



**СБОРНИК ТЕЗИСОВ**

II ВСЕРОССИЙСКОЙ ШКОЛЫ-КОНФЕРЕНЦИИ

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



**[brc.arriam.ru](http://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

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).

## **От цианобактерий до зеленых водорослей: роль сигнальных белков PII в контроле метаболизма**

*Ермилова Е.В.*

Санкт-Петербургский государственный университет

Некоторые белки – процессоры сигналов – оказались консервативными в процессе эволюции и функционируют не только у прокариот (бактерий и архей), но и у эукариот. Примером таких сигнальных процессоров являются белки из семейства PII. Анализируется, как свойства белков PII и их роль в контроле метаболизма изменялись в процессе эволюции с учетом структурно-функционального разнообразия фотосинтезирующих микроорганизмов, цианобактерий и зеленых водорослей.

## **Динамика таксономического состава и разнообразия микробиома в хроносерию разновозрастных агрогенных и постагрогенных почв криолитозоны (на примере Надымского р-на ЯНАО)**

*Жемчужева Д.А.<sup>1\*</sup>, Низамутдинов Т.И.<sup>1</sup>, Печкин А.С.<sup>3</sup>, Зверев А.О.<sup>1,2</sup>, Андронов Е.Е.<sup>1,2</sup>, Абакумов Е.В.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

<sup>2</sup> Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

<sup>3</sup> ГАУ ЯНАО “Научный центр изучения Арктики”, Салехард, Россия

Действующие и залежные сельскохозяйственные угодья Арктической зоны представляют собой ценный ресурс, который может сыграть решающую роль в обеспечении продовольственной безопасности северных регионов. Повторное использование заброшенных с/х земель может способствовать снижению экологических рисков и минимизации количества вновь освоенных почв криолитозоны. Исследований, направленных на оценку количества, параметров плодородия и таксономического состава микробиома агропочв в высоких широтах в настоящий момент недостаточно. Следовательно, необходимы мониторинговые и хроносериальные

исследования, направленные на изучение изменений в таксономическом составе почвенного микробиома – поскольку деятельность микроорганизмов играет важную роль в формировании почвенных свойств и режимов. Использование ретроспективного анализа в хроносерийных почвенных рядах позволит проследить разнонаправленные процессы почвенного онтогенеза от зональных почв до наиболее старых залежей, и выявить закономерности изменчивости микробного разнообразия этих почв на различных стадиях постагрогенной эволюции почвенного профиля.

В работе проведена оценка таксономического разнообразия микробиома залежных и используемых в сельском хозяйстве в настоящее время почв Надымского района ЯНАО. Были изучены агроземы со сроками с/х использования 2 и 3 года, а также залежные почвы возрастом от 14 до 28 лет. Наиболее распространенными типами почвенных микроорганизмов в образцах, отобранных из действующих агроземов и постагрогенных почв, были филы *Proteobacteria* (40,25%), *Actinobacteria* (16,12%) и *Bacteroidetes* (11,27%). Для действующих агроземов были обнаружены представители фил *Euryarchaeota* и *Chloroflexi*. Для залежных почв выявлено увеличение биоразнообразия – вычисленные значения индексов альфа-разнообразия (Шеннона и Симпсона) показали, что наиболее старовозрастные залежные почвы (от 14 до 28 лет) отличаются по своему микробиологическому портрету от антропогенно-нарушенных почв (срок с/х использования от 2 до 3-х лет). Согласно данным о бета-разнообразии микробиом действующих агроземов и залежной почвы (14 лет) имел таксономический состав, сгруппированный в PCoA в своем собственном кластере, в то время как образцы почв из залежного (14 лет) тепличного комплекса и залежного (28 лет) поля имели высокую изменчивость между репликами. Были определены различия на уровне рода между микробиомами залежей разных возрастов с помощью анализа DESeq2, который оценивает зависимость между средним числом прочтений и дисперсией филотипа между набором образцов.

Таким образом в процессе работы было выявлено, что микробиологический портрет в хроносерийном ряду разновозрастных почв изменяется в сторону увеличения таксономического разнообразия фил *Proteobacteria*, *Acidobacteria*, *Planctomycetes*, *Nitrospirae*, *Verrucomicrobia* (для залежей) и *Actinobacteria*, *Bacteroides*, *Firmicutes*, *Euryarchaeota* (для действующих агропочв).

Работа выполнена при поддержке НЦМУ «Агротехнологии будущего», грант № 075-15-2022-322.

ISBN 978-5-00218-475-0



**Сборник тезисов II Всероссийской школы-конференции  
«СОХРАНЕНИЕ И ПРЕУМНОЖЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ  
МИКРООРГАНИЗМОВ»**

Издательство «Перо»  
109052, Москва, Нижегородская ул., д. 29-33, стр. 27, ком. 105  
Тел.: (495) 973-72-28, 665-34-36  
Подписано к использованию 18.07.2023.  
Объем 1,8 Мбайт. Электрон. текстовые данные. Заказ 637.