



РОССИЙСКИЙ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЙ КОНГРЕСС

17–18 октября 2017, г. Пущино



МАТЕРИАЛЫ КОНГРЕССА

Бактерии рода *Sphaerochaeta* семейства *Spirochaetaceae* характеризуются необычной для спирохет кокковидной морфологией и отсутствием аксиальных фибрилл, обуславливающих характерный для спирохет способ движения. Последовательности генов 16S рРНК близкие к *Sphaerochaeta* встречаются повсеместно в пресноводных осадках, нефтеносных слоях, анаэробных реакторах, а также в нормальной автохтонной микрофлоре животных. В настоящее время таксономически описаны четыре вида *Sphaerochaeta*: *S. globosa* и *S. pleomorpha*, выделенные из накопительных культур бактерий, восстанавливающих органические хлорсодержащие соединения, *S. coccoides*, изолированная из кишечника термита и *S. associata*, которая была выделена нами из бинарной метаногенной культуры со штаммом *Methanosarcina* sp. Цель данного исследования заключалась в сравнительном анализе геномов *Sphaerochaeta* spp. для выяснения генетических и метаболических характеристик, лежащих в основе тесного взаимодействия *Sphaerochaeta* spp. с другими микроорганизмами в анаэробных сообществах.

Анализ геномов показал отсутствие у всех исследованных бактерий *Sphaerochaeta* spp. ряда генов, кодирующих пенициллин связывающие белки, участвующие в последних этапах синтеза пептидогликана. Во всех геномах также отсутствуют гены, ответственные за подвижность и хемотаксис. Эти данные согласуются с фенотипической характеристикой этой группы бактерий как неподвижных кокков, устойчивых к пенициллинам. *S. associata* и *S. globosa* содержат гены гомологичные хондроитин дисахарид гидролазам и хондроитин лиазам. В геномах отсутствуют гены, кодирующие компоненты дыхательных электрон-транспортных цепей. Все *Sphaerochaeta* являются аэротолерантными анаэробами и содержат гены белков детоксикации кислородных радикалов. Бактерии *S. associata*, *S. globosa* и *S. pleomorpha* содержат только четыре гена в пути биосинтеза кобаламина. Наличие генов деградации хондроитина, являющегося аналогом метанохондроитина метаносарцин, а также возможность получать предшественники для синтеза кобаламина от метаносарцины создают, по-видимому, основу для тесного сосуществования *S. associata* с метаносарциной.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 15-04-08612.

Сравнительный анализ геномов группы «*Bacillus subtilis*», разделенных по способности секретировать гуанилпредпочитающие рибонуклеазы

Ульянова В.В., Шах Махмуд Р., Дудкина Е.В., Вершинина В.И., Ильинская О.Н.

Казанский (Приволжский) федеральный университет, ulyanova.vera@gmail.com

Гуанилпредпочитающие рибонуклеазы бацилл представляют семейство РНКаз N1/T1/U2, включающее небольшие белки, которые расщепляют РНК преимущественно после гуаниловых остатков с образованием 3'-нуклеозид монофосфатов через 2',3'-циклофосфат производные. Биосинтез многих гуанилпредпочитающих РНКаз бацилл индуцируется в условиях фосфатного голодания и взаимосвязан с азотным и углеродным обменом. Главной их функцией считается «пищеварительная». Только некоторые члены группы «*B. subtilis*» внутри рода *Bacillus* синтезируют такие ферменты. Вместе с тем, бациллы при недостатке фосфора также секретировать высокомолекулярную неспецифичную РНКазу, гидролизующую РНК с образованием 5'-нуклеозид монофосфатов и обладающую значительно более низкой ферментативной активностью. У бацилл обнаружено два внутриклеточных ингибитора РНКаз - барстар и YrdF. Однако об их специфичности ничего не известно. В настоящей работе было проведено сравнение геномов бацилл, продуцирующих гуанилпредпочитающие РНКазы, с остальными представителями группы «*B. subtilis*». Из геномов типовых штаммов РНКаз-образующих (*B. amyloliquefaciens* DSM7, *B. altitudinis* 41KF2b, *B. atrophaeus* NRS 1221A, *B. invictae* DSM 26896, *B. pumilus* MTCC B6033, *B. licheniformis* ATCC 14580, *B. safensis* FO 36b, *B. xiamensis* HYC 10, *B. methylotrophicus* JS25R) и РНКаз-необразующих бацилл (*B. subtilis* subsp. *subtilis* 168, *B. sonorensis* L12, *B. tequilensis* KCTC 13622, *B. vallismortis* DV1 F3, *B. mojavensis* KCTC 3706) было создано два мета-контига в виде кор-геномов с помощью сервера «Edgar 2.2», при их сравнении выявлено, что 1726 генов являются общими, 409 - есть только у РНКаз-образующих и 389 - у РНКаз-необразующих штаммов. Функциональный анализ групп с помощью «String» показал, что штаммы без РНКазы синтезируют пептиды-сидерофоры, в то время как РНКаз-продуцирующая группа имеет уникальные особенности РНК метаболизма, обе группы

различаются по азотному обмену. Генетический контекст генов РНКаз в целом консервативен, но близкое окружение различается. Обе внеклеточные РНКазы экспрессируются на одинаковом уровне в стационарную фазу роста бактерий. Ортологи барстара обнаружены только у трех видов, в то время как ортологи YrdF – у всех видов, кроме трех. Синтез ингибиторов происходит на постоянном уровне. Выявленные уникальные особенности РНКаз-образующих видов бацилл позволяют глубже понять функциональное назначение этих ферментов.

Экзополисахариды молочнокислых бактерий и их свойства

Урядова Г.Т., Фокина Н.А., Горельникова Е.А., Карпунина Л.В.

ФГБОУ ВО «Саратовский государственный аграрный университет имени Н.И. Вавилова»
Саратов, eni_galina@mail.ru

Экзополисахариды (ЭПС) молочнокислых бактерий получили широкое применение во многих отраслях деятельности человека. Потребность в этих биополимерах постоянно возрастает, поэтому поиск и изучение новых продуцентов ЭПС являются важным направлением микробиологии и биотехнологии.

Из молочнокислых бактерий – *Streptococcus thermophilus* и *Lactococcus lactis* B-1662 были выделены ЭПС. Оптимальными условиями продуцирования ЭПС явилось культивирование бактерий при 180 об/мин на среде A. Welman с сахарозой, pH 5.5, температура 38°C, в течение 24 часов для *S.thermophilus* и 27°C в течение 48 часов для *L.lactis* B-1662. Молекулярная масса ЭПС стрептококка составляла 20 кДа, лактококка – 10 кДа, относительная вязкость – 1,2 мм²/с и 1,3 мм²/с соответственно. Моносахаридный состав ЭПС *S.thermophilus* представлен глюкозой и рамнозой, а ЭПС *L.lactis* B-1662 – глюкозой и ксилозой.

ЭПС данных культур проявляли в разной степени бактерицидное действие в отношении: *Escherichia coli* 113-13 и ATCC 25922, *Staphylococcus aureus* 209-P, *Pseudomonas aeruginosa* AT-31 и ATCC 27853, *Xanthomonas campestris* 610 и 611. Кроме того, ЭПС *S.thermophilus* угнетал рост *Klebsiella pneumoniae* K2, а ЭПС *L.lactis* B-1662 – *B.subtilis* 262. Фунгицидная активность ЭПС *S.thermophilus* и *L.lactis* B-1662 в отношении *Candida albicans* 223 и 13108 не была обнаружена.

Обнаружена способность ЭПС *S.thermophilus* и *L.lactis* B-1662 индуцировать синтез провоспалительных цитокинов (ИЛ-1α и ФНО-α) иммунокомпетентными клетками при моделировании процесса фагоцитоза *S.aureus* 209-P in vitro. Аналогичные данные ранее были получены и в отношении ЭПС других молочнокислых бактерий – *Lactobacillus delbrueckii ssp. Bulgaricus*.

Филогенетическое родство генов, ответственных за синтез липополисахарида и капсулы, в штаммах *Klebsiella pneumoniae* разных сиквенс-типов

Фурсова Н.К., Лев А.И., Шайхутдинова Р.З., Воложанцев Н.В.

ФБУН «ГНЦ прикладной микробиологии и биотехнологии» Роспотребнадзора,
Оболенск, info@obolensk.org

Klebsiella pneumoniae – возбудитель госпитальных инфекций (мочевыделительной, дыхательной системы, кровотока и др.), а также тяжелых негоспитальных инфекций (первичных гнойных абсцессов печени, эндофтальмитов, менингитов и др.), характеризующихся метастазированием патогена из очага инфекции в другие органы и ткани. Это связано с наличием двух филогенетически дискретных линий *K. pneumoniae* – классических (сКр), отличающихся высоким уровнем устойчивости к антимикробным препаратам (АП), и гипервирулентных (hvКр), которые редко являются резистентными к АП, но несут гены, кодирующие факторы вирулентности клебсиелл. Одним из важных признаков hvКр является гипермукоидность, ассоциированная с наличием гена *rmpA*. Кроме того, большой вклад в вирулентные свойства клебсиелл вносит липополисахарид (ЛПС), свойства