые культуры микроорганизмов, получающих энергию за счет трансформации этих минералов железа. Железоредактирующие бактерии представляли новые таксоны в филумах *Actinobacterota* (ранее некультивируемая груп-

па OPB41) и *Synergistetes*, а также в семействе *Melioribacteraceae*. Анаэробные железобактерии относились к родам *Ciceribacter* и *Bradyrhizobium*.

Полученные результаты существенно расширили представления о биоразнообразии подземной биосферы, выявили неизвестные ранее метаболические возможности известных таксономических групп бактерий (ризобий) и позволили статистическими методами анализа микробных сообществ подтвердить предполагаемое единство генезиса минеральных вод исследованных водоносных горизонтов двух месторождений Кавказских минеральных вод.

Заварзина Дарья Георгиевна, старший научный сотрудник лаборатории метаболизма экстремофильных прокариот ИНМИ им. С.Н. Виноградского ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон +7 (499) 135-04-58

E-mail: zavarzinatwo@mail.ru

#### **244. НОВЫЙ ПСИХРОФИЛЬНЫЙ МЕТАНОТРОФ РОДА *METHYLOCAPSA* ИЗ БОЛОТА СУБАРКТИКИ**

*С.Э. Белова, К.К. Мирошников, С.Н. Дедыш*  
ФИЦ Биотехнологии РАН

Метанотрофные бактерии рода *Methylocapsa* являются типичными обитателями кислых болот и почв. Представители этого рода играют важную роль агентов окисления метана - второго по значимости парникового газа на Земле – в северных наземных экосистемах. Ближайшими филогенетическими родственниками этого рода являются метанотрофы некультивируемой группы Upland Soil Cluster Alpha (USC $\alpha$ ), способные использовать метан в атмосферных концентрациях. Попытки выделения этих организмов в культурах долгое время оставались безрезультатными, что повышает интерес к исследованию *Methylocapsa*-подобных метанотрофов, населяющих северные экосистемы.

Штамм RX был выделен из торфа сфагнового болота (слой 4-8 см, температура торфа 3.5-4 °С) в районе г. Надым, Ямало-Ненецкий АО (N 65° 35' 00.1", E 073° 03' 07") на среде NMS 2:5, pH 5.8. Этот изолят был представлен полиморфными клетками неправильной формы, склонными к образованию биопленок. Штамм RX был способен к росту на метане в диапазоне температур от 4 до 26°C с оптимумом около 17°C, то есть являлся психрофильным метанотрофом. Последовательность

гена 16S рРНК обнаруживала 97.34% сходства с последовательностью этого гена у *Methylocapsa acidiphila* B2<sup>T</sup>.

Геном штамма RX секвенировали на платформе Oxford Nanopore MinION. Сборку генома проводили с помощью пакета Unicycler (v. 0.4.8). Геном состоит из кольцевой хромосомы длиной 4.02 млн. п.н. и плазмиды длиной 290 тыс. п.н. В геноме были обнаружены 1 оперон рРНК, а также 43 гена тРНК. Было показано наличие оперона *pmoCAB*, кодирующего мембранную метанмонооксигеназу, и двух дополнительных копий гена *pmoC*. Последовательность *PmoA* обнаруживала 76.79% сходства с таковой у *Methylocapsa acidiphila* B2<sup>T</sup>. Геном штамма RX содержит 2 копии кластера генов *hox* и один *txa* кластер, кодирующие метанолдегидрогеназы. Способность фиксировать азот обеспечивается кластером *nif* генов, кодирующих Fe-Mo-нитрогеназный комплекс. Полученные данные позволяют предположить принадлежность штамма RX к новому виду рода *Methylocapsa*.

Работа поддержана грантом РФФИ 21-14-00034.

Белова Светлана Эдуардовна, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной экологии и филогеномики бактерий ФИЦ Биотехнологии РАН

E-mail: svet-bel@mail.ru

#### **245. РИБОНУК- ЛЕОТИДРЕДУКТАЗА ДРОЖЖЕЙ ЯВЛЯЕТСЯ НЕПОСРЕДСТВЕННОЙ МИШЕНЬЮ ПРОТЕАСОМЫ И ОБЕСПЕЧИВАЕТ ГИПЕРУСТОЙЧИВОСТЬ К КАНЦЕРОГЕНУ 4-НИТРОХИНОЛИН-1-ОКСИДУ**

*Кулагин К.А., Спасская Д.С., Карпов Д.С.*

Институт молекулярной биологии им.  
В.А. Энгельгардта, Москва, Россия

Различные внешние и внутренние факторы, повреждающие ДНК, постоянно нарушают целостность генома. Обнаружением повреждений и их своевременным исправлением в клетках занимаются многочисленные специализированные системы репарации ДНК. Рибонуклеотидредуктаза (RNR) - ключевой фермент, обеспечивающий репарацию ДНК, путем синтеза дезоксирибонуклеотидтрифосфатов. 4-нитрохинолин-1-оксид (4-NQO), повреждает ДНК за счет ковалентной модифика-

ции азотистых оснований, а также активных форм кислорода, образующихся при его метаболизме в митохондриях. 4-NQO широко используется на животных моделях для изучения процесса злокачественной трансформации клеток. Молекулярные механизмы опосредованной регуляции активности RNR дрожжей хорошо изучены, в то время как о ее прямой регуляции известно мало. В дрожжах не ясно также участвует ли

Цель работы – определить служит ли RNR субстратом протеасомы у *Saccharomyces cerevisiae*.

Уровень содержания субъединиц RNR при обработке штамма дикого типа ингибиторами протеасом, а также в мутантном штамме дрожжей со сниженной активностью протеасомы (YPL) определяли с помощью вестерн-блот анализа. Уровень содержания мРНК субъединиц RNR, а также активность фермента определяли с помощью ПЦР в реальном времени. Устойчивость штаммов дрожжей к действию 4-NQO в отсутствие и в присутствии ингибитора RNR, гидроксимочевина, определяли с помощью выращивания серий разведений дрожжевой культуры на чашках Петри. В результате показано, что уровень содержания и период полураспада большой субъединицы RNR1 увеличивается в присутствии ингибиторов протеасом и в мутантном штамме YPL. Повышенное содержание больших субъединиц RNR1 и RNR3 согласуется с повышенной активностью фермента, что, в свою очередь, согласуется с гиперустойчивостью YPL к 4-NQO. В присутствии ингибитора RNR у YPL снижается устойчивость к 4-NQO до уровня дикого типа.

Таким образом, полученные нами данные свидетельствуют о том, что RNR является непосредственным субстратом протеасомы и обеспечивает сверхустойчивость к 4-NQO у дрожжевого штамма с нарушенной функцией протеасомы.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 22-24-01065.

## 246. РЕГУЛЯЦИЯ ПЕКТИНОЛИЗА У *PECTOBACTERIUM VERSATILE*

Шарангович М.А., Вычик П.В., Дюбо Ю.В., Колубако А.В., Крук А.Н., Кравченко У.А., Николайчик Е.А.

Белорусский государственный университет, Минск, Беларусь

*Pectobacterium versatile* – патоген широкого круга растений. Основные факторы вирулентности этой бактерии – ферменты, разрушающие пектины клеточной стенки растений. *P. versatile* продуцирует 22 пектиназы, отличающиеся друг от друга механизмом действия, субстратной специфичностью, оптимальными для работы физико-химическими условиями. Большинство генов пектинолиза моноцистронны, что позволяет бактерии адаптировать набор ферментов сообразно стадии инфекционного процесса путем транскрипционной регуляции. Анализ сайтов связывания транскрипционных факторов (ССТФ) перед генами пектинолиза может дать представление о путях регуляции экспрессии последних.

С помощью программы Sigmoid и веб-ресурса VacRegDB в регуляторных областях генов пектинолиза *P. versatile* 3-2 обнаружены потенциальные ССТФ для PhoP, Cbl, SlyA, CRP, OmpR, ArcA, FNR, KdgR. Для части регуляторов получены мутантные штаммы и конструкции для сверхэкспрессии соответствующих генов. Экспериментально подтверждено влияние генов *phoP*, *cbl* и *slyA* на пектолитическую активность *P. versatile*.

Анализ расположения ССТФ и экспериментальные данные позволяют заключить, что

- набор ССТФ уникален для каждой регуляторной области;
- экспрессия генов пектиназ больше зависит от глобальных регуляторов PhoP, FNR и OmpR, чем от KdgR;
- SlyA контролирует все 4 гена основного пектолитического кластера *pelApelBpelCpelZ*;
- несколько пектолитических генов контролирует Cbl (состав регулона исследуется);
- *phoP* регулирует *cbl*, формируя транскрипционный каскад, с учетом которого PhoP является основным регулятором пектинолиза.

С учетом свойств регуляторов наш анализ подчеркивает роль концентраций дивалентных катионов (через PhoPQ), анаэробноза (FNR и ArcA) и фенольных соединений (SlyA) в контроле интенсивности и очередности экспрессии пектиназ.



А расположение ССТФ в геномах родственных штаммов пектобактерий показывает, что регуляция ортологичных генов часто радикально отличается, что может определять особенности их взаимодействия со своими хозяевами.

Шарангович Максим Андреевич, стажёр младшего научного сотрудника НИЛ трансгенных растений кафедры молекулярной биологии БГУ, Минск, Беларусь.

Телефон: +375-44-797-99-17

E-mail: msharangovichus@gmail.com

#### **247. МИКРОБНЫЕ СООБЩЕСТВА В ПЛАНКТОНЕ И БЕНТОСЕ ОЗЕРА ХУБСУГУЛ (МОНГОЛИЯ): СОСТАВ И ТОКСИЧНОСТЬ ЦИАНОБАКТЕРИЙ, УСЛОВНО-ПАТОГЕННЫЕ БАКТЕРИИ, КАЧЕСТВО ВОДЫ**

*Белых О.И.<sup>1</sup>, Сороковицова Е.Г.<sup>1</sup>, Томберг И.В.<sup>1</sup>, Федорова Г.А.<sup>1</sup>, Кузьмин А.В.<sup>1</sup>, Краснопеев А.Ю.<sup>1</sup>, Сулова М.Ю.<sup>1</sup>, Потапов С.А.<sup>1</sup>, Белых Т.И.<sup>2</sup>, Норовсурэн Ж.<sup>3</sup>, Тихонова И.В.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> Лимнологический институт СО РАН,

<sup>2</sup> Байкальский государственный университет,

<sup>3</sup> Институт Биологии Академии наук Монголии

**Цианобактерии – древние автофототрофные микроорганизмы – распространены повсеместно в водных экосистемах. При благоприятных условиях, таких как избыток биогенов, повышение температуры и освещенности, они начинают интенсивно размножаться в водоемах, формируя планктонные и бентосные цветения. Около 75% цветений воды цианобактериями являются токсичными. Цель работы – изучение разнообразия бактерий, поиск токсигенных и токсичных цианобактерий и оценка качества воды в олиготрофном оз. Хубсугул в Монголии. Пробы воды и биопленок отобраны в июле 2017 г. в прибрежье и пелагиали озера. В работе использовали комплекс гидрохимических, микроскопических, генетических, аналитических и микробиологических методов. Впервые в древнем и крупнейшем озере Земли – Хубсугуле – обнаружены цианобактерии, содержащие гены синтеза микроцистинов (МС), принадлежащие родам *Nostoc*, *Microcystis* и *Snowella*. В биопленках детектированы МС, их содержание составило 42-56 мкг/г сух. веса (ИФА, HPLC). Методом HPLC-HRMS/TOF найдено 5 вариантов МС. В воде МС не обнаружены. С по-**

мощью микроскопии и NGS установлен состав **цианобактерий**. В бентосе преобладали виды порядка Nostocales, в планктоне – Synecococcales. Численность цианобактерий была низкой, их массового развития не выявлено. Вода оз. Хубсугул характеризовалась как чистая, санитарно-микробиологические показатели были ниже нормативов СанПиН. С использованием NGS определен состав микробных сообществ, описаны условно-патогенные бактерии. В исследуемый период гидрохимические и гидрофизические параметры в оз. Хубсугул, показатели хлорофилла *a* входили в диапазон значений, отмечаемых в прошлом столетии, и соответствовали олиготрофному статусу. В будущем при медленных климатических изменениях, сохранении текущего трофического статуса водоема и невысокой антропогенной нагрузке риск развития цианобактериальных цветений и продукции токсинов в оз. Хубсугул оценивается как минимальный, даже при наличии токсигенных генотипов и токсин-продуцирующих видов.

Белых Ольга Ивановна, ведущий научный сотрудник, зав. лаборатории водной микробиологии ФГБУН Лимнологический институт СО РАН, Иркутск, Россия.

Телефон: +7 (914) 880-99-09

E-mail: belykh@lin.irk.ru

#### **248. ТАКСОНОМИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ МИКРООРГАНИЗМОВ В ГОРНЫХ ПОРОДАХ И СОДЕРЖИМОМ ПИЩЕВАРИТЕЛЬНОГО ТРАКТА ДИКИХ ЖИВОТНЫХ**

*Рысева Ю.Ю.<sup>1</sup>, Лебедева Е.Г.<sup>2</sup>, Паничев А.М.<sup>3</sup>*

<sup>1</sup> ФГАОУ ВО «ДВФУ», г. Владивосток

<sup>2</sup> ФГБУН «ДВГИ ДВО РАН», г. Владивосток

<sup>3</sup> ФГБУН «ТИГ ДВО РАН», г. Владивосток

Геофагия или феномен инстинктивного заглатывания грунтовых частиц является широко распространенным среди травоядных животных. Известно о том, что взаимодействия с почвой в естественной среде – это значимый фактор, определяющий структуру кишечной микробиоты. В связи с этим, нашим интересом являлось изучить возможные связи между геофагией и микробиомом кабарги и изюбрей – типичных обитателей Приморских лесов, для которых характерно целенаправленное потребление грунта в пищу.

Таксономический состав микробных сообществ изучался с помощью двух подходов: посредством метабаркодирования, а также культуральными методами. Идентификация проводилась путем анализа фрагментов гена 16S рРНК и последовательности ITS1.

В ходе исследования был выявлен высокий уровень сходства микробного состава в содержимом пищеварительного тракта диких жвачных животных и поедаемых ими горных породах. Доля общих бактериальных родов для двух групп образцов составила 37,6% от общего биоразнообразия. При этом доминирующие рода *Pseudomonas*, *Brucella* (*Ochrobactrum*), *Stenotrophomonas*, *Staphylococcus* и *Serratia* выявлялись как с помощью метабаркодирования, так и культуральными методами. Данные результаты позволяют предположить, что попадающие в организм во время геофагии популяции микроорганизмов, вероятно, могут колонизировать рубец и толстый кишечник, по крайней мере, частично или временно, тем самым обеспечивая некоторые физиологические функции, положительно влияющие на здоровье животного.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФ №20-67-47005

Рысева Юлия Юрьевна, студентка магистратуры ИМО ДВФУ, Владивосток, Россия.

Телефон: +7 (914) 720-11-76

E-mail: ryseva.iulia@gmail.ru

#### **249. ВЫДЕЛЕНИЕ БАКТЕРИОФАГОВ, ЛИЗИРУЮЩИХ ПАТОГЕНЫ**

*Федорова М.С., Ильина В.Н., Ядыкова Л.Л., Каюмов А.Р., Трizza Е.Ю.*

ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский) федеральный университет», Казань, Россия.

На сегодняшний день широкое распространение инфекционных заболеваний во всём мире связано с быстрым развитием бактериальной антибиотикорезистентности, и разработка новых подходов антимикробной терапии является актуальной задачей. Использование бактериофагов в качестве терапевтических средств является многообещающим подходом в борьбе с инфекциями.

В данном исследовании проводился поиск, выделение бактериофагов из сточных вод города Казани, вирулентных в отношении *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus*, *Enterococcus faecalis*,

*Enterobacter sakazakii*. Для выделения бактериофагов проводили отбор проб воды с последующей фильтрацией и оценкой вирулентных свойств с помощью анализа на двухслойном агаре. Выделены изоляты бактериофагов, обеспечивающих лизис на бактериальном газоне *K. pneumoniae*, *P. aeruginosa*, *E. faecalis*, *E. coli*; бактериофагов *S. aureus* выделить не удалось. Следующим этапом оценивали вирулентные свойства бактериофагов в отношении клинических изолятов *E. coli* и *E. faecalis*. Результаты показали высокий уровень литической активности *E. coli* - фаголизата в отношении восемнадцати исследуемых изолятов *E. coli*. В случае с *E. faecalis*, два из четырех клинических изолятов *Enterococcus* проявили чувствительность к бактериофагу, вероятно, это обусловлено отличительными особенностями изолятов.

Таким образом, нами были выделены бактериофаги *E. coli*, *K. pneumoniae*, *P. aeruginosa*, *E. faecalis*, *E. sakazakii*. В дальнейшем планируется идентификация единичных бактериофагов и подробная оценка их специфичности и синергии с антимикробными препаратами.

Работа выполнена за счет средств субсидии, выделенной Казанскому федеральному университету для выполнения задания в сфере научной деятельности. Проект № FZSM2022-0017.

Федорова Марина Сергеевна, младший научный сотрудник НИЛ «Природные антимикробные препараты», ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский) федеральный университет», Казань, Россия.

Телефон: +7 (917) 926-60-89

E-mail: masfedorova97@mail.ru

#### **250. НОВЫЕ ПРЕДСТАВИТЕЛИ ЛАСТОВАЦИЛЛАСЕАЕ, ПЕРСПЕКТИВНЫЕ ДЛЯ СОЗДАНИЯ ПРОБИОТИКОВ, СВОБОДНЫХ ОТ УСТОЙЧИВОСТИ К АНТИБИОТИКАМ.**

*Л.О. Соколянская, А.П. Лукина, Л.Б. Глухова, М.Р. Авакян, А.Г. Ельченинов, Т.В. Кочеткова, О.В. Карначук*

Молочнокислые бактерии (МКБ) широко применяются в качестве пробиотиков и заквасок в молочной промышленности. Основными источниками выделения МКБ являются животные, включая человека, и продукты животного происхождения. До сих пор мало задумывались о том, что бактерии, используемые в заквасках и пробиотиках, могут являться вектором для переноса устойчивости

к антибиотикам в микробиоме кишечника человека. Последние исследования показывают, что большинство используемых в промышленности МКБ содержат гены устойчивости к различным антибиотикам. Целью настоящего исследования было выделение МКБ, свободных от устойчивости к антибиотикам, из ферментированного молока верблюдов, выращиваемых путем отгонно-пастбищного скотоводства и не получающих кормовых добавок.

Для выделения МКБ из ферментированного молока (шубата) двугорбых верблюдов (*Camelus bactrianus*) использовали среды MRS и DSMZ 638. Чистые культуры получали путем выделения отдельных колоний на чашках Петри в атмосфере азота при температуре 37 °С. Из 18 выделенных штаммов были отобраны культуры, перспективные для создания пробиотиков на основе их роста при низких значениях pH (2.0), устойчивости к солям желчных кислот (%), пепсину и трипсину и способности клеток образовывать агрегаты. Определение последовательности гена 16S рРНК трех штаммов, перспективных для использования в промышленности, показало, что все они были близкими родственниками *Lactocaseibacillus paracasei* со сходством последовательностей более 99 %. Функциональный анализ последовательностей полных геномов выделенных штаммов показал отсутствие у них известных генов резистентности к антибиотикам.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019-2027 годы (Соглашение № 075-15-2021-1401 от 03 ноября 2021 года).

Соколянская Людмила Олеговна, старший преподаватель Кафедры физиологии растений, биотехнологии и биоинформатики Национального исследовательского Томского государственного университета (НИ ТГУ), Томск, Россия.

Телефон: +7 (913) 101-24-20  
E-mail: Lusi5055@yandex.ru

## 251. ИССЛЕДОВАНИЕ ВЛИЯНИЯ МИКРОМИЦЕТОВ-ДЕСТРУКТОРОВ НА СВОЙСТВА ЛАКОКРАСОЧНЫХ ПОКРЫТИЙ

Кривушина А.А., Старцев В.О., Коган А.М.  
НИЦ «Курчатовский институт» - ВИАМ, Москва, Россия.

При интенсивном развитии микромицетов-деструкторов поверхность лакокрасочных покрытий подвержена негативным изменениям, таким как растрескивание, изменения цвета, появление вздутий, бугров и т.п. Целью данной работы было изучение воздействия микромицетов, выделенных в условиях умеренного и умеренно тёплого климата, на декоративные свойства лакокрасочных покрытий. Для выделения микромицетов использован метод «отпечатков» на стандартные питательные среды, выделение проводилось с образцов, проходящих экспозицию на климатических станциях в г. Москва и г. Геленджик. Лабораторные испытания грибоустойчивости проводились на четырёх типах покрытий по трём методам ГОСТ 9.049, определение блеска покрытий по ГОСТ 31975; определение цветового различия по ГОСТ Р 52490.

В условиях умеренного климата было выделено 5 штаммов микромицетов, среди которых один вид *Purpureocillium takamizusanense* и 4 вида рода *Aspergillus*, в том числе такие известные деструкторы как *Aspergillus flavus*, *A. niger* и *A. terreus*. В условиях умеренно тёплого климата было выделено 6 штаммов микромицетов: *Aspergillus chevalieri*, *Cercospora beticola*, *Fusarium oxysporum*, *Fusarium poae*, *Penicillium oxalicum*, *Talaromyces rugulosus*

По итогам лабораторных испытаний на грибоустойчивость отмечен рост микромицетов на всех испытанных покрытиях, исследование адгезионных свойств покрытий после 1,5 и 3 месяцев воздействия активного роста микромицетов не выявило каких-либо изменений на всех образцах.

После воздействия микромицетов отмечены небольшие изменения декоративных свойств испытанных покрытий. Отмечено, что изменение цвета покрытий с красным пигментом выше, чем для покрытий аналогичных эмалей с серым пигментом. Изменения защитных свойств, в том числе коррозионных повреждений, после 1,5 и 3 месяцев воздействия активного роста микромицетов на образцах покрытий не выявлено.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ и ННФИ в рамках научного проекта № 20-53-56009.

Контактное лицо: Кривушина Анастасия Александровна, старший научный сотрудник лаборатории 620 НИЦ «Курчатовский институт» - ВИАМ, Москва, Россия.

Телефон: +7 (926) 232-88-03

E-mail: kopengagen8@mail.ru

## 252. АНАЛИЗ ЖИДКИХ КИСЛОМОЛОЧНЫХ ПРОДУКТОВ (ПРОСТОКВАШ), ОТОБРАННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ РЕСПУБЛИКИ

ДАГЕСТАН

Кремнёва М.К.

Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, биологический факультет, кафедра микробиологии

### Ключевые слова:

Традиционные кисломолочные продукты, молочнокислые микроорганизмы, NGS-профилирование, закваски.

На территории РФ в различных регионах традиции изготовления кисломолочных продуктов имеют существенные отличия, что обуславливает разнообразие в составе микробных сообществ традиционных кисломолочных продуктов. Одним из регионов с богатой историей употребления кисломолочной продукции является Республика Дагестан. Из 18 различных населенных пунктов данного региона нами было отобрано 36 жидких кисломолочных продуктов – простокваш (наименование образцов зафиксировано со слов производителя). Продукты были изготовлены частными домохозяйствами. Для всех 36 образцов было проведено NGS-профилирование микробных сообществ по V4-региону гена 16S рНК, также была проведена ферментация в стандартных условиях и получены данные о кислотности по Тернеру и динамической вязкости. По данным NGS-профилирования микробные сообщества продуктов, которые были произведены в населенных пунктах ниже 600 м над уровнем моря (189 – 537 м), в основном были представлены родами *Streptococcus* и *Lactobacillus*. Для микробных сообществ продуктов, которые были произведены в населенных пунктах выше 600 м над уровнем моря (603 – 1950 м), характерно превалирование рода *Lactococcus*. Простоквашей с наименьшим показателем динамической вязкости оказался продукт 59ПШ (6,55 мПа\*с), наибольшей вязкостью обла-

дала простокваша 39ПШ (48,3 мПа\*с). Показатели кислотности по Тернеру варьировали от 50°Т (образец 47ПШ) до 107°Т (образец 70ПШ). Вязкость и кислотность кисломолочных продуктов зависят от микробного состава и являются важными технологическими характеристиками для промышленного производства. Отбор продуктов с наиболее оптимальными технологическими показателями и выделение из них чистых культур молочнокислых микроорганизмов позволит в дальнейшем формировать коллекции микроорганизмов для конструирования заквасок.

Кремнёва Мария Константиновна, студент 2 курса магистратуры кафедры микробиологии биологического факультета МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

Телефон: +7 (985) 184-11-89

E-mail: kremnevabio@gmail.com

## 253. ДВЕНАДЦАТЬ НОВЫХ ВИДОВ АКТИНОБАКТЕРИЙ РОДА RATHAYIBACTER ИЗ ТРАВЯНИСТЫХ И ДРЕВЕСНЫХ РАСТЕНИЙ

Оспенников Ю.В.<sup>1</sup>, Демидов А.В.<sup>1</sup>,  
Дорофеева Л.В.<sup>1</sup>, Стародумова И.П.<sup>1</sup>,  
Тарлачков С.В.<sup>1</sup>, Присяжная Н.В.<sup>1</sup>,  
Субботин С.А.<sup>2,3</sup>, Евтушенко Л.И.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Всероссийская коллекция микроорганизмов, ФИЦ Пушинский научный центр биологических исследований РАН, Пушкино

<sup>2</sup> Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва

<sup>3</sup> Департамент продовольствия и сельского хозяйства Калифорнии, Сакраменто, США

Актинобактерии известных видов *Rathayibacter* – фитопатогены и эндофиты травянистых растений, преимущественно злаковых. Ряд видов переносится на растения фитонематодами. Несмотря на вековую историю, практическую значимость и широкое распространение, род остаётся весьма слабо изученным, и на данный момент включает всего 9 валидно описанных видов, что во многом обусловлено высоким сходством видов рода по традиционным таксономическим характеристикам и генам 16S рНК (до 99.7%).

В настоящей работе представлены результаты таксономического изучения новых штаммов бактерий рода *Rathayibacter*, выделенных из образцов 10-ти видов травянистых и 3х видов древесных

растений, в том числе, поражённых нематодами или членистоногими. Образцы собраны в период с 1992 по 2020 гг. на территории России, Узбекистана и США.

Первичную идентификацию изолятов на уровне рода и выявление потенциально новых видов проводили с использованием методов МАЛДИ-МС и анализа генов 16S рРНК. Последующее секвенирование и сравнительный анализ геномов показал, что выделенные бактерии являются представителями 12 новых видов. Уровни ДНК-ДНК гибридизации *in silico* (25,8–67,8%) и величины средней идентичности нуклеотидов (82,6–96,0%) между изолятами и типовыми штаммами ближайших видов были ниже или в пределах границ видов (70% и 95–96%, соответственно). При этом штаммы одного вида обнаруживались в тканях разных видов растений, а в составе микробиоты одного и того же растения найдены представители нескольких (новых) видов.

На основании полученных и ранее опубликованных данных предложены исправленные и дополненные описания рода *Rathayibacter* и входящих в него видов, включающие, в том числе, сведения о составе гликополимеров клеточной стенки (представители разных видов имеют разные по структуре тейхуроновые кислоты в сочетании с нейтральными и кислыми рамнозосодержащими полимерами). Сформирована и передана в фонд ВКМ коллекция штаммов *Rathayibacter*, в их числе представители новых видов и ассоцианты древесных растений.

Оспенников Юрий Владимирович, младший научный сотрудник отдела Всероссийская коллекция микроорганизмов, ФИЦ ПНЦБИ РАН, Пушкино, Россия

Телефон: +7 (915) 452-22-93

E-mail: 664nod@zoho.com

## 254. ИССЛЕДОВАНИЕ ВЛИЯНИЯ РАННИХ БЕЛКОВ БАКТЕРИОФАГА $\Phi$ HIKZ НА ДИНАМИКУ РОСТА БАКТЕРИЙ

А. Туми, Д.А. Антонова, А.С. Ничипоренко, В.А. Касьянов, М. Дмитриева, И.В. Курдюмова, М.В. Якунина

Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого, Санкт-Петербург, Россия

Бактериофаг  $\Phi$ HIKZ инфицирует бактерии *P. aeruginosa*, одни из самых резистентных возбудителей нозокомиальных инфекций. Наблюдения показывают, что темпы деления бактериальных клеток-хозяев прекращаются вскоре после введения ДНК фага. Как это характерно для большинства литических фагов, гены  $\phi$ iKZ экспрессируются в трех временных классах: раннем, среднем и позднем. В связи с этим целью настоящей работы является изучение влияния ранних белков  $\phi$ iKZ на динамику роста *P. aeruginosa* и *E. coli*. Ключевые слова.  $\phi$ iKZ, ранние белки, *P. aeruginosa*, *E. coli*, динамика роста, летальность.

В ходе работы были получены конструкции из шаттл вектора pHERD20T и вставки 45 ранних генов бактериофага  $\phi$ iKZ, под контролем арабинозного промотора. Штаммы *E. coli* DH5 $\alpha$  и *P. aeruginosa* PAO1 трансформировали рекомбинантными плазмидами. Влияние экспрессии ранних белков на характер роста клеток определяли с помощью планшетного спектрофотометра при инкубации в течение 8 ч при 37°C. Затем эффект белков кандидатов на жизнеспособность бактериальных клеток оценили с помощью флуоресцентной микроскопии. Все эксперименты проводились в трехкратной повторности.

Результаты показали, что экспрессия 4 ранних белков значительно замедлило рост как клеток PAO1, так и DH5 $\alpha$  при добавлении арабинозы по сравнению с контрольными образцами. Также было показано, что экспрессия еще 3 белков оказывает влияние на рост только клеток PAO1. Статистический анализ микроскопических данных показал, что при экспрессии двух ранних генов летальность PAO1 и DH5 $\alpha$  спустя 3ч достигает до 80% и 55% соответственно.

Работа выполнена при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках программы «Приоритет 2030» (соглашение 075-15-2023-380 от 20.02.2023).

Туми Амира, инженер-исследователь НИК Бионотехнологии ФГАОУ ВО СПбПУ, Санкт-Петербург, Россия.

Телефон: +7 (900) 653-40-98

E-mail: a.toumi.spb@gmail.ru

## 255. ВЛИЯНИЕ БЕЛКА POTN НА АКТИВНОСТЬ БЕЛКОВ-ПАРТНЕРОВ GlnR И POT A В КЛЕТКАХ *LENTILACTOBACILLUS HILGARDII*

*Исхакова З.И., Журавлева Д.Э., Каюмов А.Р.*

Казанский (Приволжский) федеральный университет, 420008, г. Казань, ул. Кремлевская 18

### Введение:

Белок PotN относится к новому семейству PII-подобных белков, которые являются глобальными регуляторами метаболизма почти всех бактерий. PII белки модулируют активность белков-партнеров путем взаимодействия с ними, и способны выступать как в роли активатора, так и в роли репрессора активности. Комплекс PotN с АТФазной субъединицей транспортера полиаминов PotA обязуется в условиях дефицита энергетического питания, а связывание PotN с фактором транскрипции GlnR преимущественно в присутствии АТФ. Чтобы определить эффект связывания PotN на активность его белков партнерами *in vitro* оценивали уровень АТФазной активности PotA в комплексе с PotN и модулировали комплексный эффект нуклеотидов на взаимодействие GlnR с ДНК в присутствии PotN и PotA методом микромасштабного термофореза.

### Материалы и методы:

Уровень АТФазной активности PotA и PotN измеряли по высвобожденному фосфату с помощью малахитового зеленого. Микромасштабный термофорез смеси PotN-GlnR-PotAc-ДНК в присутствии АТФ/АДФ.

### Результаты:

При соотношении 1:1 и выше PotN в значительной степени снижает активность PotAc. Белки и двухцепочечную ДНК<sup>Сy3</sup>, смешивали в эквимольном соотношении 1:1:1:1 и измеряли подвижность ДНК в комплексе с белком GlnR в различных условиях по изменению флуоресценции. Снижение флуоресценции коррелирует с повышением массы молекулы/комплекса. В присутствии

АТФ, флуоресценция была в 2 раза ниже, следовательно, ДНК более подвижна за счет малой эффективности образования комплекса ДНК-GlnR. Это, по всей вероятности, происходит за счет того, что GlnR связан с PotN. Наоборот, в присутствии АДФ наблюдается высокий уровень флуоресценции. Следовательно, образуется комплекс ДНК-GlnR, в то время как PotN, скорее всего находится в комплексе с PotA.

### Заключение:

Связываясь с PotA, PotN негативно влияет на его работу, что приводит к снижению поступления полиаминов в клетку в условиях дефицита энергии. Тогда как комплекс PotN-GlnR при высокой доступности энергии нарушает ДНК-связывающую активность GlnR.

Исхакова Залина Ильгамовна, научный сотрудник НИЛ «Природные антимикробные препараты» ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский) Федеральный Университет», Казань, Россия.

Телефон: +7 (987) 237-20-83

E-mail: zalinunya@mail.ru

## 256. СТРУКТУРА И ФУНКЦИИ ЭКСТРАКЛЕТОЧНЫХ ФОСФОНАТОВ ФИТОПАТОГЕНА *PECTOBACTERIUM ATROSEPTICUM*

*Парфирова О.И.<sup>1</sup>, Петрова О.Е.<sup>1</sup>, Микшина П.В.<sup>1</sup>, Сыромятникова Е.Д.<sup>1</sup>, Смолобочкин А.В.<sup>3</sup>, Горшков В.Ю.<sup>1,2</sup>*

<sup>1</sup> Казанский институт биохимии и биофизики  
ФИЦ КазНЦ РАН

<sup>2</sup> Казанский (Приволжский) федеральный университет

<sup>3</sup> Институт органической и физической химии им. А.Е. Арбузова ФИЦ КазНЦ РАН

Пектобактерии являются широко распространенными возбудителями мягкой гнили растений. Однако, несмотря на разрушительный потенциал этих бактерий, взаимодействие пектобактерий с растениями может выражаться не только мягкими гнилями, но и бессимптомными инфекциями, при которых патоген и хозяин мирно сосуществуют. Низкомолекулярные метаболиты, определяющие стратегию взаимодействия фитопатогенной бактерии *Pectobacterium atrosepticum* SCRI1043 (*Pba*) с растениями, кроме коронофациновой кислоты, не охарактеризованы. Основываясь на ре-

зультатах транскриптомного анализа, мы предположили, что низкомолекулярные внеклеточные фосфонаты — метаболиты, которые ранее не были описаны для *Pba* — влияют на взаимодействие растений и *Pba*, и наша цель состояла в том, чтобы проверить эту гипотезу.

Чтобы проверить, действительно ли пектобактерии продуцируют внеклеточные фосфонаты, были подобраны условия *in vitro*, которые индуцируют экспрессию генов, связанных с фосфонатами, и проведена экстракция предполагаемых фосфонатов из супернатантов культур пектобактерий. С помощью <sup>31</sup>P ЯМР-спектроскопии мы установили, что *Pba* синтезирует внеклеточные фосфонаты, продукция которых индуцируется растительными метаболитами. Методом масс-спектрометрии была определена базовая структура фосфонатов пектобактерий.

Для выяснения роли фосфонатов методом locus-специфического мутагенеза был получен фосфонат-дефицитный мутант с делецией гена *fomI*, у которого была обнаружена повышенная вирулентность за счет увеличения активности фермента пектатлиазы, разрушающей пектиновые вещества растительных клеточных стенок.

Таким образом, мы впервые детектировали у пектобактерий фосфонаты и установили, что пектобактерии продуцируют фосфонаты для снижения проявления своего патогенного потенциала с целью продления взаимодействия с растением-хозяином, что имеет большое значение как для растения-хозяина, так и для патогена.

Работа поддержана грантом РФФИ №19-14-00194.

Парфирова Ольга Игоревна, аспирант, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной биологии КИББ ФИЦ КазНЦ РАН, Казань, Россия.  
Телефон: +7 (952) 030-51-52  
E-mail: Parfirovaolga.i@gmail.com

## 257. ДЛИТЕЛЬНОЕ ВЫЖИВАНИЕ БАКТЕРИЙ В ГЕЛЯХ

О.А. Галуза<sup>1</sup>, Н.Е. Ковина<sup>1</sup>, Н.А. Коротков<sup>2</sup>,  
Г.И. Эль-Регистан<sup>1</sup>, Ю.А. Николаев<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Институт микробиологии им.

С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН

<sup>2</sup> Московский политехнический университет

Молочнокислые бактерии (МКБ) — одна из распространённых групп микроорганизмов, которые существуют в различных природных биотопах, вхо-

дят в состав микробиома желудочно-кишечного тракта, образуют симбиоз с растениями, а также интенсивно используются при промышленном производстве кисломолочных продуктов, пробиотических добавок и различных биопрепаратов. Одним из важнейших недостатков МКБ является высокая скорость их отмирания при хранении. Ранее было продемонстрировано длительное (десять и более месяцев) и на порядки более эффективное относительно контроля выживание бактерий в силанольно-гуматных гелях (СГГ). Исследование хранения МКБ в СГГ и других гелях составило цель работы. В работе использованы три типа гелей: 1) камедевые (гуаровая, геллановая и ксантановая); 2) желатиновые; 3) на основе органосиланов (3-аминопропилтриэтоксисилана), гуматов, и органических кислот (аскорбиновой, яблочной, молочной и др.), используемых в качестве титрантов. Объекты исследования — штаммы молочнокислых бактерий *Lactobacillus paracasei* AK508 и *Enterococcus faecium* M3185.

При иммобилизации *L. paracasei* в желатиновый гель доля выживших клеток повышалась в 8 раз относительно контроля (жидкой культуры). Для *E. faecium* доля выживших клеток возрастала в 4 раза. Спустя месяц хранения в геллановом геле доля выживших клеток *E. faecium* в 10 раз превышала долю выживших клеток в контроле (для *L. paracasei* — в 3 раза). При иммобилизации МКБ в СГГ после хранения в течение двух месяцев титр жизнеспособных клеток был до 200 раз выше, чем в контрольных вариантах. Причинами повышения выживаемости МКБ в гелях являются переход в более стрессоустойчивое состояние или фенотип, наличие источников питания.

Камеди — это природные широко распространённые полисахариды, белковые слизи также широко встречаются в природе. Гели на основе кремния встречаются/обычны в почвах. Соответственно, МКБ имеют возможность в природных условиях попадать и закрепляться в этих гелях, что объясняет их выживаемость в природных условиях, несмотря на высокие скорости отмирания в жидких культурах.

Галуза Олеся Александровна, младший научный сотрудник лаборатории выживаемости микроорганизмов института микробиологии им. С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия

Телефон: +7 (926) 926-01-58

E-mail: olesya\_galuza@mail.ru

## 258. ЭКЗОПОЛИФОСФАТЫ ДРОЖЖЕЙ РОДА *CANDIDA* ПРИ ПОТРЕБЛЕНИИ ГИДРОФОБНОГО СУБСТРАТА - ГЕКСАДЕКАНА

Звонарев А.Н.<sup>1</sup>, Трилисенко Л.В.<sup>1</sup>,  
Фарофонова В.В.<sup>2</sup>, Дмитриев В.В.<sup>1</sup>,  
Кулаковская Т.В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ «Пушинский научный центр биологических исследований Российской академии наук», Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им.

Г.К. Скрыбина РАН

<sup>2</sup> ФИЦ «Пушинский научный центр биологических исследований Российской академии наук», Институт биологического приборостроения с опытным производством РАН

Одним из важнейших механизмов, обеспечивающих метаболизм гидрофобных субстратов дрожжами рода *Candida*, является образование в клеточной стенке специфических надмолекулярных комплексов - каналов. На универсальность этих комплексов указывает структурное сходство с модифицированными зонами клеточной стенки дрожжей рода *Candida* в условиях инвазии в организм хозяина. Это сходство по-видимому обусловлено образованием биоплёнки и взаимодействием с поверхностью клеток хозяина при переходе в патогенное состояние. Каналы содержат окислительные ферменты, обеспечивающие первичное взаимодействие с субстратами, и специфические полисахариды. С помощью обработки полифосфатазой и флуоресцентной микроскопии с DAPI (красителя, который при высокой концентрации специфически окрашивает неорганические полифосфаты) было показано, что у *C. maltosa* при росте на гексадекане полифосфаты дискретно распределены в клеточной оболочке в корреляции с расположением модифицированных участков клеточной стенки. Целью данной работы было выявить особенности содержания и локализации полифосфатов у типовых штаммов *C. albicans*, *C. tropicalis* и *C. maltosa* при росте на гексадекане. У *C. tropicalis* и *C. maltosa* по сравнению с ростом на глюкозе увеличивалось содержание высокомолекулярных полифосфатов. У трех видов дрожжей при росте на гексадекане флуоресцентная микроскопия с DAPI показала необычную локализацию полифосфатов на клеточной поверхности и в составе экзovesикул. Электронно-сканирующий анализ показал, что экзovesикулы связаны с клеточной

стенкой и располагаются цепочками на поверхности клеток и во внешней среде. С помощью EDS микроанализа показано, что в везикулах содержание фосфора вдвое превышает содержание азота. Обработка полифосфатазой Ppx1 привела к исчезновению полифосфатов в везикулах и клеточной стенке, и к высвобождению фосфата в инкубационную среду. Полученные результаты представляют интерес для понимания процессов образования и разрушения биопленок клетками дрожжей в различных условиях.

Кулаковская Татьяна Валентиновна, ведущий научный сотрудник, ФИЦ «Пушинский научный центр биологических исследований Российской академии наук», Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, Пушкино, Россия.

Телефон: + 7 (495) 956-33-70

E-mail: alla@ibpm.ru

## 259. АКТИВНОСТЬ ЩЕЛОЧНОЙ ФОСФАТАЗЫ И ФОСФАТАЗА-АКТИВНЫЕ БАКТЕРИИ В ВОДНОЙ ТОЛЩЕ ОЗ. БАЙКАЛ И ЕГО ОСНОВНЫХ ПРИТОКАХ

Суслова М.Ю., Подлесная Г.В., Томберг И.В.,  
Сакирко М.В., Белых О.И.

Лимнологический институт СО РАН

### Введение:

Круговорот фосфора имеет огромное значение для продуктивности водоемов. Главным источником органического фосфора в водах Байкала является фито- и зоопланктон. Микроорганизмы, в том числе и фосфатаза-активные бактерии (ФАБ), высвобождают фосфат из отмерших организмов, и он вновь включается в биологический круговорот. Активность щелочной фосфатазы (АЩФ) дает возможность судить о состоянии экосистемы, нагрузке фосфатами и качестве воды.

### Материалы и методы:

Пробы отобраны в июне 2021–2023 гг. на центральных станциях южной, средней и северной котловин озера (0, 5, 15, 100, 400, 600 м, придон), в реках Голоустная, Бугульдейка, Селенга, Анга, Сарма, Турка, Баргузин, Томпуда, Рель, Тья, Кичера и В. Ангара.

АЩФ (нмоль/л·сут) определяли набором ЩЕЛОЧНАЯ ФОСФАТАЗА-ВИТАЛ В09.02; численность ФАБ (КОЕ/мл) согласно прописи (Родина, 1965).



## Результаты:

Исследования показали, что АЩФ в пелагиали озера в среднем составила 60, в реках – 1021. Численность ФАБ в озере в среднем составила 109, в притоках – 887.

В пелагиали АЩФ колебалась от 3 до 428, численность ФАБ от 0 до 2400, максимальные значения АЩФ выявлены в поверхностном слое (в среднем 167), как и средняя численность ФАБ (545).

В реках АЩФ колебалась от 182 до 2517, численность ФАБ от 60 до 4800. Стабильно высокие значения АЩФ отмечали в Кичере.

## Заключение:

В пелагиали АЩФ и количество ФАБ с глубиной снижаются, в реках они на порядок выше, что свидетельствует об активных биохимических процессах трансформации веществ, поступающих с водозабором, в том числе и органических соединений фосфора.

Работа выполнена в рамках тем гос. задания № 0279-2021-0016 и № 0279-2021-0015.

Суслова Мария Юрьевна, старший научный сотрудник лаборатории водной микробиологии ЛИИ СО РАН, Иркутск, Россия  
Телефон: +7 (902) 578-50-98  
E-mail: suslova@lin.irk.ru

## 260. ПОИСК ДИСПЕРСНЫХ ПОВТОРОВ В ГЕНОМАХ НЕКОТОРЫХ БАКТЕРИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ИТЕРАТИВНОЙ ПРОЦЕДУРЫ .

*Коротков Е.В.<sup>1,2</sup>, Суворова Ю.М.<sup>1</sup>, Костенко Д.О.<sup>1</sup>, Короткова М.А.<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> Федеральное государственное учреждение «Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук»  
<sup>2</sup> НИЯУ МИФИ

Мы разработали de novo метод для идентификации дисперсных повторов, основанный на использовании случайных позиционно-весовых матриц (PWM) и итерационной процедуры (1). Созданный алгоритм (ИП метод) позволяет выявлять дисперсные повторы, для которых среднее число замен между любыми двумя повторами на нуклеотид (x) меньше или равно 1,5. ИП метод позволил обнаружить семейства дисперсных повторов в бактериальных геномах, о которых ранее не было из-

вестно. Мы применили ИП метод для поиска дисперсных повторов в геномах E.coli и других девяти геномах бактерий и смогли идентифицировать от 1 до 3 семейств повторов в каждом геноме, включающие в себя от  $10^3$  до  $4 \times 10^3$  повторов длиной от 400 до 600 оснований. У E.coli идентифицированные семейства повторов занимают около 40% генома. Такие обширные семейства повторов не могли быть обнаружены в геноме E.coli с помощью программ RED, RECON или Repeat\_masker, а только методом ИП, который мог найти семейства повторов de novo с  $x \leq 1,5$ , тогда как все другие программы могли это сделать с  $x \leq 1,0$ . Мы предполагаем, что обнаруженные семейства повторов могут принимать участие в создании жидкокристаллической структуры в составе ДНК бактерии. Так как дисперсные повторы существуют не только в геноме E.coli, но и в геномах других бактерий, то это предположение кажется нам вероятным. В этом случае взаимодействие между повторами внутри семейства может создавать такую жидкокристаллическую структуру. ИП метод в настоящее время находится на сервере по адресу: <http://victoria.biengi.ac.ru/shddr>. Время поиска дисперсных повторов в геноме E.coli составило чуть больше 5 суток. Сервер открыт для использования. Мы будем наращивать мощности этой вычислительной системы по мере увеличения числа пользователей.

Eugene Korotkov, Yulia Suvorova, Dimitry Kostenko, Maria Korotkova «Search for dispersed repeats in bacterial genomes using an iterative procedure». IJMS, 2023, under consideration.

Коротков Евгений Вадимович, ведущий научный сотрудник, Профессор, Федеральное государственное учреждение «Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук»  
Телефон: +7 (926) 724-82-71  
E-mail: bioinf@yandex.ru

**261. ВЛИЯНИЕ КОПИЙНОСТИ *HPS/PHI* ГЕНОВ НА РОСТ *METHYLOCOCCUS CAPSULATUS* MIR**

Розова О.Н.<sup>а,б</sup>, Бут С.Ю.<sup>а,б</sup>, Мустахимов И.И.<sup>а,б</sup>,  
Хмеленина В.Н.<sup>б</sup>, Дедыш С.Н.<sup>а</sup>

<sup>а</sup> Институт микробиологии им.

С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН,  
Москва

<sup>б</sup> Федеральный исследовательский центр

«Пушинский научный центр биологических  
исследований РАН», ИБФМ РАН, Пушкино,  
Россия

Аэробные метанотрофы – группа бактерий, специализированных на использование метана в качестве единственного источника углерода и энергии, широко распространены в различных экосистемах нашей планеты и играют ключевую роль в глобальном цикле углерода. Помимо очевидной биосферной значимости, метанотрофы имеют большой биотехнологический потенциал, обусловленный способностью осуществлять конверсию метана в различные продукты с добавленной стоимостью. Термотолерантный метанотроф *Methylococcus capsulatus* MIR, обладающий высокой скоростью роста при 42°C, перспективен в качестве биокатализатора трансформации метана в полиуглеродные соединения. Штамм MIR ассимилирует углерод метана в основном через рибулозомонофосфатный (РМФ) цикл. Ключевыми ферментами РМФ пути являются 3-гексулозо-6-фосфатсинтаза (HPS) и 6-фосфо-3-гексулозоизомераза (PHI), катализирующие конденсацию формальдегида и рибулозо-5-фосфата и трансформацию образующегося D-арабино-3-гексулозо-6-фосфата во фруктозо-6-фосфат. *M. capsulatus* MIR обладает двумя копиями кластера генов *hps* и *phi*, имеющими несколько нуклеотидных отличий в окружении генов, но не в самих генах. Делеция одного кластера, *hps/phi2*, приводила к снижению скорости роста культуры в 2 раза по сравнению со штаммом дикого типа, тогда как при делеции кластера *hps/phi1* физиологические изменения отсутствовали. Вероятно, *hps/phi1* кластер является молчащим. По предварительным данным, внесение дополнительной копии *hps/phi* генов под контролем промотора большой субъединицы метанолдегидрогеназы *mxa* приводило к увеличению скорости роста культуры, указывая на возможности улучшения штамма с помощью геномного редактирования метанотрофа. Работа выполнена в рамках проекта «Развитие

технологий геномного редактирования для решения инновационных задач промышленных и пищевых биотехнологий» № 075-15-2021-1071, финансируемого Министерством науки и высшего образования РФ.

Розова Ольга Николаевна, снс лаборатории молекулярной экологии и филогеномики бактерий  
E-mail: rozovaolga1@rambler.ru

**262. ПОДБОР ДОНОРОВ ФЕКАЛЬНОЙ МИКРОБИОТЫ: РОЛЬ МАРКЕРОВ ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТИ И ПРОБЛЕМЫ ЗДОРОВЬЯ НАСЕЛЕНИЯ**

Ю.А. Беснятых<sup>1,2,3</sup>, Я.Д. Шанский<sup>1</sup>, С.С. Есиев<sup>1</sup>,  
А.В. Комарова<sup>1,3</sup>, Жгун Е.С.<sup>1</sup>, Н.Д. Прохорова<sup>1</sup>,  
А.В. Господарик<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Федеральный научно-клинический центр физико-химической медицины имени академика Ю.М. Лопухина, Москва, Российская Федерация

<sup>2</sup> Национальный научно-исследовательский институт общественного здоровья имени Н.А. Семашко, Москва, Российская Федерация

<sup>3</sup> Российский химико-технологический университет имени Д.И. Менделеева, Москва, Российская Федерация

Трансплантацию фекальной микробиоты назначают в качестве терапии для лечения различных патологий желудочно-кишечного тракта. Подбор донора фекальной микробиоты (ФМ) является одним из наиболее важных и значимых этапов. Особое внимание в последнее время уделяют проблеме наличия генов устойчивости к разным группам антибиотиков в биоматериале.

Цель исследования заключалась в определении микробиологического состава дистальной части кишечника у потенциально здоровых добровольцев доноров ФМ и анализе встречаемости генетических маркеров лекарственной устойчивости среди разных возрастных групп населения, включая младенцев на грудном вскармливании.

В исследование включено 57 потенциально здоровых добровольцев донора ФМ. Все проведены анализы согласно предложенным алгоритмам (анализ крови, мочи, кала). Проведен анализ кала на определение бактериального состава, содержание желчных и жирных кислот, а также секвенирование. Для установления вероятного минимального возраста формирования носительства и путей передачи генов резистентности (*mef*

и *ermB*) в исследование включены образцы кала (n=12) и грудного молока (n=6) из группы добровольцев «мать–дитя».

Согласно данным анкетирования и результатам клинических исследований (общий и биохимический анализ крови) 23/57 добровольца включены для дальнейшего исследования. Анализ бактериологического состава ФМ показал, что соответствуют нормам только 4/23 добровольцев. Показана высокая частота выявления генов устойчивости *mef* — 97,8% и *ermB* — 93,5%. В группе «мать–дитя» ген *mef* обнаружен во всех образцах кала и грудного молока.

Анализ здоровых добровольцев — потенциальных доноров ФМ, показал очень низкий процент соответствия нормам по различным анализируемым критериям. Это может свидетельствовать о проблеме со здоровьем населения в целом. Ввиду того, что гены *mef* и *ermB* обнаружены не только у взрослого населения, но и у младенцев нами было выдвинуто предположение, о допустимости использования трансплантата (кала), содержащего данные гены.

## 263. СТРУКТУРА ПРОКАРИОТНЫХ СООБЩЕСТВ ДОННЫХ ОТЛОЖЕНИЙ КАНДАЛАКШСКОГО ЗАЛИВА БЕЛОГО МОРЯ

Бадмадашиев Д.В.<sup>1</sup>, Строева А.Р.<sup>1,2</sup>,  
Клюкина А.А.<sup>2</sup>, Полудеткина Е.Н.<sup>1</sup>, Бонч-Осмоловская Е.А.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, г. Москва

<sup>2</sup> ФИЦ Биотехнологии РАН, г. Москва

Донные отложения Белого моря являются малоизученным объектом с точки зрения микробиологии: практически ничего не известно про обитающие в них микробные сообщества, а также про изменения в их составе в зависимости от глубины залегания населяемых слоев и о прокариотных комплексах, участвующих в разложении органики. Целью настоящей работы являлось изучение разнообразия микроорганизмов донных отложениях Белого моря, обитающих в различных горизонтах, а также выявление состава сапротрофных комплексов. Для работы были использованы образцы, отобранные в июне-июле 2022 года на двух участках в Кандалакшском заливе: в проливе Великая Салма и в открытой части залива. Было отобрано 55 проб донных отложений в 15 точках,

с глубины 2, 10, 30 и 50 см ниже поверхности дна. Для определения состава сапротрофных комплексов были получены анаэробные накопительные культуры на биополимерах. Анализ таксономической структуры прокариотных сообществ производился методом NGS профилирования по вариабельным участкам генов 16S рРНК. Обработку результатов производили с помощью алгоритма QIIME2.

Установлено, что донные отложения Кандалакшского залива обладают относительно высоким биоразнообразием (индекс Шеннона до 8.66), снижающимся при движении вниз по профилю. Визуализация  $\beta$ -разнообразия имеющихся образцов показывает довольно четкое распределение сообществ по горизонтам. Также обнаружено два типа точек по изменению состава сообществ при возрастании глубины слоя, потенциально связанных с содержанием и доступностью органического вещества.

В верхних слоях донных отложений наблюдалось повышенное содержание органогетеротрофных прокариот, относящихся к порядку *Actinomarinales*, семейству *Sandaracinaceae*, родам *Woeseia* и *Pseudomonas*, а также филума *Desulfobacterota*, среди которых наиболее многочисленными были SEEP-SRB1 и Sva0081. В части точек в нижних горизонтах наиболее многочисленными были представители следующих групп: SG8-4, WCHB1-81, S085, JS1, *Aerophobales* и *Anaerolineaceae*. Эти некультивируемые прокариоты встречаются в анаэробных морских отложениях, часть из них предположительно участвует в разложении углеродородов. В остальных точках не наблюдалось резкого изменения состава сообществ в нижних горизонтах, что может быть связано с более активным поступлением органики и сохранением легкодоступных соединений даже в глубоких слоях. В накопительных культурах на хитине и ксилане были получены в заметной доле (до 20%) ранее некультивируемые представители семейства *Arcobacteraceae*.

Таким образом, установлено, что состав микробных сообществ в ряде донных отложений Белого моря существенно меняется с глубиной, на что может влиять характер поступления органического вещества. В нижних слоях сообщества микроорганизмов, вероятно, специализируются на потреблении менее доступной органики. Работа поддержана Министерством науки и высшего образования Российской Федерации (соглашение 075-15-2021-1396).

Бадмадашиев Доржи Владимирович, аспирант кафедры микробиологии МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия.

Телефон: +7 (915) 132-53-60

E-mail: dbadmadashiev@gmail.com

## **264. ПРИМЕНЕНИЕ ЭНДОЛИЗИНОВ ДЛЯ ТЕРАПИИ ИНФЕКЦИЙ, ВЫЗВАННЫХ БАКТЕРИЯМИ С ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТЬЮ**

*Д.В. Васина<sup>1</sup>, Н.П. Антонова<sup>1</sup>, И.В. Григорьев<sup>1</sup>,  
М. Н. Анурова<sup>2</sup>, А. И. Лаишевцев<sup>2</sup>, А.В. Алешкин<sup>2</sup>,  
В.А. Гуцин<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава  
России

<sup>2</sup> ФБУН МНИИЭМ им. Г.Н. Габричевского  
Роспотребнадзора

### **Введение:**

Устойчивость бактерий к существующим антибиотикам представляет одну из серьезных угроз здравоохранения, которую невозможно решить исключительно за счет модификации существующих противомикробных препаратов. Большое внимание уделяется созданию инновационных средств с принципиально новыми механизмами действия, которые не вызвали бы распространение лекарственной устойчивости у бактерий. К таким препаратам относятся «энзиобиотики» - средства на основе литических ферментов бактериофагов или эндолизинов. Работа посвящена разработке и исследованию потенциала применения эндолизинов для лечения инфекций, вызванных возбудителями, нечувствительными к стандартной антимикробной терапии. Эндолизины, ESKAPE, антимикробные средства, лекарственная устойчивость, лекарственные формы

### **Материалы и методы:**

Рекомбинантные эндолизины были получены с применением генно-инженерных методов и хроматографической очистки полученных молекул. Разработан ряд лекарственных форм для местного и инъекционного применения, эффективность которых оценивали на инфекционных животных моделях (сепсис, раневые инфекции, имплант-ассоциированные инфекции).

### **Результаты:**

Проведен поиск эндолизинов, активных в отношении грамотрицательных патогенов ESKAPE группы, и способов их модификации. Продемон-

стрирована способность эндолизинов, действовать на широкий спектр видов патогенов, в том числе обладающих множественной лекарственной устойчивостью, а также активность в отношении биопленок.

Эффективность кандидатных лекарственных средств подтверждена *in vivo* на моделях местных и системных инфекций. Две лекарственных формы прошли доклинические исследования, направленные на оценку безопасности и эффективности средств, а также изучены фармакокинетические свойства препаратов.

### **Заключение:**

Полученные данные позволяют рассчитывать в будущем на эффективное внедрение в медицинскую практику энзиобиотиков в качестве самостоятельной или дополняющей антибактериальной терапии для лечения инфекций, вызванных полирезистентными грамотрицательными бактериями.

Васина Дарья Владимировна, старший научный сотрудник, зав. лабораторией энзимологии ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия.

Телефон: +7 (910)-461-65-00

E-mail: d.v.vasina@gamaleya.org

## **265. МИКОБИОТА ПЫЛИ В ГОРОДАХ РАЗНЫХ КЛИМАТИЧЕСКИХ ЗОН НА ПРИМЕРЕ МУРМАНСКА И МОСКВЫ**

*М.В. Корнейкова<sup>1,2</sup>, А.С. Сошина<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> Российский университет дружбы народов

<sup>2</sup> Институт проблем промышленной экологии Севера – обособленное подразделение ФГБУН  
ФИЦ КНЦ РАН

Крупные города представляют собой антропогенные экосистемы, отличающиеся от природных по многим факторам: климату, физико-химическим свойствам почвы и воздуха, типу и структуре растительности, структуре сообществ микроорганизмов, степени загрязнения и пр. Твердые частицы пыли являются одними из самых вредных загрязняющих веществ в городах. В настоящей работе проанализированы количественные и качественные показатели микобиома воздуха, поверхности листьев и дорожной пыли в различных функциональных зонах, характеризующихся разной антропогенной нагрузкой, в городах субарктической (г. Мурманск) и умеренно-континен-

тальной (г. Москва) климатических зон. Выявлено, что степень загрязнения воздуха в городах существенно различается как по химическому составу, так и по количеству пыли, о чем свидетельствуют данные по содержанию пыли на поверхности листьев березы. Выявлено меньшее количество микромицетов во всех исследованных субстратах в Мурманске по сравнению с Москвой, но видовое разнообразие сообществ микромицетов было сопоставимо для двух городов. Около половины выделенных видов идентифицированы как потенциально патогенные. Наиболее опасные виды, принадлежащие к группе BSL 2, обнаружены в селитебной и траффик зонах в обоих городах; эта тенденция особенно ярко выражена для Москвы. Тип субстрата и климатический фактор оказали более существенное влияние на численность, видовое разнообразие микромицетов и численность условно-патогенных видов по сравнению с функциональным районированием в городах. Однако разнообразие и количество видов были чувствительны к концентрации отдельных загрязнителей между городами и функциональными зонами. В целом воздух в рекреационной зоне обоих городов можно считать наиболее безопасным для человека в связи с отсутствием грибов BSL-2, в то время как на листьях и в дорожной пыли во всех зонах обнаружено значительное количество условно-патогенных видов грибов. Полученные данные имеют практическую значимость и могут быть использованы при разработке мер по улучшению качества воздуха городской среды, поддержки принятия решений в сфере экологического проектирования, планирования и устойчивого развития городской зеленой инфраструктуры. Корнейкова Мария Владимировна, старший научный сотрудник, заместитель директора по научной работе Аграрно-технологического Института РУДН, Москва, Россия.

М.В. Корнейкова  
E-mail: korneykova.maria@mail.ru

## 266. ГЕНОМНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ В РАЗНЫХ СЛОЯХ ВОДНОЙ ТОЛЩИ ОЗЕРА БАЙКАЛ

Земская Т.И.<sup>1</sup>, Франсиско-Родригес Валера<sup>2</sup>

<sup>1</sup> ФГБУН Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук, Иркутск

<sup>2</sup> Университет Мигуэля Фернандеса, Аликанте, Испания

Мы представляем результаты метагеномного исследования микробных сообществ в эпи- (5 и 20 м), батипелагиали (1250 и 1350 м) и в зоне метановой разгрузки (350 и 390 м) в Южном Байкале в ледовый и летний периоды 2018 и 2019 гг. Образцы суммарной ДНК были секвенированы с использованием платформ Illumina (HiSeq 3000/4000 и HiSeq X). В анализе использовались геномы, собранные из метагеномов (MAGs) с контаминацией < 5% и > 50% полноты сборки с использованием CheckM package (Parks et al. 2015). Собрано и проанализировано 38 MAGs из фотической зоны и 231 из глубинной. Между фотическими и афотическими сообществами наблюдалось четкое различие, в первой более представлены *Verrucomicrobiota*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota* и *Cyanobacteria*, во второй *Acidobacteriota*, *Patescibacteria*, а также *Nitrospirota*, *Alphaproteobacteria* и *Crenarchaeota*. Основными факторами, определяющими состав микробного сообщества в разных нишах, скорее всего, являлись различия в освещенности, температуре и доступности энергии.

Геномы байкальских микроорганизмов, как правило, имели небольшой размер, что может быть следствием обитания в олиготрофных и низкотемпературных условиях. Филогеномный анализ показал, что некоторые байкальские микробы имели отдаленное родство с другими пресноводными представителями и представляли новые линии. Часть геномов показывала близкое родство с геномами из других пресноводных озер и водоемов, в частности с МАГ из более эвтрофного и соленого Балтийского моря со сходными климатическими условиями. Во многих байкальских MAGs обнаружены гены родопсина, что указывает на широкое распространение фотогетеротрофии в водной толще, несмотря на толстый ледяной/снежный покров и пониженное проникновение света в этот период. Это позволяет бактериям конкурировать с другими обитателями пелагиали за источники питания и энергии. Содержащие родопсины виды бактерий, такие

как *Ca. Fonsibacter*, *aci Actinobacteria* (*Ca. Nanopelagicales* и *Ca. Planktophila*) или LD28 (*Ca. Methyloporumilus*) были более многочисленны в фотической зоне, но также присутствовали в глубинных водах, в то время как CPR/Patescibacteria, *Myxococcales*, *Chloroflexi*, DPANN или *Gammaproteobacteria* обнаруживались только в глубинных водах, где также отмечен необычно высокий процент Candidate Phyla Radiation (CPR), *Thaumarchaeota* и весьма разнообразные микроорганизмы, участвующие в цикле азота. Пути окисления метана и серы (Sox), гидрогеназы, расщепление ароматических соединений, уреазы или алкан/метан-сульфонат-монооксигеназы обнаружены в большинстве байкальских MAGs из глубинной зоны озера, что отличает от их аналогов в океане или фотического слоя.

Проанализированы геномы вирусов, которые предположительно заражают многочисленные и экологически важные таксоны, обитающие в озере Байкал, такие как *Nitrospirota*, *Methylophilaceae* и *Crenarchaeota*. Анализ разнообразия выявил значительные изменения в составе вирусного сообщества между эпипелагической и батипелагической зонами. Рассмотрены процессы, посредством которых вирусы могут влиять на биогеохимические циклы, имеющие большое экологическое значение. **Исследования выполнены при поддержке** гранта РФФИ № 22-14-00084.

Земская Тамара Ивановна, главный научный сотрудник лаборатории микробиологии углеводов Федерального государственного бюджетного учреждения науки Лимнологического института Сибирского отделения Российской академии наук, Иркутск, Россия.

Телефон: +7 (914)-938-40-39

E-mail: tzema@lin.irk.ru

### 267. STM171, A STENOTROPHOMONAS BACTERIOPHAGE WITH EFFECTS ON ANTIBIOTIC ACTIVITY AGAINST BIOFILM FORMATION

Ghadeer Jdeed<sup>1</sup>, Vera Morozova<sup>2</sup>, Nina Tikunova<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Novosibirsk State Research University

<sup>2</sup> Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine SB RAS

*Stenotrophomonas maltophilia* is associated with respiratory infections and high mortality rates for immunocompromised patients<sup>1</sup>. Currently, only around 43 *S. maltophilia* bacteriophages are studied, and their

effects when used with antibiotics against biofilm formation are poorly studied. Bacteriophage StM171 was isolated from hospital waste water, it is a *Caudovirales* lytic bacteriophage and represents a new genus, it has a 44kbp dsDNA that encodes 59 open reading frames. StM171 has a medium host range and low burst size. It shows varying, strain-dependent and antibiotic-dependent effects on the formation of biofilms by *S. maltophilia* strains with the formation of biofilm increasing in some cases when applying StM171. *S. maltophilia* strains that developed resistance to StM171 phage showed changed susceptibility to antibiotics compared with the originally susceptible strains; most of the strains became susceptible to cephalosporin and penicillin-like antibiotics and became resistant to erythromycin and vancomycin.

Examining the effects of using bacteriophages on antibiotics and on preventing biofilm formation is an urgent question, which makes it important to further study this interaction when applying bacteriophages and antibiotics in vivo for phage therapy.

References:

1. Jeon, Y. D. *et al.* Risk factors for mortality in patients with *Stenotrophomonas maltophilia* bacteremia. *Medicine (Baltimore)* 95, e4375 (2016).

### 268. ПОЛИСАХАРИДНЫЙ СУБСТРАТ ДЛЯ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ ПРОДУЦЕНТОВ ГЛИКОЗИЛ-ГИДРОЛАЗ

Майорова К.А.<sup>1</sup>, Аксёнов А.С.<sup>1</sup>, Шевченко А.Р.<sup>1</sup>, Родичева М.А.<sup>1</sup>, Телицын В.Д.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Северный (Арктический) федеральный университет имени М. В. Ломоносова, Архангельск

<sup>2</sup> МГУ им. М. В. Ломоносова, хим. ф-т, Москва

**Введение:**

Для микробиологического синтеза комплексов целлюлолитических ферментов в питательных средах необходимы растворимые источники углерода (глюкоза) и нерастворимые – целлюлоза (не менее 50%), в качестве которой в промышленности применяют ее микрокристаллическую производную (МКЦ) (Korotkova et al, 2023). Однако, существуют методы получения подобных полисахаридных субстратов при совместной химической и биокаталитической переработке древесной массы. Данный подход позволяет более селективно удалять те или иные компоненты, а также получать биомодифицированную целлюлозу с заданными свойствами, необходимыми для грибных

продуцентов ферментов (Shevchenko et al, 2023).

#### Материалы и методы:

Ферментативный гидролиз хвойной сульфитной целлюлозы промышленной выработки осуществлен с применением комплексов гликозил-гидролаз *P. verruculosum* в лабораторном биореакторе при загрузке субстрата 10% по ранее подобранным параметрам и методам анализа (Aksenov et al, 2020).

#### Результаты:

Получены образцы модифицированной целлюлозы, в которых за сутки биомодификации удалось достичь повышения содержания чистой целлюлозы до 80% при условии конверсии 30% массы субстрата в глюкозу. Кристалличность полученных образцов составляет 48% и близка к показателю для товарной МКЦ **Флюцель 102 CAS 9004-34-6** (Индия). Раствор сахаров с преобладанием глюкозы рекомендовано применять в качестве подпитки при микробиологической конверсии сульфитных щелоков на том же производстве или реализовать в качестве основного компонента питательных сред для микробиологии.

#### Заключение:

Результаты исследования создают фундаментальные основы для применения продуктов биомодификации древесной целлюлозы как ключевых субстратов для культивирования продуцентов целлюлолитических ферментов. Технология позволяет производить биокатализаторы в месте их непосредственной реализации.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ (проект № 22-24-20136).

Майорова Ксения Александровна, студентка-бакалавр по направлению «Биотехнологии», Северный Арктический федеральный университет им. М. В. Ломоносова, Архангельск, Россия.

Телефон: +7 (902) 193-22-45

E-mail: majorova.k@edu.narfu.ru

## 269. СУПЕРГЕРОИ СРЕДИ ФЕРМЕНТОВ: ДВА СВЕРХТЕРМОСТАБИЛЬНЫХ ФУНКЦИОНАЛЬНО АКТИВНЫХ ДОМЕНА СЕМЕЙСТВА GH12 ИЗ ГИПЕРТЕРМОФИЛЬНОЙ АРХЕИ THERMOCOCCUS SP.

Заюлина К.С.<sup>1</sup>, Клюкина А.А.<sup>1</sup>, Шугаева Т.Е.<sup>2</sup>,  
Фролов Е.Н.<sup>1</sup>, Хуснутдинова А.Н.<sup>3,5</sup> Зиберс Б.<sup>4</sup>,  
Гольшин П.Н.<sup>3</sup>, Якунин А.Ф.<sup>3</sup>, Кубланов И.В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН, Москва, Россия

<sup>2</sup> Московский государственный университет им М.В. Ломоносова, факультет биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

<sup>3</sup> Университет Бангора, Бангор, Великобритания

<sup>4</sup> Университет Дуйсбурга-Эссена, Эссен, Германия

<sup>5</sup> ФИЦ «Пушкинский научный центр биологических исследований» РАН, Пущино, Россия

До недавнего времени было достаточно мало сведений о способности архей участвовать в биодеградации сложноразлагаемых полисахаридов растений. В ходе предыдущих исследований нам удалось выделить гипертермофильную архею *Thermococcus* sp. 2319x1, разлагающую полисахариды благодаря мультифункциональной гликозидазе (МДГ). МДГ содержит пять доменов, три из которых являются каталитическими – один относится к семейству гликозидаз GH5 и 2 других – к GH12. Ранее для рекомбинантного фермента МДГ были показаны условия активности при температурах от 40 до 95°C, оптимум при 60°C. В то же время, рекомбинантный домен GH5 функционировал как самостоятельный фермент, способный разлагать разнообразные полисахариды, осуществляя гидролиз β-1,4 и β-1,3 связей и обладая наибольшей активностью при 80°C.

Данная работа посвящена двум каталитическим доменам, относящимся к семейству GH12. Оба домена, как и GH5, являются функциональными ферментами. Будучи гомологами, они сильно отличаются друг от друга как по первичной структуре (сходство 33%), так и по свойствам, что, по-видимому, обусловлено различной эволюцией этих доменов. Оба фермента гидролизуют β-1,4-гликозидную связь в различных полисахаридах. В отличие от МДГ, обе гликозидазы GH12 характеризуются как крайне термоактивные и термостабильные белки: фермент GH12-1 работает при

температурах от 40 до 130°C (оптимум 100°C), а GH12-2 – в диапазоне 50 - 100°C (оптимум 90°C). Более того, GH12-1, по нашим сведениям, является одной из самых термостабильных гликозидаз и самой термостабильной из известных целлюлаз, имея время полужизни при 100°C равное 42 часам. В ходе работы была получена структура GH12-2, смоделированы мутантные структуры GH12-2 с заменами значимых для катализа и стабильности аминокислотных остатков на аланин. Моделирование показало возможное влияние ряда точечных мутаций. Далее было получено 22 мутантных белка с заменами значимых аминокислот на аланин, для которых были проверены субстратная специфичность, связывание с кальцием и термостабильность. Были обнаружены аминокислоты, замена которых полностью ингибирует фермент, но не было выявлено замен, существенно активирующих его или повышающих термостабильность. Таким образом, нами были получены две гликозидазы семейства GH12, которые обе, с одной стороны, являются термоактивными ферментами и одними из немногих известных архейных целлюлаз, но с другой отличаются друг от друга по происхождению, субстратной специфичности и параметрам активности и стабильности.

Работа поддержана грантом РФФ 23-14-00312

## 270. ХРОМИДЫ ИЛИ МЕГАПЛАЗМИДЫ? ЭВОЛЮЦИЯ МНОГОКОМПОНЕНТНЫХ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ГЕНОМОВ

О.О.Бочкарева<sup>1</sup>, Н.О.Драненко<sup>2</sup>,  
К.Ю.Перевощикова<sup>2,3</sup>, А.А.Семенова<sup>3</sup>,  
М.С.Гельфанд<sup>2,4</sup>

<sup>1</sup> Institute of Science and Technology Austria (ISTA)

<sup>2</sup> Институт проблем передачи информации им.  
А.А.Харкевича РАН

<sup>3</sup> Факультет биоинженерии и биоинформатики  
МГУ им. М.В.Ломоносова

<sup>4</sup> Сколковский институт науки и технологий  
(Сколтех)

Геномы многих бактерий (примерно 10% видов) состоят из нескольких обязательных репликонов, сопоставимых по размерам. В таких случаях традиционно говорят о мегаплазмидах (например, у ризобий), подчеркивая дополнительный характер второго по размеру репликона, или хромидов (например, у вибрионов), подчеркивая их равноправие с первой хромосомой.

Мы сопоставили размеры первых и вторых репли-

конов во всех родах бактерий, в которых были виды со вторым репликоном, размером которого превышал 500 т.п.н. (тысяч пар оснований). Таким образом было проанализировано 547 видов из 36 родов. Было обнаружено два четко различающихся тренда. В четырех семействах (*Pseudoalteromonadaceae*, *Burkholderiaceae*, *Vibrionaceae* и *Brucellaceae*) наблюдалась линейная зависимость между размерами первого (*C*) и второго (*S*) репликонов с коэффициентом 0,6–1,2 (общая зависимость  $S \approx C - 1,4 \times 10^6$ , коэффициент корреляции 0,63), что свидетельствует о скоординированных потоках потерь и приобретения генов. В таких родах мы предлагаем называть вторые репликоны хромидами. В других случаях корреляция между размерами репликонов не наблюдалась. При этом как правило вторые репликоны наблюдались лишь у небольшого числа видов в роде. Для таких репликонов мы предлагаем название мегаплазмиды (исключением являются мегаплазмиды симбиотических родов семейства *Rhizobiaceae* (*Rhizobium*, *Agrobacterium*, *Azospirillum* и *Ensifer*), которые примерно постоянны по размеру и присутствуют у всех видов).

Заметим, что эти определения имеют эволюционную основу и позволяют как отойти от произвольных порогов на размер второго репликона, так и описывать поведение геномов с большим количеством компонент. Мы подробнее рассмотрели эволюцию родов *Vibrio* и *Burkholderia*.

У 168 видов *Vibrio* четко выделяются хромиды размера 0,6–2,5 м.п.н. (миллионов пар оснований), а спорадические дополнительные репликоны имеют длину до 500 т.п.н. Связь количества генов на хромосоме (*c*) и хромиде (*s*) описывается регрессией  $s \approx 1,6 \times c - 3,1 \times 10^3$ , т.е. при увеличении размера генома хромида растет примерно в полтора раза быстрее, чем хромосома. Это согласуется с тем, что большинство (80%) универсальных, т.е. присутствующих почти у всех штаммов, генов располагаются в хромосоме, в отличие от дополнительных (*accessory*) генов, которые имеются лишь у части штаммов – примерно четверть таких генов находятся в хромосоме, примерно половина – в хромиде, а оставшаяся четверть имеет разное положение в различных штаммах. С другой стороны, более половины хромосомы составляют универсальные гены, в то время как для хромиды это лишь 20% генов. С функциональной точки зрения в хромиде перепредставлены гены факторов транскрипции и сигнальных белков. Реконструкция истории геномных перестроек показывает, что они преимущественно сосредоточены у термина-



тора репликации хромосомы и относительно равномерно распределены по хромиде. Транслокации с хромиды в хромосому происходят примерно в полтора раза чаще, чем с хромосомы в хромиду, и при этом наблюдается значимая тенденция сохранения лидирующей/запаздывающей цепи, хотя доля генов на лидирующей цепи в хромосоме больше, чем в хромиде (соответственно, 60% и 56%, различие значимо).

У ряда видов рода *Burkholderia* помимо хромид имеются большие мегаплазмиды размером 1–2 м.п.н., однако их наличие и размер никак не связаны с размером хромосомы и хромиды. Редукция генома у внутриклеточного патогена *B. mallei*, недавно выделившегося из внеклеточного патогена *B. pseudomallei*, сопровождалась потерей 13% генов хромосомы и 31% генов хромиды при сохранении пропорций размеров репликонов. С другой стороны, в три раза увеличилась плотность мобильных элементов (IS), при чем если у *B. pseudomallei* плотность и разнообразие IS больше в хромиде, чем в хромосоме (что согласуется с общими соображениями), то у *B. mallei* наблюдается обратная ситуация, что может быть связано с продолжающейся эволюционной нестабильностью в этой ветви. Еще одним проявлением этой нестабильности является заметно большая доля псевдогенов в хромиде по сравнению с хромосомами и у *B. mallei* по сравнению с *B. pseudomallei*.

Таким образом, доступность геномов большого числа штаммов и интеграция анализа геномных перестроек, потерь и приобретений генов, истории мобильных элементов позволяет описывать как универсальные эволюционные паттерны, так и особенности эволюции конкретных таксонов, что представляет особый интерес в случае патогенов.

Михаил Сергеевич Гельфанд, профессор, Сколковский институт науки и технологий, Москва.

Телефон: +7 (916) 609-29-71

E-mail: mikhail.gelfand@gmail.com;

m.gelfand@skoltech.ru

## 271. ВЫДЕЛЕНИЕ И ХАРАКТЕРИСТИКА НОВОЙ БАКТЕРИОЛИТИЧЕСКОЙ АМИДАЗЫ AMI *LYSOBACTER CAPSICI* XL1, ПЕРСПЕКТИВНОЙ ДЛЯ РАЗРАБОТКИ НА ЕЕ ОСНОВЕ АНТИМИКРОБНЫХ ПРЕПАРАТОВ НОВОГО ПОКОЛЕНИЯ

Галемина И.Е.<sup>1,2</sup>, Кудрякова И.В.<sup>1</sup>, Афошин А.С.<sup>1</sup>, Зеленов Д.В.<sup>1,2</sup>, Леонтьевская Е.А.<sup>1</sup>, Леонтьевская Н.В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ «Пушинский научный центр биологических исследований РАН» (Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН), Пушкино

<sup>2</sup> Пушкинский филиал федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования «Российский биотехнологический университет (РОСБИОТЕХ)», Пушкино

В настоящее время остро стоит проблема множественной лекарственной устойчивости бактериальных штаммов. Поэтому поиск и исследование новых антибактериальных препаратов является актуальной задачей.

Бактерии рода *Lysobacter* – активный продуцент противомикробных агентов. Протеомный и транскриптомный подходы позволили определить пул предполагаемых бактериолитических ферментов в культуральной жидкости *L. capsici* XL1. Среди них амидаза Ami. Была разработана гомологичная система экспрессии для Ami на основе штамма *L. capsici* IAEN. Целью данной работы было очистить и изучить бактериолитический фермент Ami. Очистка белка включала 2 этапа катионнообменной хроматографии и гель-фильтрацию. В результате был получен электрофоретически гомогенный фермент Ami.

Были определены оптимальные условия гидролиза амидазы в отношении автоклавированных клеток *Micrococcus luteus* Ac-2230<sup>T</sup>: 5–10 мМ Трис–HCl, pH 8.0, 60 °С. Фермент Ami на 66% ингибируется 10 мМ NaCl. Температура полуинактивации – 65 °С. п-ХМБ и фенантролин, в отличие от AEBSF, ингибируют Ami.

Фермент Ami не способен гидролизовать ни один из использованных белковых субстратов (азофибрин, желатин, казеин, эластин, гемоглобин, коллаген). При этом амидаза активно гидролизует автоклавированные клетки *Micrococcus luteus* Ac-2230<sup>T</sup> (36063±1954 ЛЕ/мг), *Bacillus cereus* 217

(2873±153 ЛЕ/мг), *Proteus vulgaris* Н-19 (5206±145 ЛЕ/мг), *Escherichia coli* К-12 (44000±3747 ЛЕ/мг) и *S. aureus* 209Р (453±87 ЛЕ/мг).

Особый интерес представляет способность бактериолитической амидазы *Ami* гидролизовать живые клетки бактерий *M. luteus* Ас-2230<sup>Т</sup> (68±1 ЛЕ/мг), *B. cereus* 217 (4524±171 ЛЕ/мг), *S. aureus* 209Р (18±2 ЛЕ/мг), *B. thuringiensis* VKM-83 (1079±72 ЛЕ/мг) и *B. megaterium* MS941 (3000±47 ЛЕ/мг).

Таким образом, применение «омикс»-технологий позволило найти, выделить и охарактеризовать бактериолитический фермент *Ami L. capsici* XL1, перспективный для разработки антимикробных препаратов нового поколения, нацеленных на борьбу с супербактериями.

Исследование выполнено при поддержке гранта Президента РФ (проект № МК-1864.2022.1.4)

Галемина Инна Евгеньевна, инженер лаборатории биохимии клеточной поверхности микроорганизмов ИБФМ РАН, г. Пушкино, Россия

Телефон: +7 (930) 751-61-39

E-mail: 99inna@inbox.ru

## **272. ХАРАКТЕРИСТИКА KLEBSIELLA PNEUMONIAE, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ КРОВИ И ЛИКВОРА У ДЕТЕЙ.**

*Садеева Зульфия Закиевна, Новикова И. Е.,  
Самойлова Е.А., Алябьева Н.М., Лазарева А.В.*

Федеральное государственное автономное учреждение Национальный медицинский исследовательский центр здоровья детей Министерства здравоохранения Российской Федерации, Москва, Россия.

### **Введение:**

Среди грамотрицательных микроорганизмов из крови и ликвора у детей чаще выделяется *K. pneumoniae* (КР). Множественная устойчивость к АМП и биопленки способствуют их длительной персистенции в стационарах.

### **Материалы и методы:**

Было отобрано 67 изолятов КР. Чувствительность к АМП определяли методом микроразведений в бульоне. Карбапенемазы определяли мультиплексной ПЦР-РВ. Биопленки выращивали в полистироловых планшетах, генотипы определяли методом МЛСТ.

### **Результаты:**

Устойчивость КР к аминогликозидам составила до 88%. К цефалоспорином – более 80% изолятов. К ципрофлоксацину – 73%. К карбапенемам и колистину – 34% и 31%, соответственно.

Преобладала карбапенемаза ОХА-48 – 33%. NDM обнаруживалась реже – у 9%. Их комбинация – 7% штаммов.

Почти все КР формировали биопленки. Умеренные – 61%; сильные – 21%, слабые – 15% изолятов. Всего было 27 генотипов. Чаще всего встречались: ST307 – 21%, ST395 – 12%, ST48 – 7%, ST39 – 6% и ST29 – 6%. Карбапенемрезистентные изоляты принадлежали к: ST307, ST395, ST48, ST29, ST2975 и ST198. Устойчивые к колистину штаммы относились к: ST395 (5/17), ST307 (4/17), ST2975 (3/17), и по одному изоляту имели ST48, ST11, ST39, ST29, ST985.

### **Заключение:**

КР, выделенные из крови и ликвора у детей, обладают широким спектром резистентности. Основная масса КР образует биопленки различной интенсивности и принадлежит к клонам высокого международного риска ST307, ST395 и ST48.

Садеева Зульфия Закиевна, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии ФГАУ «НМИЦ здоровья детей» Минздрава России, Москва, Россия.

Телефон: 89771293101

E-mail: zulfiryasadeeva@yandex.ru

## **273. ПРОИЗВОДСТВЕННЫЕ ПЛЕНКИ ХЕРЕСНЫХ ДРОЖЖЕЙ: СОСТАВ МИКРОБИОМА И ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТАБИЛЬНОСТЬ ДРОЖЖЕВЫХ ШТАММОВ**

*Белецкий А.В.<sup>1</sup>, Танащук Т.Н.<sup>2</sup>, Кишковская С.А.<sup>2</sup>, Шаламитский М.Ю.<sup>2</sup>, Равин Н.В.<sup>1</sup>,  
Марданов А.В.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup>Институт биоинженерии, ФИЦ Биотехнологии РАН, г. Москва, Ленинский просп. 33-2

<sup>2</sup>Всероссийский национальный научно-исследовательский институт виноградарства и виноделия „Магарач“ РАН, г. Ялта, ул.Кирова, 31

Виноделие – многостадийный процесс, протекающий с участием эндогенной микрофлоры ягод винограда и вносимых селекционных куль-

тур дрожжей, в основном *Saccharomyces cerevisiae*. Особыми свойствами обладают дрожжи, используемые при приготовлении вин типа Херес. В производственных условиях хересные дрожжи подвергаются стрессовым воздействиям, таким как высокие концентрации спирта, кислорода, недостаток питательных веществ и т.д., что ставит вопрос о стабильности их геномов.

В работе был секвенирован геном штамма хересных дрожжей I-329 из коллекции микроорганизмов «Магарач» и метагеномы двух производственных хересных пленок на основе этого штамма и поддерживаемых уже несколько десятков лет. В производстве используют два процесса получения хереса: (1) периодический процесс (выдержка вина под пленкой хересных дрожжей в бочке) и (2) непрерывный процесс (аналогичный системе *striaderas-solera*). В результате профилирования сообщества по генам 16S/18S рПНК и сиквенса метагеномов хересных пленок показано, что в них доминирует штамм *S. cerevisiae* I-329, в минорных количествах присутствуют *Pichia membranifaciens* и *Malassezia restricta*. Доля бактерий *Oenococcus oeni* и *Lentilactobacillus hilgardii* в микробиоме хересной пленки составляла около 20% при периодическом процессе и менее 1% при непрерывном процессе. Коллекционный штамм I-329 является триплоидом, за исключением хромосом I и III, а в промышленных пленках число хромосом у этого штамма одинаковое. Сравнительный анализ генома штамма I-329, хранящегося в коллекции, и геномов, собранных из метагеномов производственных пленок, выявил лишь несколько десятков однонуклеотидных полиморфизмов, что свидетельствует о его генетической стабильности в условиях длительного роста.

Работа выполнена при поддержке Минобрнауки России в рамках соглашения № 075-15-2022-318 от 20.04.2022 о предоставлении гранта в форме субсидий из федерального бюджета на осуществление государственной поддержки создания и развития НЦМУ «Агротехнологии будущего».

Марданов Андрей Владимирович, главный научный сотрудник института Биотехнологии им. К.Г. Скрыбина, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва Россия

Телефон: +7 (499) 783-32-64

E-mail: mardanov@biengi.ac.ru

## 274. ЭФФЕКТИВНОСТЬ ДЕЙСТВИЯ МЕЛАТОНИНА НА ФОРМИРОВАНИЕ ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТИ РАСТЕНИЙ ОГУРЦА В ЗАВИСИМОСТИ ОТ СУБСТРАТА

Бойко Е.В., Головацкая И.Ф., Кадырбаев М.К., Прокопенко В.И., Попов Д.С.

Национальный исследовательский Томский государственный университет

Засуха является наиболее распространенным стрессором, приводящим к серьезным изменениям в физиологических процессах у растений. Важным способом повышения эффективности агропроизводства служит применение природных стимуляторов – фитогормонов, среди них особый интерес вызывает молекула индольной природы – мелатонин (Мел). Целью исследования было изучить роль Мел в формировании засухоустойчивости 18-дневных растений огурца. Объектом исследования стал *Cucumis sativus* L. раннеспелый сорт Изящный. Имитацию засухи проводили на 2-х моделях: почвенная культура (понижение количества вносимой воды) и аквакультура с использованием осмотически активного вещества 8% раствора полиэтиленгликоля (ПЭГ 8).

В результате проведенных экспериментов показали, что в условиях засухи уменьшалась длина стебля растений огурца, при обработке Мел на фоне засухи длина стебля восстанавливалась до контрольных значений. При действии почвенной засухи на растения огурца увеличивалась интенсивность перекисного окисления липидов (ПОЛ) в листьях растений, в то время как обработка корней ПЭГ 8, не приводила к значительному увеличению данного показателя, уровень пролина возрастал в обоих вариантах. При обработке растений Мел интенсивность ПОЛ снижалась при почвенной засухе и возрастала в варианте с ПЭГ 8, при этом уровень пролина снижался в обоих вариантах. Таким образом, можно говорить о протекторном эффекте Мел на ростовые и биохимические показатели растений огурца при почвенной засухе. Разный эффект на интенсивность ПОЛ, отмеченный для разных моделей засухи возможно был обусловлен наличием в почвенной культуре бактериальных и грибных сообществ. В настоящее время нет данных о влиянии Мел на почвенную микробиоту, единичные статьи показывают влияние Мел на разнообразие и количественный состав некоторых групп организмов. Так, отмечено что Мел

в меньшей степени влияет на грибы, чем на бактерии. Необходимы дальнейшие исследования по изучению влияния Мел на почвенную микрофлору. Информацию о контактном лице: Бойко Екатерина Владимировна, старший преподаватель кафедры физиологии растений, биотехнологии и биоинформатики Биологического института, Национального исследовательского Томского государственного университета (НИ ТГУ), Томск, Россия  
E-mail: caterinasoloveva@gmail.com

## 275. ИЗУЧЕНИЕ МЕТАБОЛИЧЕСКИХ ВОЗМОЖНОСТЕЙ ПЕРСПЕКТИВНЫХ ШТАММОВ *PSEUDOMONAS* – ДЕСТРУКТОРОВ КСЕНОБИОТИКОВ

Баукова А.С.<sup>1</sup>, Делеган Я.А.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Пушинский филиал «Российский биотехнологический университет», Пушкино

<sup>2</sup> Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, Пушкино

Бактерии рода *Pseudomonas* обладают метаболической универсальностью и могут метаболизировать широкий спектр поллютантов. Это позволяет использовать микроорганизмов данной таксономической группы в мероприятиях по биоремедиации природных экосистем.

Цель работы – изучить метаболические возможности штаммов *Pseudomonas* sp. VD9 и *Pseudomonas* sp. S3521, способных к деградации ксенобиотиков. Штамм VD9 способен утилизировать декан, нафталин и дизельное топливо. Генетические системы деградации алканов в штамме представлены отдельными генами семейства *alk*: *alkB*, кодирующий фермент алкан-1-монооксигеназу, *alkT* – рубредоксинредуктазу и *alkS*, который регулирует уровень экспрессии *alk* кластеров. Катаболизм нафталина штаммом VD9 обусловлен наличием генов *nah*-оперона: *nahAaAdAcBCDE*, кодирующих ферменты для превращения нафталина в салицилат и генов неполного *sal*-оперона: *nahGOMK*, которые кодируют ферменты для превращения салицилата через мета-путь расщепления катехола до интермедиатов ЦТК.

Штамм S3521 способен утилизировать бензоат. В геноме штамма выявлены гены полного пути деградации бензоата: кластер *benABCD* кодирует ферменты превращения бензоата в катехол, гены *catBAC* кодируют ферменты превращения катехола в  $\beta$ -кетoadипат-енол-лактон, который фермен-

тами  $\beta$ -кетoadипатного пути (*PcaD*, *PcaIJ*, *PcaF*) превращается в ацетил-КоА и сукцинил-КоА. Катаболизм бензоата находится под контролем транскрипционных регуляторов (*BenR*, *CatR*, *PcaR*), которые также были обнаружены в геноме S3521. Таким образом, нами были изучены метаболические возможности штаммов *Pseudomonas* sp. VD9 и *Pseudomonas* sp. S3521, которые могут быть использованы в мероприятиях по восстановлению загрязнённых грунтов в качестве деструкторов ксенобиотиков.

Баукова Александра Сергеевна, студентка магистратуры кафедры биологии ФГБОУ ВО Пушинского филиала Российского биотехнологического университета (ФГБОУ ВО РОСБИОТЕХ), Пушкино, Россия.

Телефон: +7 (902) 930-87-85

E-mail: baukova\_26@mail.ru

## 276. «ТИШЕ ЕДЕШЬ – ДАЛЬШЕ БУДЕШЬ»: ВЫДЕЛЕНИЕ МЕДЛЕННОРАСТУЩЕЙ АРХЕИ, ПРЕДСТАВИТЕЛЯ ГЛУБОКОЙ ЛИНИИ ВНУТРИ ФИЛУМА *THERMOPROTEOTA*

А.И. Карасева<sup>1,2</sup>, А.Г. Ельченинов<sup>1</sup>, А.С. Туленков<sup>1,2</sup>, Т.В. Кочеткова<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ Биотехнологии РАН, г. Москва, <sup>2</sup> Московский физико-технический институт, г. Долгопрудный

Применение молекулярно-биологических методов в исследованиях природных экосистем позволило выявить огромное разнообразие филогенетических линий архей, в том числе и в термальных местах обитания. В сообществах наземных кислых гидротерм среди архей доминируют т.н. «некультивируемые» группы. Метагеномный анализ сообществ без получения высокообогащенных накопительных или чистых культур не позволяет достоверно описать метаболизм и экологическую роль этих микроорганизмов.

Из пробы кислого горячего источника (53.5°C, pH 2.6) кальдеры Узон (Камчатка) была получена накопительная культура с высокой долей «некультивируемых» архей. Избирательный подбор параметров культивирования с последующими предельными разведениями и продолжительным инкубированием позволил выделить чистую культуру термоацидофильной археи (штамм АК-3817). Геномный анализ показал, что изолят относит-

ся к филуму *Thermoproteota* порядка `Ca. Marsarchaeales`, ранее метагеномными предсказаниями отнесенного в ранг филума `Ca. Marsarchaeota` (Jay et al., 2018)\*\*. Микроорганизм является строго анаэробным хемоорганогетеротрофом, предпочитающим моно-, ди- и, в особенности, полисахариды. В процессе брожения образуются этанол, ацетат и углекислота. Время, необходимое для удвоения клеток в оптимальных условиях, составляет не менее 5 суток. Архея не способна к анаэробному дыханию, авто- и карбоксидотрофии, а также метаболизму соединений железа. Клетки имеют форму неправильных кокков (0.4-1.2 мкм в диаметре), часто внутри них обнаруживаются энкапсулированные наноконтакты неизвестной функции, ранее не детектированные у представителей филума. На основании фенотипических и филогенетических характеристик предложено видовое название `Tardisphaera saccharovorans`, в переводе с латыни обозначающее «медленный шар, поедающий сахар».

Данные о физиологии штамма АК-3817 и сравнительный геномный анализ позволяют предположить, что археи группы `Ca. Marsarchaeales` в горячих источниках специфично занимают нишу деструкторов полимерных углеводов и могут служить источником соответствующих ферментов для биотехнологии.

Работа выполнена за счет средств гранта РФФИ № 23-14-00312.

Карасева Алина Игоревна, м.н.с. ФИЦ Биотехнологии РАН

Телефон: +7 (906) 883-77-38

E-mail: karaseva.ai@phystech.edu

Jay, Z.J., et al., *Nat Microbiol* 3, 732–740 (2018)

## **277. ПОВЫШЕНИЕ СУПРЕССИВНОЙ АКТИВНОСТИ БИОКОМПОСТОВ ИЗ АГРООТХОДОВ**

*Миронов Владимир Витальевич, Щелушкина Анна Андреевна*

НЦМУ «Агротехнологии будущего» ФИЦ Биотехнологии РАН

Благодаря большому количеству положительных характеристик биокomпосты широко используются в сельском хозяйстве в рамках тенденций устойчивого развития и ресурсосберегающих технологий. Управление такими важнейшими параметрами, как потенциал подавления фитопатогенов

и удобряющая способность компостов, представляет большой интерес. Целью данного исследования было изучение влияния интродукции в биокomпост автохтонных видов *Bacillus subtilis*, *B. amyloliquefaciens*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Aspergillus corrugatus* как по отдельности, так и в комбинациях на супрессивную и фитостимулирующую активность биокomпостов, содержащих разное количество сухого вещества – 36% (твердый биокomпост) и 7% (компостная суспензия). Тестируемыми фитопатогенами были *Clonostachys rosea*, *Penicillium solitum* и *Alternaria alternata*. Это первое сообщение о потенциале биокomпостов для биологической борьбы с *C. rosea* и *P. solitum*. Классические микробиологические методы, основанные на культивировании, были использованы для оценки выживаемости микроорганизмов в биокomпосте, а молекулярно-биологические методы, основанные на qPCR, были использованы для подтверждения этих результатов на примере *B. amyloliquefaciens*. Показатели всхожести тестируемого растения (*Raphanus sativus*) были определены для оценки фитостимулирующего действия субстратов. Чтобы оценить эффективность биоконтоля, подсчитывали ингибирование роста мицелия с помощью тестов *in vitro*. Внесение автохтонной бактериально-грибной композиции повысило удобряющие свойства биокomпоста до 35% и улучшило супрессивную активность субстратов до 91,7%. Был сделан вывод, что использование композиции микробных антагонистов, нативных для биокomпоста, может повысить устойчивость к трем протестированным грибковым корневым и внекорневым фитопатогенам, а также повысить качество получаемого биокomпоста.

Миронов Владимир Витальевич, ведущий научный сотрудник НЦМУ «Агротехнологии будущего» ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (903) 739-05-30

E-mail: 7390530@gmail.com

## 278. CAR1 КАК НОВЫЙ СЕЛЕКТИВНЫЙ МАРКЕР ДЛЯ ГЕННОЙ ИНЖЕНЕРИИ ВИННЫХ ДРОЖЖЕЙ

Ураков В.Н., Марданов А.В., Ружицкий А.О.,  
Александров А.И., Равин Н.В.,  
Кушниров В.В.

ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва

Существенной проблемой при разработке промышленных дрожжей, и винных дрожжей в частности, является недостаток или отсутствие селективных маркеров. Таким маркером может стать ген аргиназы *CAR1*, нарушение которого полезно тем, что уменьшает накопление канцерогена этилкарбамата (ЭК) в вине. Делеция этого гена значительно снижает способность дрожжей утилизировать аргинин в качестве источника азота, и мы использовали этот эффект двумя способами.

Нашей первой задачей было удаление гена *CAR1* у триплоидного винного штамма *S. cerevisiae* I-328 при помощи технологии CRISPR/Cas9. Мы расщепляли хромосомы Cas9 по двум альтернативным сайтам, соответствующим пятому и 614-му нуклеотидам открытой рамки считывания гена *CAR1*, и разрыв исправляли за счет донорной ДНК, в которой отсутствовала кодирующая область *CAR1*. Чтобы отличить клоны, гомозиготные по делеции *CAR1* от гетерозиготных, полученные CRISPR-трансформанты анализировали по способности расти на среде с аргинином в качестве единственного источника азота. Гомозиготы по *car1Δ* не росли на этой среде, в отличие от гетерозигот. Корректность модификаций была подтверждена ПЦР-анализом и затем полногеномным секвенированием. Дополнительной характеристикой гомозиготного по *car1Δ* штамма является двукратное снижение накопления ЭК в среде, выявленное при помощи GC-MS. Таким образом, ген *CAR1* можно использовать в качестве удобного локуса для вставки различных генетических конструкций.

Далее, мы трансформировали штамм, гомозиготный по *car1Δ*, при помощи плазмиды, содержащей интактный ген *CAR1* в качестве селективного маркера. Это показывает, что ген *CAR1* можно применять в качестве плазмидного маркера для проведения дополнительных CRISPR/Cas9-модификаций. В случае потери плазмиды штамм сохраняет фенотип *Δcar1*, благотворно влияющий на свойства вина и позволяющий осуществлять дальнейшие изменения в геноме.

Таким образом, ген *CAR1* является удобным селективным маркером в генной инженерии полиплоидных, в частности винных дрожжей, например, при использовании технологии CRISPR/Cas9.

Работа поддержана *Федеральной научно-технической программой развития генетических технологий на 2019–2027 годы «РАЗВИТИЕ ТЕХНОЛОГИЙ ГЕНОМНОГО РЕДАКТИРОВАНИЯ ДЛЯ РЕШЕНИЯ ИННОВАЦИОННЫХ ЗАДАЧ ПРОМЫШЛЕННЫХ И ПИЩЕВЫХ BIOTEХНОЛОГИЙ»*, *Соглашение № 075-15-2021-1071 от 28.09.2021*

Ураков Валерий Николаевич, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (985) 939-10-05

E-mail: valery.urakov@gmail.com

## 279. РОЛЬ ОСТАТКА 263 В СУБЪЕДИНИЦЕ БЕТА МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ АТФ-СИНТАЗЫ ДРОЖЖЕЙ В РЕГУЛЯЦИИ АТФАЗНОЙ АКТИВНОСТИ ФЕРМЕНТА В ПРИСУТСТВИИ АДФ

Лапашина А.С.<sup>1,2</sup>, Галкина К.В.<sup>1</sup>, Маркова О.В.<sup>1</sup>,  
Кнорре Д.А.<sup>1</sup>, Фенюк Б.А.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> МГУ имени М.В. Ломоносова, НИИ физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского, Ленинские горы 1, стр. 40, 119991 Москва

<sup>2</sup> Факультет биоинженерии и биоинформатики МГУ имени М.В. Ломоносова, Ленинские горы 1, стр. 73, 119991 Москва

### Введение:

Митохондриальная АТФ-синтаза осуществляет сопряженный с трансмембранным протонным транспортом синтез АТФ за счет протондвижущей силы (pmf). В условиях, когда активность дыхательной цепи падает, pmf снижается, и фермент начинает работать в обратную сторону и гидролизует АТФ.

АТФ-синтаза составляет значительную долю общего белка внутренней мембраны митохондрий и при низкой pmf могла бы быстро гидролизовать весь АТФ в матриксе. Однако ряд регуляторных механизмов подавляет АТФазную активность фермента в отсутствие pmf. Один из них - неконкурентное ингибирование АДФ (АДФ-ингибирование).

Известно, что мутация бета-Gln263Leu АТФ-синтазы *Saccharomyces cerevisiae* ослабляет АДФ-ингибирование при гидролизе 1 мМ АТФ. В данной работе мы исследовали влияние этой мутации

на АТФазную активность фермента при низких концентрациях АТФ в присутствии избытка АДФ (симуляция условий глубокой де-энергизации клетки).

#### Результаты:

Добавление НАДН к СМЧ из дрожжей дикого типа и из мутанта бета-Gln263Leu приводило в присутствии 100 мкМ АДФ и фосфата приводило к синтезу АТФ (0,11 и 0,07 ммоль АТФ/мг белка за минуту, соответственно). Последующая добавка разобщителя-протонофора в случае СМЧ дикого типа ингибировала синтез АТФ; АТФазная активность после этого не наблюдалась. На СМЧ из мутантного штамма добавка разобщителя останавливала синтез АТФ и приводила к появлению АТФазной активности. В отличие от АТФ-синтазы дикого типа, фермент с мутацией бета-Gln263Leu был способен с большой скоростью гидролизовать 2 мкМ АТФ на фоне 100 мкМ АДФ.

#### Заключение:

Мутация бета-Gln263Leu АТФ-синтазы *S. cerevisiae* более чем на порядок увеличивает скорость гидролиза 2 мкМ АТФ на фоне 50-кратного избытка АДФ. Возможно, роль АДФ-ингибирования заключается в эффективном “выключении” АТФ-синтазы в условиях де-энергизации, когда одновременно и pmf и концентрация АТФ падают, а концентрация АДФ возрастает.

#### Благодарности:

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (грант 20-14-00268).

Фенюк Борис Александрович, зам. директора по науке НИИ ФХБ имени А.Н.Белозерского МГУ имени М.В.Ломоносова, Москва, Россия.

Телефон: +7 (495) 939-3107

E-mail: feniouk@belozersky.msu.ru

## 280. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ СЛОЖНЫХ ОКСИДОВ МЕТАЛЛОВ, ОБЛАДАЮЩИХ ФОТОКАТАЛИТИЧЕСКОЙ АКТИВНОСТЬЮ, ДЛЯ ПОЛУЧЕНИЯ ПОЛИМЕРНЫХ КОМПОЗИЦИЙ С АНТИМИКРОБНЫМИ СВОЙСТВАМИ

Шишкин А.Ю.<sup>1</sup> Смирнов В. Ф.<sup>1</sup>, Шалагинова И.А.<sup>2</sup>,  
Корниенко П.В.<sup>2</sup>, Сулейманов Е.В.<sup>1</sup>,  
Смирнова О.Н.<sup>1</sup>, Аникина Н.А.<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Нижегородский государственный университет им. Н.И. Лобачевского

<sup>2</sup>АО «Научно-исследовательский институт химии и технологии полимеров имени академика В.А. Каргина с опытным заводом»

Оксиды тяжелых металлов находят применение в качестве средств защиты промышленных материалов от микробиологических повреждений, вызываемых бактериями и микроскопическими грибами. В последнее время большое внимание уделяется оксидам металлов, обладающим фотокаталитической активностью, так как в условиях воздействия света их биоцидное действие усиливается. Одним из факторов, сдерживающих применение данных соединений в качестве средств защиты от биоповреждений, является то, что их фотокаталитическая активность проявляется в условиях воздействия ультрафиолета. В связи с этим в НИИ химии ННГУ им. Н. И. Лобачевского были разработаны сложные оксиды металлов  $RbTe_{1,5}Wo_{0,5}O_6$  и  $CsTeMoO_6$ , фотокаталитический эффект которых проявлялся в условиях видимого света. Данные соединения, обладающие бактерицидной и фунгицидной активностью, в концентрации 0,2% и 0,5% были введены в состав водных акриловых эмульсий марок «Лакротэн Э–21», «Лакротэн Э–31»; в водоэмульсионную краску ВДАК, а также органическое стекло на основе полиметилметакрилата (ПММА).

Было показано, что введение сложных оксидов металлов в приведенных концентрациях придает данным небиостойким композициям бактерицидные и грибостойкие свойства. В условиях воздействия света бактерицидных эффект у полимерных композиций увеличивался примерно в 2 раза. Также увеличилась устойчивость к действию микроскопических грибов. Причем, у ряда полимерных композиций, ПММА и ВДАК, кроме грибостойких обнаружили и фунгицидные свойства, т.е. появилась способность полностью подавлять жизнедеятельность микромицетов.

Таким образом, используя сложные оксиды металлов в качестве средств защиты от биоповреждений полимерных материалов, можно добиваться увеличения устойчивости к действию бактерий и грибов, уменьшая в них эффективные концентрации биоцидного компонента, что благоприятно может сказаться на снижении экологической нагрузки на окружающую среду, а также создавать композитные материалы с антимикробными свойствами.

Смирнов Василий Филиппович, заведующий отделом химико-биологических исследований НИИХ ННГУ им. Н.И. Лобачевского, Нижний Новгород, Россия  
Телефон: +7 (951) 917-10-15  
E-mail: biodeg@mail.ru

### 281. АТФ В ЖИВЫХ ДРОЖЖАХ И ИЗОЛИРОВАННЫХ МИТОХОНДРИЯХ: НАБЛЮДЕНИЯ С ПОМОЩЬЮ ФЛУОРЕСЦЕНТНЫХ ЗОНДОВ

А.С. Лапашина<sup>1,2</sup>, К.В. Галкина<sup>1</sup>, О.В. Маркова<sup>1</sup>,  
Д.О. Третьяков<sup>1,2</sup>, Д.А. Кнорре<sup>1</sup>, Б.А. Фенюк<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> НИИ ФХБ имени А.Н. Белозерского МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия

<sup>2</sup> Факультет биоинженерии и биоинформатики МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия

Количество АТФ в клетке дрожжей и ее компартментах является одним из важнейших биоэнергетических параметров, который непросто экспериментально оценить. Отдельную проблему представляет разделение митохондриального и цитоплазматического пулов АТФ и оценка уровня АТФ в матриксе интактных митохондрий. Для решения этой проблемы мы воспользовались флуоресцентными белковыми зондами семейства уАTeam, которые связывают АТФ, меняя при этом свои спектральные свойства, и оптимизированы для клеток дрожжей *Saccharomyces cerevisiae*. В работе применялось четыре вида зондов: АТФ-связывающие «рабочие» и не связывающие АТФ «контрольные» зонды с митохондриальной либо цитоплазматической локализацией.

Регистрируя флуоресценцию уАTeam в матриксе изолированных митохондрий, мы количественно откалибровали сигнал зонда и впервые измерили скорость накопления АТФ в матриксе при окислении сукцината. Кроме того, нам удалось в реальном времени наблюдать за уровнем АТФ в цитоплазме живых дрожжей в зависимости

от добавления субстратов и ингибиторов гликолиза или окислительного фосфорилирования, а также разобщителей мембранного протонного градиента. Пользуясь новым подходом, мы сравнили динамику уровня АТФ в дрожжах дикого типа с мутантными штаммами с нарушенным ингибированием АТФазной активности F-АТФазы. Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (грант 20-14-00268).

Лапашина Анна Сергеевна, научный сотрудник НИИ ФХБ имени А.Н. Белозерского МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия  
Телефон: +7 (919) 100-48-73  
E-mail: lapashina@belozersky.msu.ru

### 282. ДОМЕН СВЯЗЫВАНИЯ КЛЕТОЧНОЙ СТЕНКИ СЛИТЫЙ С Fc-ДОМЕНОМ ДЛЯ ДИАГНОСТИКИ И ТЕРАПИИ СТАФИЛОКОККОВЫХ ИНФЕКЦИИ

А.Л. Матвеев, Я.А. Хлусевич, Н.Н. Голосова,  
Ю.Н. Козлова, А.Ю. Тикунов, В.В. Морозова,  
Н.В. Тикунова

ИХБФМ СО РАН, Новосибирск

В последние годы в мире происходит быстрый рост антибиотикорезистентности бактериальных патогенов, который опережает появление новых антимикробных препаратов. Известно о появлении микробных инфекций, устойчивых практически ко всем известным антибиотикам. Представители рода *Staphylococcus* являются условно-патогенными микроорганизмами, и могут вызывать инфекционные заболевания, в том числе пневмония, менингит и сепсис. В 2017 году ВОЗ внесла *S. aureus* в список наиболее опасных патогенов, обладающих антибиотикорезистентностью, что делает их приоритетной мишенью для разработки новых классов антибиотиков. Одним из возможных кандидатов для создания новых антистафилококковых препаратов являются «лизибоды» – белки, содержащие домен связывания клеточной стенки эндолизина (CBD) антистафилококкового бактериофага слитый с Fc доменом IgG1 человека.

Ранее в нашей лаборатории были изолированы бактериофаг SA120, обладающий литической активностью в отношении широкого спектра штаммов *S. aureus*. На основе выявленных в геноме бактериофага SA120 генов, кодирующих эндолизины и методом структурного анализа была проанализи-



рована молекулярная структуры эндолизина и получен штамм *E. coli*, продуцирующий CBD.

Способность CBD связываться с клеточными стенками клинических штаммов бактерий *S. aureus* из КЭМТК ИХБФМ СО РАН, в том числе обладающих антибиотикорезистентностью, было проверено с помощью конфокальной микроскопии. После подтверждения способности CBD связываться с клеточными стенками была получена плаزمид, обеспечивающая продукцию лизибоди SA120.

Таким образом, были получены штаммы-продуцент рекомбинантных CBD эндолизина и показано его способность связываться с различными штаммами *S. aureus*.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-74-10105.

Матвеев Андрей Леонидович, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии ИХБФМ СО РАН, Новосибирск, Россия.

Телефон: +7 (913) 710-14-87

E-mail: [guterus@gmail.com](mailto:guterus@gmail.com)

### **283. УМЕНЬШЕНИЕ РАЗМЕРА КЛЕТОК LACTOCOCCUS LACTIS В УСЛОВИЯХ ГОЛОДАНИЯ, ПРОЯВЛЯЮЩЕЕСЯ В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ШТАММОВОЙ СПЕЦИФИЧНОСТИ И СОСТАВА ПИТАТЕЛЬНЫХ СРЕД**

Тренина Марина Анатольевна, Андреевская С.Г.,  
Поляков Н.Б., Жуховицкий В.Г.

Национальный исследовательский центр  
эпидемиологии и микробиологии имени  
почетного академика Н.Ф. Гамалеи Минздрава  
России

#### **Введение:**

В работе сравнивали размеры клеток (РК) трех штаммов мезофильных молочнокислых бактерий, используя два микробиологических теста (MT1 и MT2), моделирующих условия голодания, с целью изучения динамических свойств популяций.

Ключевые слова: *Lactococcus lactis*

#### **Методы и методы:**

Адаптивное культивирование, то есть последовательные пересевы бактерий при температуре от 26 °С до 30 °С, проводили на казеиново-лактозном CL: пептон из казеина – 0,4 %, лактоза – 0,25 %, агар – 1,5 % и комплексном CM5G: пептон из казеина – 0,8 %, мясной экстракт – 0,4 %, натрий хлористый – 0,5 %, глюкоза – 0,5 % агарах. Видовая

принадлежность штамма TV21, варианта адаптированного к CL из штамма ВКПМ – 8354, и двух растительных изолятов: V36 и V26, подтверждена методом MALDI TOF. РК определяли методом сканирующей электронной микроскопии. Метод MT1 основан на высокой плотности исходного посева на CL агаре и последующего 2 ч и 4 ч инкубирования при 30 °С. Метод MT2 включает адаптивное культивирование на CL и CM5G агарах, нанесение тонкого слоя полужидкого «голодного» агара (0,5 %) на рассевы и инкубирование при 30 °С в течение 2 ч и 3 ч.

#### **Результаты:**

Типичные клетки TV21 в методе MT1 имели РК от 914 +/- 49 нм (густой рассев) до 936 +/- 87 нм (2 ч культивирования на CL). При увеличении времени культивирования до 4 ч РК TV21 уменьшился в 1,2 раза до значений 775 +/- 36 нм. РК двух штаммов V36 и V26 сравнивали методом MT2. Значения РК после культивирования на CM5G составляли: для V36 - от 914 +/- 74 нм (2 ч) до 982 +/- 63 нм (3 ч), для V26 – от 778 +/- 36 нм (2 ч) до 808 +/- 27 нм (3 ч). При аналогичных измерениях РК после культивирования V36 на CL агаре было обнаружено уменьшение значений в 1,2 раза: – до 769 +/- 36 нм (2 ч) и в 1,4 раза -- до 719 +/- 20 нм (3 ч). Уменьшение РК у V26 в 1,3 раза – до 632 +/- 31 нм выявлено только на 3 ч инкубирования в условиях MT2.

#### **Заключение:**

Полученные данные свидетельствуют о штаммовой специфичности динамики изменения размера клеток *L. lactis* при голодании.

Тренина Марина Анатольевна, старший научный сотрудник лаборатории индикации и ультраструктурного анализа микроорганизмов НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи, Москва, Россия.

Телефон: +7 (906) 742-44-63

E-mail: [m.trenina2016@yandex.ru](mailto:m.trenina2016@yandex.ru)

**284. СУТОЧНАЯ ДИНАМИКА  
МИКРОБНЫХ ПРОЦЕССОВ  
В ЦИАНОБАКТЕРИАЛЬНЫХ  
СООБЩЕСТВАХ СОДОВЫХ ОЗЁР  
КУЛУНДИНСКОЙ СТЕПИ**

Самылина О.С., Косякова А.И., Меркель А.Ю.,  
Каллистова А.Ю., Пименов Н.В.

Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского,  
ФИЦ Биотехнологии РАН

Известно, что физиологическая активность микроорганизмов в водных экосистемах может подчиняться циркадным ритмам, приводящим к изменению интенсивности микробных процессов в течение суток. Фототрофные микроорганизмы и процессы изучены в этом отношении лучше, чем хемотротрофные, но микробные сообщества содовых озёр до сих пор остаются «белым пятном».

Целью работы было *in situ* изучение суточной динамики процессов выделения и окисления метана (ВМ и МО), первичной продукции (ПП), темновой ассимиляции углекислоты (ТАУ) и азотфиксации (АФ) в цианобактериальных сообществах содовых озёр Кулундинской степи (Алтайский край). Были исследованы два озера: Горчина 1 (30 г/л) и Петуховское содовое (61 г/л). Объектом исследования были фототрофные сообщества, которые скапливались в виде толстого слоя рыхлой биомассы у уреза воды. В их составе преобладали цианобактерии родов *Nodosilinea*, *Sodalinema*, cf. *Leptolyngbya* и cf. *Trichormus*.

Интенсивность ПП имела выраженный светозависимый характер, в то время как ТАУ была низкой в течение всех суток. АФ также носила светозависимый характер. Содержание метана в биомассе исследуемых сообществ в утренние часы составляло до 150-200 нмоль  $\text{CH}_4/\text{см}^3$ , что значительно превышало дневные значения (до 70 нмоль  $\text{CH}_4/\text{см}^3$ ). В изучаемых образцах доминировали гидрогенотрофные метаногенные археи рода *Methanocalculus* и метанотрофные бактерии рода *Methylotheobacterium*. Пик интенсивности МО наблюдался в утренние часы и совпадал по времени со значительным поглощением метана в экспериментальных флаконах и со снижением содержания метана в *in situ* биомассе. Наиболее высокие скорости МО наблюдались в период активного оксигенного фотосинтеза (ПП). Динамика выделения/поглощения метана была неравномерной: пики выделения метана наблюдались в ночное время, а также в период максимальной интенсивности ПП.

Предполагается, что стимуляция окисления метана днём может быть связана с выделением кислорода цианобактериями, а дневной пик образования метана – либо с активностью гидрогенотрофных метаногенов, стимулируемых выделением водорода цианобактериями при АФ, либо с разложением метилфосфонатов цианобактериями.

Самылина Ольга Сергеевна, старший научный сотрудник лаборатории реликтовых микробных сообществ Института микробиологии им. С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (903) 287-90-60

E-mail: olga.samyлина@gmail.com

**285. FMN-НЕЗАВИСИМЫЙ  
ОБРАТНЫЙ ПЕРЕНОС  
ЭЛЕКТРОНОВ, КАТАЛИЗИРУЕМЫЙ  
ПРОТОНТРАНСЛОЦИРУЮЩЕЙ  
NADH:УБИХИНОН-  
ОКСИДОРЕДУКТАЗОЙ  
ПЛАЗМАТИЧЕСКИХ МЕМБРАН  
*PARACOCCLUS DENITRIFICANS***

Гривенникова В.Г., Гладышев Г.В.

Кафедра биохимии, Биологический факультет,  
Московский государственный университет им.  
М.В.Ломоносова

Протонтранслоцирующая NADH:убихинон-оксидоредуктаза (комплекс I) почвенной бактерии *Paracoccus denitrificans* состоит из 17 субъединиц с общей молекулярной массой ~550 кДа. В состав фермента входят нековалентно связанный FMN, служащий первичным акцептором электронов для NADH, и 8-9 FeS-кластеров. Комплекс I катализирует окисление NADH убихиноном, сопряженное с трансмембранным переносом протонов и генерацией потенциала на плазматической мембране бактерий. Помимо убихинона восстановленный фермент может быть реокислен гидрофильными искусственными акцепторами электронов, такими как феррицианид и гексаамминрутений (III) (HAR). Если на мембранах присутствует протонный градиент, реакция окисления NADH полностью обратима, и комплекс I способен катализировать так называемый обратный перенос электронов от убихинола на  $\text{NAD}^+$  и его аналоги, а также на некоторые искусственные акцепторы электронов. В последние годы достигнут значительный прогресс в установлении структуры фермента, однако пред-

ложенные схемы внутримолекулярного переноса электронов остаются гипотетическими.

Общепринято, что FMN принимает участие во всех реакциях, катализируемых комплексом I. Согласно структурным данным, это единственная редокс группа, имеющая доступ к водному окружению белка и способная к взаимодействию с гидрофильными соединениями. Все реакции, происходящие при участии FMN, блокируются высокоспецифичным ингибитором комплекса I NADH-ОН. В нашей работе мы впервые показали, что комплекс I в плазматических мембранах *P. denitrificans* катализирует FMN-независимый обратный перенос электронов на НАР, нечувствительный к NADH-ОН. Мы предполагаем, что в составе фермента помимо FMN есть еще одна редокс группа, доступная для гидрофильных соединений, что подтверждается сложной кинетикой взаимодействия комплекса I с НАР. Предложена схема взаимодействия НАР с редокс компонентами фермента в прямой реакции окисления NADH и в обратном переносе электронов.

Работа поддержана грантом РФФ 22-24-00106.

Гривенникова Вера Георгиевна, доцент кафедры биохимии Биологического факультета МГУ имени М.В.Ломоносова, Москва, Россия.

Телефон: +7 (916) 479-24-06

E-mail: vgrivennikova@mail.ru

## 286. НОВЫЕ КУЛЬТИВИРУЕМЫЕ LIMNOCHORDIA ИЗ ГЛУБИНЫХ ПОДЗЕМНЫХ ВОДНОСНЫХ ГОРИЗОНТОВ ПРОЛИВАЮТ СВЕТ НА ФИЗИОЛОГИЮ И ЭКОЛОГИЮ ЭТОГО КЛАССА

Лукина А.П.<sup>1</sup>, Авакян М.Р.<sup>1</sup>, Равин Н.В.<sup>2</sup>, Карначук О.В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Томский государственный университет, Томск, Россия

<sup>2</sup> Институт Биотехнологии им. К.Г. Скрыбина, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия

В классе *Limnochordia*, представляющем глубокую филогенетическую линию в *Firmicutes* (переклассифицированных недавно в *Bacillota*), до настоящего времени был представлен единственный культивируемый представитель, *Limnochorda pilosa*, выделенный из осадков меромиктического озера в Японии. Метагеномный анализ показал присутствие *Limnochordia* в различных наземных

биотопах, среди которых преобладают анаэробный ил и осадки дайджестеров. Ранее мы обнаружили представителей класса молекулярными методами в глубинных термальных водоносных горизонтах в различных локациях, однако их доля в сообществе была небольшой и не превышала 0.4%. Целью настоящего исследования было получение чистых культур *Limnochordia* из глубинных водоносных горизонтов и их характеристика.

Анализ композитного генома, собранного из метагенома подземных вод, позволил подобрать условия и сформулировать питательные среды для накопления и дальнейшего выделения в чистую культуру двух новых представителей класса. Филогенетический анализ по гену 16S рРНК выделенных штаммов LN и 945 показал их значительное удаление от известных представителей домена *Bacteria*. Среднее сходство аминокислотных последовательностей геномов (AAI) штаммов LN и 945 с *L. pilosa* составляло 51.2 и 51.5%, соответственно, предполагая, что штаммы относятся к новому семейству класса, для которого предложено название *Geochordaceae* fam. nov. AAI между штаммами LN и 945 составляло 65.5%. Факт значительного различия физиологии позволяет предположить, что штаммы относятся к разным родам семейства.

Метаболизм *Limnochordia*, сочетающих способность к гидролизу полимеров, таких как крахмал, с литотрофным ростом на CO, идеален с точки зрения экологии подземных биотопов, где источник энергии для роста прокариот не очевиден. Кроме того, штамм 945 способен к аэробному дыханию, что хорошо согласуется с новой теорией «темного» кислорода в подземной биосфере. Сульфидогенез штаммов возможен только за счет присутствия цистеин сульфурилазы, диссимиляционная сульфатредукция отсутствует.

Выделение и изучение физиологии новых штаммов поддержано грантом РФФ 21-14-00114 (ОВК), определение последовательности геномов – грантом РФФ 22-14-00178 (НВР)

Лукина Анастасия Петровна, младший научный сотрудник лаборатории биохимии и молекулярной биологии, Томский государственный университет, Томск, Россия

Телефон: +7 (953) 926-24-37

E-mail: anastasiya-lukina-93@mail.ru

## 287. ГРАЖДАНСКАЯ НАУКА КАК ИНСТРУМЕНТ СБОРА ОБРАЗЦОВ ДЛЯ БИОБАНКА

*Филонова М.В., Ковтун И.С.*

НИ Томский государственный университет,  
Томск, Россия

Биобанк образцов, ассоциированных с сельскохозяйственными животными (СХЖ), это структура позволяющая создать исследовательскую базу для разработки диагностических инструментов оценки здоровья и качества питания особей, а также значительно расширить область применения микроорганизмов кишечника СХЖ в биотехнологии. При этом остро встает вопрос получения биологического материала для исследований. В данном ключе перспективно применение модели гражданского участия общественности, что позволит достичь широкого географического охвата и большего разнообразия образцов, чем при использовании труда ученых-профессионалов.

Поскольку биологические образцы, ассоциированные с СХЖ, являются достаточно сложным биологическим материалом для биобанкирования в виду отсутствия мировых стандартов и протоколов отбора, транспортировки, хранения и контроля качества, была проведена проработка вопросов организации технической части отбора и отправки проб, с учетом особенностей применения гражданской науки. В результате чего была разработана программа обучения и отдельная инструкция для «гражданских ученых», исключающая двойное толкование и употребление специфических терминов для максимально точного воспроизведения протокола отбора проб. Также предложен более простой способ сохранения образцов после их отбора, упрощающий процесс транспортировки, который заключался в использовании раствора консерванта, сохраняющего нуклеиновые кислоты. Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019-2027 годы (Соглашение № 075-15-2021-1401 от 03 ноября 2021 года).

Мария Васильевна Филонова, доцент кафедры физиологии растений, биотехнологии и биоинформатики, НИ ТГУ, Томск, Россия.

Телефон: 8-(3822) - 529-765

E-mail: Maria-Caurus7@ya.ru

## 288. 70 ЛЕТ ПОИСКОВ НОВЫХ АНТИБИОТИКОВ (К ЮБИЛЕЮ НИИ ПО ИЗЫСКАНИЮ НОВЫХ АНТИБИОТИКОВ ИМЕНИ Г.Ф.ГАУЗЕ)

*Маланичева И.А.*

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Научно-исследовательский институт по изысканию новых антибиотиков имени Г.Ф. Гаузе»

Институт по изысканию новых антибиотиков был создан в 1953 г. на базе Лаборатории антибиотиков АМН СССР, организованной профессором Г.Ф.Гаузе, одним из пионеров в области изучения антибиотиков. В военном 1942 году Г.Ф.Гаузе и М.Г.Бражникова открыли первый в нашей стране оригинальный антибиотик грамицидин С (советский), который использовался для лечения и профилактики раневых инфекций в период Великой Отечественной войны. Грамицидин и в настоящее время производится отечественной медицинской промышленностью.

В разные годы Институт возглавляли: доктор биологических наук С.Д.Юдинцев (1954 -1959), академик Г.Ф.Гаузе (1960-1986), чл.-кор. РАМН Ю.В. Дудник (1987-2003), Заслуженный деятель науки РФ, доктор химических наук, профессор М.Н. Преображенская (2003-2007), чл.-кор. РАМН и РАН А.А.Фирсов (2007-2017). В настоящее время Институтом руководит доктор химических наук, профессор РАН А.Е.Щекотихин.

Значительный вклад в работу Института внесли Т.П.Преображенская, М.Г.Бражникова, Л.С. Поваров, В.А.Шорин, Л.Е.Гольдберг и др.

В Институте были получены и затем внедрены в медицинскую практику антибактериальные антибиотики - грамицидин С, колимицин (неомицин), мономицин, ристомицин, канамицин, линкомицин, гелиомицин, эремомицин и представители всех основных групп противоопухолевых антибиотиков: оливомицин, брунеомицин (стрептогрин), рубомицин (даунорубицин), карминомицин и блеомицетин (блеомицин А-5). Был создан полусинтетический антибиотик доксорубицин, а в 2021 открыто семейство новых антибактериальных липогликопептидных антибиотиков - гауземицинов. В институте работают 9 лабораторий, организованы новые структурные подразделения – группа молекулярно-генетической идентификации продуцентов антибиотиков (2010 г.) и две новые молодежные лаборатории (2022 г.), нацелен-

ные на борьбу с антимикробной резистентностью. Поддерживается коллекция культур продуцентов антибиотиков (ИНА).

Маланичева Ирина Алексеевна, старший научный сотрудник Сектора поиска природных соединений, преодолевающих устойчивость бактерий, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Научно-исследовательский институт по изысканию новых антибиотиков имени Г.Ф. Гаузе», Москва, Россия.

Телефон: +7 (909) 937-08-66

E-mail: malanicheva.irina@yandex.ru

## 289. ОЦЕНКА ПРОТИВОМИКРОБНОГО ПОТЕНЦИАЛА ПРИРОДНЫХ ТЕРПЕНОИДОВ

*Е.Ю. Тризна<sup>1</sup>, А.И. Колесникова<sup>1</sup>, Э.Р. Гильфанов<sup>1</sup>, Л.Е. Никитина<sup>2</sup>, А.Р. Каюмов<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> Казанский (Приволжский) федеральный университет, Институт фундаментальной медицины и биологии, 420008, г. Казань, ул. Кремлевская 18, public.mail@kpfu.ru

<sup>2</sup> Казанский государственный медицинский университет, 420012, г. Казань, ул. Бутлерова, 49

### Введение:

Инфекционные заболевания, вызванные различными внутрибольничными микроорганизмами, поражают во всем мире как людей с ослабленным иммунитетом, так и относительно здоровых людей. Бактерии и грибы имеют разные инструменты уклонения от противомикробных препаратов, такие как гидролиз лекарственных препаратов, системы оттока и образование биопленки, что значительно усложняет лечение инфекций.

### Материалы и методы:

Оценку сочетанного действия миртенола и противомикробных препаратов проводили методом шахматной доски. Действие противомикробных препаратов в отношении бактерий и грибов в составе биопленки оценивали с помощью подсчета КОЕ после серийных десятикратных разведений. Для оценки воздействия миртенола на мембраны клеток оценивали изменение мембранного потенциала.

### Результаты и обсуждение:

Было показано, что миртенол потенцирует антимикробную активность лекарственных препаратов

против моно- и двухвидовых культур *S. aureus* и *C. albicans*. (+)-Миртенол проявлял синергизм с амикацином, флуконазолом и хлоридом бензалкония в отношении 64–81% клинических изолятов *S. aureus* и *C. albicans*, включая MRSA и устойчивые к флуконазолу грибы. Кроме того, миртенол был способен до шестнадцати раз усиливать действие хлорида бензалкония против планктонных клеток в составе смешанной культуры *S. aureus*-*C. albicans* и подавлял адгезию *S. aureus*. Механизм синергизма как (–)-миртенола, так и (+)-миртенола с противомикробными препаратами, по-видимому, был обусловлен повреждением мембраны, поскольку обработка обоими терпенами приводила к значительному падению мембранного потенциала, аналогично действию хлорида бензалкония.

### Заключение:

В связи с низкой токсичностью миртенола он представляется перспективным средством для повышения эффективности лечения инфекций, вызванных бактериями и грибами рода *Candida*, а также смешанных грибково-бактериальных инфекций, в том числе резистентных штаммов.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (проект №20-64-47014).

Тризна Елена Юрьевна, старший научный сотрудник НИЛ «Природные антимикробные препараты» ФГАОУ ВО Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, Россия.

Телефон: +7 (905) 022-34-52

E-mail: trizna91@mail.ru

## 290. БАКТЕРИОЛИТИЧЕСКИЕ ФЕРМЕНТЫ БАКТЕРИОФАГОВ ГРАМПОЛОЖИТЕЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ: NOVOMOSKOVSK, VOLOKHOVO И IF6.

*Скорынина А.В.<sup>1</sup>, Бузиков Р.М.<sup>1</sup>, Казанцева О.А.<sup>1</sup>, Пилигримова Э.Г.<sup>1</sup>, Копосова О.Н.<sup>1</sup>, Кулябин В.А.<sup>1</sup>, Рябова Н.А.<sup>1,2</sup>, Шадрин А.М.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> Лаборатория биологии вирусов бактерий, Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина, ФИЦ Пущинский научный центр биологических исследований РАН; Пущино, 142290, Проспект Науки, 5.

<sup>2</sup> ФГБУН Институт белка РАН, Пущино, 142290

### Введение:

В 2019 году от антибиотико-устойчивых бактери-

альных инфекций погибло более одного миллиона человек. На фоне отсутствия успехов в разработке классических антибиотиков вновь возрос интерес к бактериофагам. Так, известно, что в настоящее время ведутся клинические испытания как минимум 4 препаратов, на основе коктейлей бактериофагов, а также двух препаратов на основе бактериолитических ферментов фагов.

#### **Материалы и методы:**

Бактериофаги Novomoskovsk, Volokhovo, заражающие *B. pumilus* были выделены из почвы городов Болохово и Новомосковск (Тульская область); бактериофаг iF6 – из терапевтического препарата «секстафаг» НПО «микроген». Геномы бактериофагов были секвенированы и аннотированы. Гены бактериолитических ферментов были клонированы в экспрессионный векторы типа pET. Бактериолитические ферменты выделены из рекомбинантных штаммов-продуцентов *E. coli* BL21(DE3) pET.

#### **Результаты и обсуждение:**

Последовательности геномов бактериофагов Novomoskovsk и Volokhovo оказались на 83.4% идентичны, однако последовательности деполимераз проявляли лишь незначительную гомологию. Деполимераза фага Volokhovo обладала сходной специфичностью с бактериофагом, в то время как деполимераза фага Novomoskovsk была активна лишь против 3 штаммов из 12, в то время как фаг заражал 11 из 12 штаммов. Обе деполимеразы были активны в диапазоне pH от 4 до 11 и сохраняли активность после прогревания при 70°C в течение часа.

В геноме бактериофага iF6 было выявлено два гена, кодирующие эндолизины: Gr82 и Gr84. Оба эндолизина действовали как на логарифмической, так и в стационарной фазах роста культуры штамма-хозяина фага iF6. Gr82 проявлял максимальную активность в диапазоне pH 7-9, а Gr84 – 5-9. Gr84 обладал более широким спектром специфичности и высокой термостабильностью по сравнению с Gr82.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РНФ в рамках научного проекта № 22-15-00385.

#### **Заключение:**

Исследования бактериолитических ферментов фагов могут шире раскрыть бактериолитический потенциал бактериофагов.

Шадрин Андрей Михайлович, руководитель лаборатории биологии вирусов бактерий ИБФМ РАН (Пушино)

Телефон: +7 (977) 394-70-36

E-mail: andrey2010s@gmail.com;

a.shadrin@pbcras.ru

## **291. ИССЛЕДОВАНИЕ АНТИМИКРОБНОЙ АКТИВНОСТИ ПРИРОДНЫХ ТЕРПЕНОВ В ОТНОШЕНИИ *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* И *CANDIDA ALBICANS***

*Колесникова А.И.<sup>1</sup>, Тризна Е.Ю.<sup>1</sup>, Гильфанов И.Р.<sup>1</sup>,  
Никитина Л.Е.<sup>2</sup>, Каюмов А.Р.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> Казанский (Приволжский) Федеральный  
Университет, 420008

<sup>2</sup> Казанский государственный медицинский  
университет, 420111

*Staphylococcus aureus* является причиной широкого спектра клинических заболеваний. В результате эволюции бактерий возросла его устойчивость к множеству антибиотиков различных классов, что вызывает необходимость поиска новых терапевтических средств для лечения заболеваний. *Candida albicans* является наиболее распространенным грибковым патогеном человека с широким спектром факторов вирулентности, который также характеризуется быстрым развитием устойчивости ко всем видам противогрибковых препаратов. Сейчас большинство исследований направлены на поиск комбинированной терапии, для усиления известных антимикробных препаратов природными соединениями, для снижения их действующих концентраций. В этом контексте лекарственные растения являются одним из основных источников биоактивных молекул для антимикробных целей. Среди них терпены – основные компоненты эфирных масел многих растений, демонстрируют высокую противомикробную активность.

В работе была проведена оценка антибактериальной активности 53 терпенов в отношении *S. aureus*. Было показано, что 36 соединений обладали антимикробной активностью, их минимальная подавляющая концентрация (МПК) варьировала от 2048 мкг/мл до 16 мкг/мл. Чтобы установить возможность потенцирования антибиотиков, проводили оценку синергизма терпенов и амикацина, мирамистина, цефтриаксона и цiproфлоксацина с использованием метода шахматной доски. Было показано, что 12 соединений способны повышать эффективность амикацина, 13 – мирамистина, 7 – цефтриаксона, 6 – цiproфлоксацина и действовать синергетически. При исследовании действия мир-

тенола на *S.aureus* и *C. albicans* наблюдалась слабо выраженная антибактериальная и противогрибковая активность вещества. Было показано наличие синергизма миртенола с амикацином и хлоридом бензалкония в отношении планктонных клеток и клеток в составе биопленок клинических изолятов *S. aureus*. Также наблюдалось повышение эффективности флуконазола и хлорида бензалкония в отношении клинических изолятов *C. albicans*.

Таким образом, комбинированное применение терпенов с различными противомикробными препаратами способно повысить эффективность антибиотиков в отношении *S.aureus* и *C. albicans*, что может служить основой для нового подхода в противомикробной терапии.

Работа выполнена за счет средств субсидии, выделенной Казанскому федеральному университету для выполнения государственного задания в сфере научной деятельности. Проект № FZSM-2022-0017.

Колесникова Алёна Игоревна, лаборант-исследователь НИЛ «Природные антимикробные препараты», Казанский (Приволжский) Федеральный Университет, Казань, Россия.

Телефон: 89274695620

E-mail: kolesnikova.ai337@gmail.com

## **292. НОВЫЙ ГАЛОАЛКАЛОФИЛЬНЫЙ ПРЕДСТАВИТЕЛЬ РОДА *SALISEDIMINIBACTERIUM*, СПОСОБНЫЙ ЭФФЕКТИВНО ВОССТАНАВЛИВАТЬ ХРОМАТ**

*Игнатенко Александр Викторович*<sup>1</sup>, *Хижняк Татьяна Владимировна*<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, факультет почвоведения, Москва, Россия

<sup>2</sup> ФИЦ Биотехнологии РАН

Хром – поливалентный металл, широко используемый в различных отраслях промышленности. Однако в образующихся отходах преобладает его наиболее токсичная канцерогенная шестивалентная форма (Cr(VI)). В природе под действием восстановителей шестивалентный хром способен переходить в менее токсичную трехвалентную форму (Cr(III)). В связи с этим, изучение штаммов микроорганизмов, способных проводить восстановление хрома является актуальной задачей на сегодняшний день.

Цель работы: выделение и описание нового представителя рода *Salisediminibacterium*, способного эффективно восстанавливать Cr(VI).

Из накопительной культуры осадков содовых озер Кулундинской степи на минеральной хромосодержащей среде был выделен штамм M/B 1000. Согласно результатам частичного секвенирования штамм отнесен к роду *Salisediminibacterium*. Ближайшим (сходство 99%) родственником является описанный в 2009 г. штамм *Salisediminibacterium beveridgei* MLTeJB.

Показано, что на минеральной среде с малым количеством органического вещества (100 мг/л дрожжевого экстракта) штамм M/B 1000 способен восстанавливать до 30 мг Cr/л за 7 сут. На богатой модифицированной среде LB штамм уверенно восстанавливает до 250 мг Cr/л за 7 сут и до 1000 мг Cr/л за 21 сут. При этом штамм не теряет своей жизнеспособности при концентрациях до 10000 мг Cr/л, восстанавливая до 20-25% Cr(VI) за 2 месяца культивирования. Для штамма M/B 1000 были определены диапазон, оптимум роста и восстановления хроматов по температуре, солености и pH.

Установлено, что в ходе развития культуры в среде накапливается осадок, содержащий восстановленный хром. Методом рентгеновского микроанализа определен его состав.

В результате исследований показано, что *Salisediminibacterium* sp. штамм M/B 1000 способен эффективно восстанавливать значительные количества токсичного хромата в соленых щелочных средах. Широкий диапазон условий, в котором возможен этот процесс, дает возможность рассматривать его как потенциальный штамм для биоремедиации.

Игнатенко Александр Викторович, студент 2 курса магистратуры МГУ им. М.В. Ломоносова, факультет Почвоведения, кафедра биологии почв., Москва, Россия.

Телефон: 8-977-896-02-7

E-mail: ignatenko5aiav@gmail.com

### 293. ЭНДОЛИЗИНЫ СТАФИЛОКОККОВЫХ БАКТЕРИОФАГОВ

Я.А. Хлусевич, Н.Н. Голосова, А.Л. Матвеев,  
Ю.Н. Козлова, А.Ю. Тикунов, В.В. Морозова,  
Н.В. Тикунова

ИХБФМ СО РАН, Новосибирск

Представители рода *Staphylococcus* являются условно-патогенными бактериями, и при ослаблении иммунитета могут вызывать инфекционные заболевания, вплоть до опасных для жизни заболеваний, таких как пневмония, менингит и сепсис. Лечение может осложняться образованием биопленок, повышающих резистентность к антибиотикам. В 2017 году ВОЗ внесла *S. aureus* в список наиболее опасных устойчивых к антибиотикам патогенов и обозначила высокий приоритет по необходимости разработки новых антибактериальных препаратов. Перспективными кандидатами для создания новых антибактериальных препаратов являются эндолизины – фаговые белки, способные разрушать пептидогликаны клеточной стенки бактерий.

Ранее в нашей лаборатории были изолированы бактериофаги, обладающие литической активностью в отношении *Staphylococcus aureus*. На основе выявленных в их геномах генов, кодирующие эндолизины, была создана панель штаммов *E. coli*, продуцирующих данные белки.

Наличие у эндолизинов гидролитической активности относительно пептидогликана клеточных стенок клинических штаммов бактерий рода *Staphylococcus* из КЭМТК ИХБФМ СО РАН, в том числе обладающих антибиотикорезистентностью штаммов *S. aureus*, *S. haemolyticus*, *S. epidermidis*, было показано в зимографическом анализе. Также была показана способность эндолизинов разрушать биопленки, сформированные различными стафилококками.

Таким образом, были получены штаммы-продуценты рекомбинантных эндолизинов и показан спектр их пептидогликан-гидролизующей активности.

Исследования выполнены при поддержке Госзадания ФГБУН ИХБФМ СО РАН № 122110700002-2 «Прототипы средств на основе бактериофагов для лечения инфекций».

Хлусевич Яна Александровна, старший научный сотрудник лаборатории противомикробных препаратов ИХБФМ СО РАН, Новосибирск, Россия.

Телефон: +7 (923) 130-62-31

E-mail: khlusevichjana@mail.ru

### 294. ДЕГРАДАЦИЯ ФЕНАНТРЕНА РИЗОБАКТЕРИЕЙ *ENSIFER MELILOTI* В ПРИСУТСТВИИ КАДМИЯ

И.Ю. Сунгурцева, А.Ю. Муратова

Институт биохимии и физиологии растений  
и микроорганизмов ФИЦ Саратовский научный  
центр РАН, Саратов, Россия

Полициклические ароматические углеводороды (ПАУ) и тяжелые металлы часто обнаруживаются одновременно в местах загрязнений, возникающих из-за антропогенных или естественных факторов. Поиск микроорганизмов для биологической рекультивации почв, загрязненных комплексом тяжелых металлов и ПАУ является актуальной проблемой. Целью представленной работы являлась оценка влияния кадмия на рост и деградацию фенантрена штаммом *Ensifer meliloti* P221 из Коллекции ризосферных микроорганизмов ИБФРМ РАН. В условиях лабораторного культивирования ризобактерии оценивали его рост в присутствии ионов металла и ПАУ, продукцию экзополисахаридов (ЭПС), степень деградации ПАУ, образование продуктов окисления фенантрена и активность ферментов деградации (ПАУ-хинон редуктазы, протокатехоат диоксигеназы). Выявлена устойчивость *E. meliloti* P221 и сохранение деструктивной активности штамма по отношению к фенантрону в присутствии кадмия в концентрации до 1 ммоль/л. Показано, что в концентрации до 2 ммоль/л кадмий не влиял на метаболизм фенантрена, который осуществлялся с образованием доминирующего метаболита – 1-гидрокси-2-нафтойной кислоты, и активность протокатехоат-2,3-диоксигеназы, но снижал активность фенантренхинон-редуктазы. Кадмий и фенантрен по-отдельности не влияли на продукцию ЭПС бактерией, тогда как совместное присутствие поллютантов в среде ингибировало ее на 42%. Полученные результаты могут быть использованы для изучения адаптационных механизмов ризобактерий в условиях комплексного загрязнения тяжелыми металлами и ПАУ, а также для создания эффективных ремедиационных систем.

Исследование выполнено при поддержке РФФ (проект № 23-24-00578).

Сунгурцева Ирина Юрьевна, вед. инженер лаборатории экологической биотехнологии

ИБФРМ РАН, Саратов, Россия

Телефон: +7 (8452) 97-04-44

E-mail: airinmind@yandex.ru



## 295. МИКРОБИОТА ПОЙМЕННОГО ОЗЕРА СРЕДНЕГО ТЕЧЕНИЯ РЕКИ ОБИ И ЕЕ РОЛЬ В ТРАНСФОРМАЦИИ ОРГАНИЧЕСКОГО ВЕЩЕСТВА

Э.Г. Никиткина, В.А. Никиткин, И.В. Луцаева,  
Р.С. Воробьев, Л.Г. Колесниченко

Национальный исследовательский Томский  
Государственный Университет

Исследование трофических взаимодействий микробных сообществ трансформации органического вещества в пойменных экосистемах Сибири дает возможность количественно оценить биогенную составляющую баланса углерода, его динамику и взаимосвязь с экологическими и антропогенными факторами. Было исследовано проточное в период половодья озеро Малева (57.224388 с.ш., 84.268626 в.д.), расположенное в центральном сегменте поймы среднего течения реки Оби.

В результате проведенных исследований отмечена тенденция к сезонному увеличению ОМЧ (общее микробное число) в эпилимнионе, металимнионе и гиполимнионе озера с осени к зиме (в среднем в 3, в 2 и в 4 раза соответственно) и от весны к лету (в 3, в 2 и в 2 раза).

ОМЧ в воде положительно коррелирует с электропроводностью, содержанием  $\text{CH}_4$  и Са, и отрицательно – с содержанием Al, P и показателем SUVA<sub>254</sub>, характеризующим содержание гумусовых веществ. Насыщенность воды гумусовыми соединениями была достаточно высокой. Также отмечена положительная взаимосвязь ОМЧ с температурой воды и содержанием  $\text{CO}_2$  и отрицательная – с содержанием Fe. Показатели рН обратно коррелировали с E2/E4 и E4/E6, характеризующими молекулярные размеры и степень ароматичности органического вещества, при этом в воде преобладают гидрофобные ароматические соединения с высокой молекулярной массой.

Метагеномные исследования образцов воды продемонстрировали наибольшую выраженность рода *Methylothera* (Avg. score: 4201), вида *Methylothera versatilis* (Avg. score: 1356), а также *Candidatus Methylopusillus turicensis* (Avg. score: 1161). Таким образом, в числе доминирующих были представители систематической группы метилотрофных микроорганизмов.

Изучение функциональных групп микроорганизмов в верхнем слое прибрежной почвы продемонстрировало наличие положительных корреляционных связей при  $p < 0,05$  между олиготрофами

и гумификаторами (0,92), амилолитиками (0,85), олигонитрофилами (0,87) и нитрификаторами (0,83); амилолитиками и гумификаторами (0,98), олигонитрофилами (1,00) и нитрификаторами (1,00); олигонитрофилами и гумификаторами (0,99) и нитрификаторами (1,00). Во все сезоны среди микроорганизмов цикла углерода преобладали олигонитрофильные и гумусоразрушающие группы, а среди микроорганизмов цикла азота – аммонификаторы, олиготрофы и амилолитики. Сезонная динамика логарифмов численности демонстрирует пики активности почвенных микроорганизмов всех функциональных групп (за исключением анаэробных целлюлозолитиков и микромицетов) летом и зимой, причём в верхнем почвенном слое такая динамика более выражена, чем на глубине 20-30 см. Летние и осенние показатели активности были выше, чем зимние и весенние, что также связано с пойменным режимом.

Никиткина Эллина Георгиевна, младший научный сотрудник лаборатории биоразнообразия и экологии НИИББ ТГУ, Томск, Россия.

Телефон: +7 (952) 898-29-96

E-mail: madderroot@mail.ru

## 296. ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ МИКРООРГАНИЗМОВ НЕФТЯНЫХ ПЛАСТОВ ТАТАРСТАНА (РОССИЯ) С ВЫСОКОМИНЕРАЛИЗОВАННОЙ ПЛАСТОВОЙ ВОДОЙ

Д.Ш. Соколова<sup>1</sup>, В.В. Кадников<sup>1</sup>, Равин Н.В.<sup>1</sup>,  
М.Р. Хисаметдинов<sup>2</sup>, Т.Л. Бабич<sup>1</sup>, Е.М. Семенова<sup>1</sup>,  
С.Х. Биджиева<sup>1</sup>, А.П. Ершов<sup>1</sup>, А.В. Марданов<sup>1</sup>,  
Т.Н. Назина<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия

<sup>2</sup> Татарский научно-исследовательский и проектный институт нефти (ТатНИПИнефть),  
Бугульма, Россия

Снижение запасов кондиционной нефти в пластах с низкоминерализованной пластовой водой обуславливает необходимость разработки пластов с тяжелой нефтью и высокосолёной пластовой водой. Микробные технологии позволяют целенаправленно регулировать активность пластового микробного сообщества с образованием нефтевытесняющих метаболитов. Целью работы

было определение состава микроорганизмов и их метаболического потенциала в пластовых водах Архангельского, Ново-Елоховского и Ромашкинского нефтяных месторождений с карбонатными коллекторами и высокоминерализованной пластовой водой. Результаты определения разнообразия прокариот в исследованных нефтяных пластах, полученные методом анализа генов 16S рРНК, коррелировали с результатами метагеномного анализа, позволившими предсказать метаболический потенциал компонентов микробного сообщества. В ходе работы было проанализировано 75 метагеномов прокариот, которые относились к 16 известным филумам бактерий, включая *Desulfobacterota*, *Bacillota*, *Pseudomonadota*, *Thermotogota*, *Actinobacteriota*, *Spirochaetota*, *Patescibacteria*, и филуму архей (*Halobacteriota*). Результаты метагеномного анализа были подтверждены выделением 20 чистых культур бактерий родов *Desulfoplanes*, *Halanaerobium*, *Geotoga*, *Sphaerochaeta*, *Tangfeifania*, *Mesobacillus*, *Cytobacillus* и *Bacillus*. Выделенные накопительные и чистые культуры галофильных бродильных бактерий продуцировали из сахаросодержащих и белковых субстратов метаболиты (низшие жирные кислоты, спирты и газы ( $\text{CO}_2$  и  $\text{H}_2$ )), перспективные для применения в микробных технологиях увеличения нефтеизвлечения. Активация бродильной микробиоты посредством введения органических субстратов с поверхности земли представляется перспективным подходом в пластах с высокой соленостью, однако следует учитывать также активность сульфидогенов, потребляющих продукты метаболизма бродильных бактерий и восстанавливающих сульфат до сероводорода.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (грант № 21-64-00019).

Соколова Дияна Шамилевна, старший научный сотрудник лаборатории нефтяной микробиологии ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (499) 135-03-41

E-mail: sokolovadiyana@gmail.com

## 297. ВЛИЯНИЕ СУЛЬФИДА НА ФИКСАЦИЮ АЗОТА ГАЛОАЛКАЛОФИЛЬНЫМ ШТАММОМ НЕГЕТЕРОЦИСТНОЙ ЦИАНОБАКТЕРИИ *SODALINEMA SP.* P-1104

А.И. Косякова<sup>1,2</sup>, О.С. Самылина<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия

<sup>2</sup>Институт микробиологии им.

С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, Россия

Основными фототрофными diaзотрофами в водных экосистемах традиционно считаются гетероцистные цианобактерии, однако их массовое развитие ограничено соленостью 60-70 г/л. Для содовых озер Кулундинской степи (Алтайский край) было показано, что светозависимая фиксация азота происходит вплоть до 400 г/л. Среди потенциально diaзотрофных цианобактерий широко распространены представители негетероцистных нитчатых цианобактерий родов *Sodalinema* и *Nodosilinea* (до 200 г/л) и одноклеточных *Euhalothece sp.* (350-400 г/л).

Целью данной работы стало изучение способности фиксировать азот штаммом *Sodalinema sp.* P-1104, выделенным из содового озера Петуховское.

Методом ацетиленредукции (АР) установлено, что штамм P-1104 проявляет diaзотрофную активность только в условиях чередования световой и темновой фаз инкубирования. Выделение этилена происходит преимущественно в темноте и в меньшей степени на свету. Добавление сульфида ( $\text{Na}_2\text{S}\cdot 9\text{H}_2\text{O}$ ) в концентрациях 2-20 мМ стимулирует АР. Добавление ингибитора окислительного фотосинтеза диурона (DCMU) в концентрации 7 мкМ практически полностью подавляет АР, однако внесение сульфида в культуры с диуроном приводит к инициации АР. Полученные результаты можно объяснить следующими механизмами: Сульфид химически расходуется на удаление кислорода, оптимизируя условия для нитрогеназы; Сульфид метаболически окисляется сульфид-хинонредуктазой, полученные электроны через пул пластохинонов на свету отправляются на фотосистему I (аноксигенный фотосинтез), а в темноте в дыхательную цепь, увеличивая количество восстановительных эквивалентов для нитрогеназы. Учитывая то, что в осадках гиперсоленых содовых озер содержание сульфида может быть достаточно высоким, наши данные указывают на его значение для фиксации азота цианобактериями не только в лабораторных условиях.

**298. «СТРУКТУРА  
И ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ АКТИВНОСТЬ  
МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ ПОЧВ  
ПАРКА ЗАРЯДЬЕ»**

*Козлова Е.В.<sup>1</sup>, Корнейкова М.В.<sup>1,2</sup>, Васенев В.И.<sup>1</sup>,  
Крохмаль И.И.<sup>3</sup>*

<sup>1</sup> Аграрно-технологический институт РУДН,  
Москва, Россия

<sup>2</sup> Институт проблем промышленной экологии  
Севера КНЦ РАН, Апатиты, Россия

<sup>3</sup> ГАУК г. Москвы «Парк «Зарядье», Москва,  
Россия

Одним из уникальных примеров озеленения городского пространства с использованием конструктоземов на основе почв и почвенных субстратов, характерных для различных зональных экосистем, перемещенных в центры мегаполисов, является парк «Зарядье»: с инженерной точки зрения это пространство представляет собой зеленую крышу, имитирующую различные растительные зоны Европейской части России. Поддержание роста и развития растительности этих ландшафтов в единых климатических условиях на искусственно созданных рельефе и субстратах в центре крупнейшего мегаполиса является нестандартной задачей, требующей оптимальных условий, в том числе разнообразной и специфичной микробиоты, отвечающей потребностям каждого ландшафта-аналога. Отбор образцов производили на глубине 0-10 см на каждой из 11 ландшафтных зон в трех повторностях. Лабораторные исследования проводили с использованием стандартных методик (Anderson and Domsch, McCready et al., 1983; 1978). Физиологический профиль почв оценен техникой MicroResp™ (Campbell et al., 2003, Marinari et al., 2013; Moscatelli et al., 2018).

Микробная биомасса варьировала от минимальной 117 мкг С г<sup>-1</sup> в зоне «стеклянной коры», являющейся аналогом субтропиков, до максимальной 948 мкг С г<sup>-1</sup> в ландшафте-аналоге хвойного леса-сосняка. Величины валового дыхания были также минимальны в зоне «стеклянной коры», достигая 0,2, и максимальные в зоне степи со значениями 3 мкг С г<sup>-1</sup> ч<sup>-1</sup>. Значения микробного метаболического коэффициента qCO<sub>2</sub> варьировали от минимальных 0,8 CO<sub>2</sub>-С мг<sup>-1</sup> См<sup>3</sup> ч<sup>-1</sup> в образце почвы ландшафтной зоны пойменного леса до максимальных 4,7 CO<sub>2</sub>-С мг<sup>-1</sup> См<sup>3</sup> ч<sup>-1</sup> в образце почвы ландшафтной зоны степи.

В физиологическом профиле почвы преобладали

микроорганизмы, потребляющие легкодоступные органические соединения – углеводы, «северные» ландшафты отличались более высоким функциональных разнообразием, для них характерно увеличение вклада микробных групп, разлагающих фенольные кислоты. Кластерный анализ продемонстрировал сходство физиологических профилей участков различных ландшафтов зон: влажной тундры и горной тундры, ельника, городского озеленения и «стеклянной коры». Функциональное разнообразие почв парка было наибольшим в зоне влажной тундры (H=2,43) и отличалось значительной гетерогенностью в зонах городского озеленения (H=0.46-2.42) и березового леса (H=0.24-2.07).

Козлова Екатерина Витальевна, младший научный сотрудник, к.б.н. центра «Смарт технологии устойчивого развития городской среды в условиях глобальных изменений» АТИ ФГАОУ ВО «Российский Университет Дружбы Народов имени Патриса Лумумбы», Москва, Россия

Телефон: +7 (968) 816-22-60

Email: kozlova\_ev@pfur.ru



# **РОССИЙСКИЙ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЙ КОНГРЕСС**

24-29 сентября 2023, Томск

---

[microbiology-congress.ru](http://microbiology-congress.ru)