

с активностью их метаболизма, который определяется особенностями генетической организации и условиями внешней среды.

Целью настоящей работы являлось изучение влияния рН среды на способность бактерий разных систематических групп синтезировать наночастицы серебра.

Среди 38 исследованных штаммов бактерий было выявлено 13 штаммов бактерий разных систематических групп, способных к внеклеточному синтезу наночастиц серебра с различными оптическими характеристиками. В частности, бактерии *B. flexus* 6-3 и *A. radioresistens* L5A-16 обеспечивали образование наночастиц серебра с кубической кристаллической решеткой размером 1—40 нм и 1—200 нм соответственно. Наночастицы, образуемые бактериями *Deinococcus* sp., A2-6 размером 9—60 нм, имели гексагональную кристаллическую решетку (установлено с использованием просвечивающей электронной микроскопии и просвечивающей электронной дифракции).

Установлено, что исследованные бактерии росли в полноценной среде при разных значениях рН среды (изучали при значениях рН от 5 до 11 с интервалом равным 1). Например, *A. radioresistens* L5A-16 рос в диапазоне рН от 5,0 до 10,0, *B. flexus* 6-3 – от 6,0 до 10,0, *Deinococcus* sp. A2-6 – от 6,0 до 8,0. При этом наиболее эффективное образование наночастиц фиксировали при исходном значении рН среды равном 8,0 для *A. radioresistens* L5A-16 и *Deinococcus* sp. A2-6, тогда как бактерии *B. flexus* 6-3 обеспечивали синтез наночастиц с одинаковой эффективностью при начальных значениях рН среды от 6,0 до 9,0. Следует отметить, что образование наночастиц серебра бактериями *B. flexus* 6-3 фиксировали при их культивировании в средах разного состава (в частности, в среде М9 с сахарозой при начальных значениях рН 7,0—8,0).

ТРАНСКРИПТОМНЫЙ АНАЛИЗ ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНО-ЭКСПРЕССИРУЮЩИХСЯ ГЕНОВ ВИРУС-ЗАРАЖЕННЫХ КЛЕТОК *BACILLUS ALTITUDINIS*.

Миндубаева Л.Н., Шах Махмуд Р.З.

ФГАОУ ВПО Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, Россия
lyajsan.mindubaeva@ya.ru

Бактериофагом (фагом) является вирус, который завершает свой цикл репликации в живых бактериях. Цикл репликации фага относится к периоду от проникновения фага в клетку - хозяина к выпуску потомства вирусных частиц. На разных этапах репликации, фаги экспрессируют различные генные продукты, чтобы направлять клеточные ферментативные механизмы на воспроизводство вирусных компонентов.

На первом этапе работы были выделены и определены видовые принадлежности 9 штаммов бактерий рода *Bacillus* из трех типов почв Альметьевского района республики Татарстан (поле, лес и чернозем). Установлено, что выделенные штаммы принадлежат 7 видам рода *Bacillus*. Видовую принадлежность определяли на масс-спектрометре Bruker MALDI Biotyper. Так же были получены вирусы к 4 видам бактерий из рода *Bacillus* (*B. pumilus*, *B. altitudinis*, *B. megaterium*, *B. subtilis*).

Для дальнейшего исследования был выбран вид *B. altitudinis*, который секретирует рибонуклеазу, аналог с биназы *B. pumilus*. Биназа известна своим противовирусным эффектом. Геном бактерии секвенирован и имеет высокое сходство по своим характеристикам с типовым штаммом *B. altitudinis*.

При изучении динамики образования фаговых частиц было показано, что после адсорбции, скрытого периода и периода созревания, выход вирусных частиц наблюдается на 15 минуте заражения и продолжается в течение 35 минут, полный лизис всех бактериальных клеток приходится на 50 минуту. Заражение проводили при MOI=10 (множественность инфекции).

Изоляция РНК проводилась с использованием коммерческого кита RNA isolation RNeasy mini Kit (Qiagen). Качественная и количественная оценка полученной РНК бактерии осуществлялась на приборе BioAnalyzer 2100 (Agilent Technologies, США). Для приготовления библиотек для высокопроизводительного секвенирования использовались образцы тотальной РНК или обеднённой рРНК. Секвенирование и биоинформатическая первичная обработка данных была проведена в Междисциплинарном центре протеомных исследований КФУ.

Проведенный нами последующий анализ полученных транскрипционных данных показал, что из 3785 генов повышенный уровень экспрессии был у 105 генов, а 38 характеризовались пониженной регуляцией.

Дальнейшее изучение показало, что снижена экспрессия 8 структурных белков, затронут фактор элонгации, снижена экспрессия оксидоредуктаз, также ферментов, участвующих в метаболизме азотсодержащих соединений, таких как лизин, дезокситимидин.

Фаговая инфекция увеличивает синтез стрессовых белков, компонентов мембраны, в том числе пор, затронуты биосинтетические пути клетки, поддерживающие ее окислительно-восстановительный потенциал.