



СБОРНИК ТЕЗИСОВ

II ВСЕРОССИЙСКОЙ ШКОЛЫ-КОНФЕРЕНЦИИ

**«СОХРАНЕНИЕ И ПРЕУМНОЖЕНИЕ
ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ
МИКРООРГАНИЗМОВ»**



brc.arriam.ru

**Санкт-Петербург
26-27 июня 2023 г.**

УДК 579.25
ББК 28.440.4я43
С23

С23 Сборник тезисов II Всероссийской школы-конференции «СОХРАНЕНИЕ И ПРЕУМНОЖЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ МИКРООРГАНИЗМОВ». — Москва: Издательство Перо, 2023. — 1,8 Мб. [Электронное издание].

ISBN 978-5-00218-475-0

II Всероссийская школа-конференция «Сохранение и преумножение генетических ресурсов микроорганизмов» прошла 26-27 июня 2023 г. в Санкт-Петербурге. Целью школы-конференции являлось освещение передовых направлений фундаментальных и прикладных исследований микроорганизмов с использованием современных методов генетики, микробиологии, молекулярной биологии и биотехнологии; поддержания и развития биоресурсных коллекций. Участники школы-конференции ознакомились с последними достижениями в области накопления, хранения и систематизации микроорганизмов и информации о них, результатами анализа биоразнообразия микроорганизмов различных природных экосистем, новыми методами выявления и изучения хозяйственно-ценных штаммов микроорганизмов, а также с новыми методами диагностики и изучения патогенных микроорганизмов. Школа-конференция способствовала увеличению интереса молодежи к изучению биоресурсных коллекций микроорганизмов, обогащению знаний о методах и подходах к их исследованию, а также укреплению связей и сотрудничества в научной среде. Мероприятие проводилось при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках работ по проекту «Мобилизация генетических ресурсов микроорганизмов на базе Ведомственной коллекции полезных микроорганизмов сельскохозяйственного назначения (ВКСМ) при ФГБНУ ВНИИСХМ с использованием сетевого принципа организации» по соглашению от 28.09.2021 г. № 075-15-2021-1055.

УДК 579.25
ББК 28.440.4я43

ISBN 978-5-00218-475-0

© Авторы, 2023

3,87%). Относительное обилие филумов Proteobacteria, Planctomycetota, Bacteroidota, Acidobacteriota, Gemmatimonadota увеличивалось при внесении минеральных удобрений на 6,7%; 9,5%; 73,9%; 15,1%; 123,9% соответственно, а филумов Actinobacteriota, Chloroflexota и Verrucomicrobiota – уменьшалось на 8,6%; 24% и 10,2%. Обработка пестицидами увеличивала относительную численность Actinobacteriota, Planctomycetota, Acidobacteriota и Gemmatimonadota на 7,4%; 22,8%; 7,5% и 23,6% соответственно, и негативно влияла на численность Proteobacteria, Bacteroidota, Chloroflexota и Verrucomicrobiota (снижение на 12,2%; 54,4%; 15,7%; 20,0% соответственно). При совместном внесении удобрений и пестицидов отмечали увеличение обилия филумов Proteobacteria, Bacteroidota и Gemmatimonadota на 23,1%; 61% и 29,1% соответственно, снижение – Actinobacteriota, Chloroflexota, Acidobacteriota и Verrucomicrobiota на 2,5%; 7,6%; 9,8%; и 19,4%. На α -разнообразии бактериального сообщества почвы под посевами подсолнечника негативно влияла обработка пестицидами. Как отдельно, так и совместно с удобрениями, они вызывали снижение индексов богатства и разнообразия (наблюдаемые OTU, индексы Chao1, Шеннона и Симпсона), особенно сильно выраженное при обработке только пестицидами. В контрольной почве и почве с внесением только удобрений, напротив, наблюдалось увеличение α -разнообразия.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 21-76-10048, <https://rscf.ru/project/21-76-10048/> в Южном федеральном университете.

Характеристика геномов *Ligilactobacillus salivarius*, выделенных от пациентов с болезнью Крона

Хуснутдинова Д.Р.^{1}, Маркелова М.И.¹, Синягина М.Н.¹, Сенина А.М.¹, Булыгина Е.А.¹, Абдулхаков С.Р.^{1,2}, Григорьева Т.В.¹*

¹ Казанский (Приволжский) Федеральный университет, Казань, Россия

² Казанский Государственный медицинский университет, Казань, Россия

Лактобациллы – резидентные представители микробиоты кишечника человека, которые широко распространены в качестве лечебно-профилактических пробиотических препаратов для облегчения симптомов различных заболеваний, в том числе болезни Крона (БК). Исследования микробиоты кишечника при БК выявили ассоциации острой фазы с увеличением представленности лактобацилл, в частности *L. salivarius*, *L. gasseri* и *L. mucosae*. Сочетание классических методов микробиологии с секвенированием дает возможность изучать физиологические и выявлять уникальные генетические особенности характеристики отдельных штаммов, связанные с их средой обитания. В связи с этим, цель данного исследования –

сравнительная характеристика геномов *L. salivarius* от пациентов с БК и здоровых добровольцев и поиск ассоциаций с заболеванием.

В ходе исследования проанализированы 3 штамма *L. salivarius*, выделенные из образцов кала от 5 пациентов с БК, и 4 штамма *L. salivarius* от 18 здоровых добровольцев. Выделение и культивирование штаммов проводили с использованием среды MRS (ФБУН ГНЦ ПМиБ, Россия) при 37°C, с последующей идентификацией с помощью масс-спектрометра MALDI Biotyper ("Bruker Daltonics", Германия). Выделение тотальной ДНК осуществляли с использованием набора ZymoBIOMICS DNA Miniprep Kit (Zymo Research, США). Секвенирование проводили на приборе NextSeq500 (Illumina, США), с последующим использованием программ Spades и Prokka.

По результатам полногеномного секвенирования штаммы *L. salivarius* пациентов с БК обладают средним размером генома 2,01 ($\pm 0,08$) Мб, здоровых добровольцев - 1,92 ($\pm 0,0$) Мб. ГЦ-состав значительно не отличался и составил 32,77 ($\pm 0,01$)% и 32,70 ($\pm 0,09$)% для БК и здоровых добровольцев, соответственно. Однако, среднее количество белок-кодирующих генов в геномах *L. salivarius* от пациентов с БК было больше – от 1873 до 2039, в сравнении с геномами *L. salivarius* от здоровых добровольцев - от 1835 до 1859 ($p < 0,05$).

У всех штаммов были идентифицированы плазмиды размером 141,3 Кб (у пациентов с БК) и 34,9 Кб (у здоровых добровольцев). Одновременно с большим размером, плазмиды в штаммах *L. salivarius* от пациентов с БК кодируют большее количество генов (154), в отличие от плазмид в штаммах от здоровых добровольцев (38).

Таким образом, большая длина хромосомной и плазмидной ДНК в геномах *L. salivarius* от пациентов с БК может расширять оптимальные для лактобацилл условия и способствовать их выживанию. Дальнейшие исследования генетического потенциала, связанного с плазмидами, являются ключом к пониманию адаптационных механизмов бактерии, таких как устойчивость к антибиотикам и бактериальная вирулентность.

Работа выполнена на базе Междисциплинарного центра коллективного пользования КФУ в рамках Программы стратегического академического лидерства Казанского федерального университета (ПРИОРИТЕТ-2030) и финансируется за счет средств субсидии, выделенной Казанскому федеральному университету на выполнение государственного задания в сфере научной деятельности (проект № FZSM-2023-0013).