



brc.arriam.ru

СБОРНИК ТЕЗИСОВ

IV МЕЖДУНАРОДНОЙ КОНФЕРЕНЦИИ
**«СОХРАНЕНИЕ И ПРЕУМНОЖЕНИЕ
ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ
МИКРООРГАНИЗМОВ»**
BRCmicro 2025

г. Санкт-Петербург, 30 июня - 2 июля 2025 г.



СБОРНИК ТЕЗИСОВ
IV МЕЖДУНАРОДНАЯ КОНФЕРЕНЦИЯ
«Сохранение и преумножение
генетических ресурсов микроорганизмов»
Санкт-Петербург, 30 июня – 2 июля 2025 г.

BOOK OF ABSTRACTS
4-th INTERNATIONAL CONFERENCE
“Preservation and enhancement
of genetic resources of microorganisms”
Saint Petersburg, June 30 – July 2, 2025

УДК 579.25
ББК 28.440.4я43
С23

С23 **Сборник тезисов IV Международной конференции «СОХРАНЕНИЕ И ПРЕУМНОЖЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ МИКРООРГАНИЗМОВ».** — Москва: Издательство Перо, 2025. — 1,8 Мб. [Электронное издание].

ISBN 978-5-00258-956-2

В сборнике тезисов IV Международной конференции «Сохранение и преумножение генетических ресурсов микроорганизмов» ВРСmicro 2025 (30 июня - 2 июля 2025 г., Санкт-Петербург, Россия) представлены тезисы докладов участников конференции, одобренных программным комитетом. Тезисы опубликованы в авторской редакции. Мероприятие проводилось при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках работ по проекту «Расширение фонда и развитие геномных исследований в коллекции микроорганизмов Сетевая биоресурсная коллекция в области генетических технологий для сельского хозяйства (ВКСМ)» по соглашению от 29.05.2025 г. № 075-15-2025-472.

УДК 579.25
ББК 28.440.4я43
© Авторы, 2025

СОДЕРЖАНИЕ

CONTENT



СОДЕРЖАНИЕ

ТЕЗИСЫ ПЛЕНАРНЫХ ДОКЛАДОВ ABSTRACTS OF PLENARY LECTURES

Большие выборки – редкие находки: значение биобанков в современной серозедемиологии и вирусологии	
<i>Д.М. Даниленко</i>	13
Генетическое и морфологическое разнообразие паразитов водорослей	
<i>С.А. Карпов</i>	14
Перспективы развития микробиологических депозитариев в России (на примере Всероссийской коллекции микроорганизмов, ВКМ)	
<i>М.С. Куликовский, Л.И. Евтушенко</i>	15
Генетический, ресурсный и биотехнологический потенциал альгологических коллекций	
<i>Е.И. Мальцев</i>	16
Селективная диагностика фитопатогенных бактерий и оценка перспектив применения бактериофагов для контроля бактериозов растений	
<i>К.А. Мирошников</i>	17
Метагеномный взгляд в глубинную подземную биосферу	
<i>Н.В. Равин</i>	18
Антистрессорные микробиологические препараты для растений - результаты и перспективы	
<i>В.К. Чеботарь, В.Н. Пищик, Е.П. Чижевская, И.А. Фесенко, А.С. Мамаева, И.А. Тихонович</i>	19

ТЕЗИСЫ СЕКЦИОННЫХ ДОКЛАДОВ ABSTRACTS OF TALKS

Вклад коллекции CALU в поиски и изучение цианобактерий, использующих дальний красный свет в качестве нового источника метаболической энергии	
<i>С.Г. Аверина, Е.В. Сенатская, М.Ю. Батлуцкая, Д.Д. Снарская, А.В. Пиневиц</i>	21
Что из себя представляют «генетические ресурсы микроорганизмов» и можно ли поместить их в коллекцию?	
<i>Е.Е. Андронов, О.В. Орлова, А.К. Кимеклис, Г.В. Гладков, А.О. Зверев, Т.О. Лисина, Н.А. Проворов</i>	22
Ризосферные бактерии утилизируют фитогормон абсцизовую кислоту (АБК) и защищают растения подсолнечника от АБК-продуцирующих фитопатогенов	
<i>А.А. Белимов, А.И. Шапошников, Т.С. Азарова, О.С. Юзихин, Н.А. Вишневская, В.Ю. Шахназарова, М.И. Лебединский, Е.В. Бородина, Ю.В. Гоголев</i>	23



Амилоидные свойства белков наружной мембраны OmpC и OmpF <i>Salmonella enterica</i> и <i>Escherichia coli</i>	
М.В. Белоусов, А.О. Косолапова, Х. Фаюд, М.И. Сулацкий, А.И. Сулацкая, М.Н. Романенко, А.Г. Бобылев, К.С. Антонец, А.А. Нижников	24
Биохимический и бактерицидный потенциал морских бактерий <i>Arenibacter</i> spp.	
Г.А. Бондарев, О.И. Недашковская, Ю.К. Пентехина, Л.А. Балабанова	25
Толерантность биопленок патогенных бактерий и подходы к ее преодолению	
Д.А. Бурмистрова	26
Феномические подходы оценки понимания взаимодействия растений и полезных микроорганизмов фитобиома	
С.А. Бурсаков, А.А. Кочешкова, П.Ю. Крупин, М.Г. Дивашук	27
Характеристика новых штаммов рода <i>Bradyrhizobium</i>, выделенных из клубеньков сои в саратовской области	
Г.Л. Бурьгин, А.С. Сидорин, О.В. Ткаченко	28
Онколитический вирус VV-GMCSF-Lact: разработка подходов терапии глиом	
Н.С. Васильева, А.Б. Агеев, А.А. Бывакина, В.А. Рихтер, Е.В. Кулигина	29
Характеристика подвижности и адгезивных свойств <i>Bacillus subtilis</i> IV3 и его мутантов	
Ю.А. Васильева, А.А. Мамчур, Ю.В. Данилова, М.Р. Шарипова	30
Антарктические микробиомы с участием цианобактерий: метагеномный и культуромный методы анализа	
Н.В. Величко, Д.Е. Рабочая, С.В. Смирнова, А.С. Макеева, М.П. Райко	31
Анаэробное разложение бициклических ароматических углеводов морскими и пресноводными сульфатредуцирующими бактериями	
А.С. Галушко	32
Анализ профаговых последовательностей в геноме заквасочного штамма <i>Lactococcus lactis</i> БИМ В-1834	
А.Д. Герасимович, А.Э. Охремчук, А.В. Сидоренко	33
Способы повышения эффективности биологических инсектицидов на основе грибных энтомопатогенов	
Е.В. Гризанова, В.С. Худышкина	34
Three novel thermophilic bacterial strains, <i>Thermobaculum</i> spp., from a high-altitude geothermal spring in Tajikistan	
М.М. Dzhuraeva, K.I. Bobodzhonova, N.K. Birkeland	35
Особенности разработки вакцин для профилактики флавивирусных инфекций	
И.В. Должикова	36



Изоляция, гетерологичная экспрессия и сайт-направленный мутагенез кутиназы ArCut1 из мицелиального гриба <i>Aureobasidium pullulans</i> Ф.К. Ермилов, Е.В. Энейская, С.А. Панасенко, М.Г. Петухов, А.А. Кульминская, И.А. Сизова	37
Оксид азота и S-нитрозилирование белков у цианобактерий Ж.М. Залуцкая, Т.В. Лапина, Л.Д. Аношкина, Е.В. Ермилова	38
Платформа для скрининга комбинаторных библиотек антимикробных пептидов, активных в отношении грамотрицательных бактериальных патогенов А.И. Калганова, С.О. Пипия, С.С. Терехов	39
Клубеньковые бактерии и их роль в развитии сельского хозяйства Арктики Д.С. Карлов, И.Г. Кузнецова, П.В. Гуро, А.Л. Сазанова, Н.В. Черникова, А.А. Белимов, В.И. Сафронова	40
Ремоделирование симбиотической поверхности взаимодействия ризобий и бобовых Е.А. Киричек, А.В. Цыганова, В.Е. Цыганов	41
Контроль грибных заболеваний черной смородины с использованием перспективных штаммов бактерий р. <i>Bacillus</i>, выделенных в Западной Сибири А.С. Козлова, Т.В. Шпатова, В.С. Масленникова, Е.В. Шелихова, К.А. Табанюхов, И.М. Дубовский, М.В. Штерншиц	42
Генетическая характеристика высоковирулентных штаммов <i>Bacillus thuringiensis</i>, полученных путем пассажей через насекомого-хозяина Т.И. Крыцына, Е.В. Гризанова	43
Оценка влияния арбускулярной микоризы и дефицита воды на экспрессию генов аквапоринов в модельном растении <i>Medicago lupulina</i> А.А. Крюков, Т.Р. Кудряшова, А.П. Юрков	44
Стимулирующие рост растений ризосферные бактерии и генетическое разнообразие их свойств Е.В. Крючкова, Г.Л. Бурыгин	45
Гены-маркеры эффективного симбиоза растений с грибами арбускулярной микоризы Т.Р. Кудряшова, А.А. Крюков, А.П. Юрков	46
Влияние химических фунгицидов на жизнеспособность клубеньковых бактерий сои Ю.В. Лактионов, Ю.В. Косильников	47
Биоконтрольное воздействие ризобактерии <i>Pseudomonas fluorescens</i> 2137 на взаимоотношения растений ячменя и фитопатогена <i>Fusarium culmorum</i> М.И. Лебединский, В.Ю. Шахназарова, Д.С. Сырова, Н.А. Вишневская, А.И. Шапошников, Е.В. Бородина, О.К. Струнникова, О.С. Юзихин, А.А. Белимов	48



Системы антифаговой защиты бактерий <i>Aeromonas veronii</i> С.И. Леонович, А.В. Сидоренко	49
Ферменты углеводного обмена <i>Bifidobacterium longum</i> БИМ В-813 д А.Н. Морозова, Н.А. Головнева	50
Дифференцировка бактериоидов в клубеньках сои уссурийской (<i>Glycine soja</i>) при воздействии абиотических стрессовых факторов В.С. Перцев, А.Б. Китаева, П.Г. Кусакин, В.Е. Цыганов	51
Дрожжевое биоразнообразие почв островов Северных Курил А.Н. Полякова, А.В. Качалкин	52
Коллекция культур базидиомицетов Ботанического института им. В.Л. Комарова: достижения и перспективы развития С.В. Сеник	53
Характеристика клинических изолятов <i>Lactococcus garvieae</i>, выделенных из воды и организма радужной форели Н.А. Сидорова, А.И. Савушкин	54
СрG-метилирование промоторных областей генов <i>CCR5</i> и <i>CXCR4</i>: эпигенетический контроль ВИЧ-инфекции К.В. Сикамов, А.С. Есьман	55
Грибы рода <i>Emericellopsis</i> как потенциальные продуценты новых антибиотиков В.В. Соколов, М.Л. Георгиева, В.С. Садыкова	56
Выявление мишеней Svx-протеаз – факторов вирулентности фитопатогенных пектолитических бактерий Н.В. Тендюк, О.Н. Макшакова, Р.В. Васильев, В.Ю. Горшков	57
Влияние различных форм роста <i>Bacillus thuringiensis</i> на экспрессию генов <i>in vitro</i> и вирулентность по отношению к личинкам <i>Galleria mellonella</i> Д.С. Терещенко, Т.И. Крыцына, Е.А. Якимчук, Е.В. Гризанова	58
Белок Dps <i>Salmonella enterica</i> – новый бактериальный амилоид Х. Фаюд, М.В. Белоусов, М.И. Сулацкий, А.И. Сулацкая, А.Г. Бобылев, К.С. Антонец, А.А. Нижников	59
Создание лабораторной коллекции биотехнологических микроорганизмов в масштабах региональной лаборатории. От проблем к готовому решению М. Фролов	60
Характеристика минорных протеиназ внеклеточного деградата <i>Bacillus pumilus</i> 3-19 Д.И. Хасанов, Н.Л. Рудакова, М.Р. Шарипова	61
Эндوفитные бактерии мари белой - перспективы использования для питания и защиты растений М.В. Худяева, В.К. Чеботарь, М.Е. Баганова, О.В. Келейникова, А.В. Ерофеева, Е.П. Чижевская, И.А. Тихонович	62



Оценка биотехнологического потенциала дрожжей, способных к накоплению липидов	
<i>И.А. Черданцев, А.Н. Полякова, П.Д. Белкина, Д.С. Карпов</i>	63
Применение программного конвейера VasPack для поиска хозяйственно ценных свойств бактерий группы <i>Bacillus</i>	
<i>А.Е. Шиков, М.Н. Романенко, Ю.А. Савина, А.А. Нижников, К.С. Антонец</i>	64
Развитие эффективной арбускулярной микоризы: влияние микоризации на транскриптом и метаболом растения-хозяина	
<i>А.П. Юрков, А.А. Крюков, Т.Р. Кудряшова, Ю.В. Косильников, А.И. Горенкова, А.И. Ковальчук, А.И. Беляева, Д.А. Романюк, Р.К. Пузанский, М.Ф. Шишова</i>	65
ТЕЗИСЫ ПОСТЕРНЫХ ДОКЛАДОВ ABSTRACTS OF POSTER PRESENTATIONS	
Цифровая карта микробиома почв России	
<i>Е.В. Абакумов, Е.А. Иванова, М.В. Семенов, Д.А. Никитин, А.Р. Сулейманов</i>	67
Влияние нанокластеров серебра на устойчивость бактерий к солям тяжелых металлов и эритромицину	
<i>А.С. Астанкова, Ю.А. Филипьевичева, Г.Л. Бурьгин</i>	68
Создание новых микробиологических препаратов на основе эндофитных бактерий, а также технологий их производства и применения	
<i>М.Е. Баганова, О.В. Келейникова, В.К. Чеботарь</i>	69
Разработка питательной среды для культивирования бактерий-продуцентов короткоцепочечных жирных кислот, крайне чувствительных к кислороду	
<i>Б.О. Бембеева, Е.Л. Исаева, М.Н. Труфанова, О.В. Нечаева, Т.В. Припутневич</i>	70
Нейросетевой когнитивный анализ масс-спектров эндофитных и эпифитных бактерий из ВКСМ коллекции	
<i>Н.И. Воробьев, В.Н. Пищик, В.К. Чеботарь</i>	71
Характеристика <i>Bacillus subtilis</i> 168Δdhbf, делеционного по гену биосинтеза катехолового сидерофора, проявляющего биоконтрольную активность	
<i>А.И. Гильмутдинова, Ю.В. Данилова, М.Р. Шарипова</i>	72
Оптимизация подачи подкормки в процессе культивирования штамма-продуцента генно-инженерного инсулина человека (ГИИЧ) на синтетической среде	
<i>Д.А. Гречко, И.А. Корнаков, Т.В. Мухина, М.С. Яровикова, А.В. Дворецкая, А.В. Кабанова, З.Р. Хасаншина</i>	73



Изыскание и сохранение актинобактерий – ассоциантов беспозвоночных	
<i>М.В. Демьянкова, О.В. Ефременкова, А.А. Глухова, Б.Ф. Васильева, А.В. Якушев, В.С. Садыкова</i>	74
Анализ активности клонов ДНК-кодируемой комбинаторной библиотеки природного антимикробного пептида протегрина-1	
<i>В.А. Дорошенко, А.С. Сыровой, А.И. Калганова, С.С. Терехов</i>	75
Разработка биологического препарата для животноводства: скрининг штаммов-антагонистов и оптимизация технологии культивирования	
<i>Д.Е. Дудник, А.Н. Иркитова, И.Ю. Евдокимов</i>	76
Выделение влРНК из биомассы клеток <i>Kluyveromyces lactis</i> RCAM05938	
<i>И.Ю. Евдокимов, Д.Е. Дудник, М.В. Ширманов, А.Н. Иркитова</i>	77
Государственная коллекция фитопатогенных микроорганизмов ФГБНУ ВНИИФ и ее роль в развитии устойчивого сельского хозяйства в России	
<i>Н.С. Жемчужина, Н.В. Стацюк, Т.М. Коломиец, В.М. Андреевская</i>	78
Эффективность штамма <i>Bacillus amiloliquefaciens</i> P20 при выращивании новых сортов отечественного картофеля на семенные цели	
<i>А.Н. Заплаткин, В.К. Чеботарь, О.В. Келейникова, М.Е. Баганова, А.В. Хютти, А.А. Быстрицкий</i>	79
Эффективность биопрепарата эндофитных бактерий <i>Bacillus amyloliquifaciens</i> V417 в полевых опытах с зерновыми и техническими культурами	
<i>О.В. Келейникова, Х.А. Хусейнов, М.Е. Баганова, А.Н. Заплаткин, В.Н. Пищик, Е.П. Чижевская, В.К. Чеботарь</i>	80
Применимость TRAP-маркерной системы для оценки микробиома сенажа при разных условиях ферментирования кормов	
<i>Е.Ю. Кривопуск, А.О. Шамустакимова</i>	81
Генетические основы устойчивости ризосферной бактерии <i>Achromobacter insolitus</i> LCu₂ к токсикантам	
<i>Ю.А. Кусмарцева, Г.Л. Бурыгин</i>	82
Исследование деструкции нефтепродуктов бактерией <i>Alcanivorax borkumensis</i> (DSM 11573) в лабораторных условиях	
<i>А.С. Моругина, А.А. Платонова, Н.А. Несговорова, Д.А. Карпицкий, Р.И. Аль-Шехадат</i>	83
Стрессоустойчивость и фагоустойчивость штаммов <i>Sinorhizobium meliloti</i>	
<i>В.С. Мунтян, А.П. Козлова, А.С. Саксаганская, М.Е. Владимирова, А.Н. Мунтян, М.Л. Румянцева</i>	84
Микробиом разновозрастных залежных почв Ленинградской области	
<i>Т.И. Низамутдинов, В.И. Поляков, А.К. Кимеклис, Г.А. Гладков, И.Д. Кушнов, Е.Е. Андронов, Е.В. Абакумов</i>	85
Выявлены новые микроорганизмы - продуценты каротиноидов, способные утилизировать вторичное растительное сырьё	
<i>А.О. Причепя</i>	86
Исследование эндофитных штаммов, выделенных из семян яровой пшеницы и ярового рапса для создания биоудобрений комплексного действия	
<i>Ю.К. Родыгина, М.В. Худяева, А.В. Ерофеева, В.К. Чеботарь</i>	87



Расширение таксономических границ рода <i>Psychrobacillus</i>: новый представитель из горной почвы	
<i>М.Н. Романенко, А.Е. Шиков, Г.К. Савельев, Ф.М. Шматов, Ю.А. Савина, И.Г. Кузнецова, О.Б. Чивкунова, А.Е. Соловченко, А.А. Нижников, К.С. Антонец</i>	88
От кишечника до почвы: многообразие и биотопическая специфичность представителей семейства <i>Lactobacillaceae</i>	
<i>Т.С. Соколова, Е.Р. Вольф, А.Э. Сазонов, З.Б. Намсараев, И.Р. Акбердин</i>	89
Изучение потенциала штаммов <i>Pantoea brenneri</i> в качестве агентов биоремедиации почв	
<i>Л.В. Сокольникова, Р.Р. Исламов, Е.С. Васильева, А.Д. Сулейманова</i>	90
Получение бактериального биосенсора для поиска новых антимикробных и антимикотических веществ	
<i>А.С. Сыровой, В.А. Дорошенко, А.И. Калганова, С.С. Терехов</i>	91
Арктические бактерии – перспективный источник антибиотических веществ	
<i>Д.А. Трошина, В.И. Кроленко, М.Н. Романенко, А.Е. Шиков, О.П. Коновалова, К.С. Антонец</i>	92
Изыскание и сохранение микроорганизмов, выделенных из почвы тропической пустыни Синайского полуострова	
<i>Е.В. Храмцова, А.Л. Кандыба, М.М. Мартынов, Б.Ф. Васильева, Ю.В. Бойкова, А.А. Глухова, Т.А. Ефименко, О.В. Ефременкова</i>	93
Филогенетический анализ штаммов <i>Ligilactobacillus salivarius</i>, выделенных от человека и животных	
<i>Д.Р. Хуснутдинова, М.И. Маркелова, М.Н. Синягина, А.М. Сенина, С.Р. Абдулхаков, Т.В. Григорьева</i>	94
Геномный анализ бактерий рода <i>Methylococcus</i> на предмет систем защиты от бактериофагов	
<i>А.А. Чигирева, И.Г. Низовцева, А.В. Резайкин, И.О. Стародумов, А.Е. Коренская</i>	95
Полиэкстремофильные бактерии соленых озер России как продуценты биологически активных соединений	
<i>А.В. Чумак</i>	96
Изучение ростостимулирующей активности бактериальных изолятов, принадлежащих к группе <i>Bacillus</i> и роду <i>Serratia</i>	
<i>Ф.М. Шматов, С.Д. Гришечкина, А.А. Нижников, К.С. Антонец</i>	97

ТЕЗИСЫ ПЛЕНАРНЫХ ДОКЛАДОВ

ABSTRACTS OF PLENARY LECTURES



БОЛЬШИЕ ВЫБОРКИ – РЕДКИЕ НАХОДКИ: ЗНАЧЕНИЕ БИОБАНКОВ В СОВРЕМЕННОЙ СЕРОЭПИДЕМИОЛОГИИ И ВИРУСОЛОГИИ

Д.М. Даниленко^{1}*

¹ Отдел этиологии и эпидемиологии ФГБУ «НИИ гриппа им. А.А. Смородинцева» Минздрава
России, Санкт-Петербург, Россия

* email: daria.danilenko@influenza.spb.ru

Доклад посвящен роли больших выборок в современных вирусологических исследованиях. Рассматривается роль биобанков и сохранения образцов от человека и животных на протяжении длительного времени как возможного источника редких находок, в том числе и ретроспективных. Будут рассмотрены примеры использования архивных образцов и сохраненных штаммов различных вирусов в оценке восприимчивости населения к вирусам пандемического гриппа, важности сероархеологических образцов в установлении этиологии гриппозных эпидемий прошлого, роли больших выборок в идентификации новых и редких вариантов SARS-CoV-2, а также возможности современных генетических методов в исследовании архивных биообразцов для реконструкции эпидемиологических событий по отдельным инфекционным заболеваниям.



ГЕНЕТИЧЕСКОЕ И МОРФОЛОГИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ПАРАЗИТОВ ВОДОРΟΣЛЕЙ

С.А. Карпов^{1,2,3*}

¹ Зоологический институт Российской академии наук, Санкт-Петербург, Россия

² Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

³ Северо-Западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия

* email: sakarpov4@gmail.com

Водоросли – прекрасный корм для рыб и беспозвоночных, но на них «пасутся» и многие протисты, большинство из которых еще слабо изучено. Микроскопические эукариоты проникают внутрь клеток водорослей и выедают их содержимое. В процессе эволюции многие протисты стали из хищников паразитами, которые могут поражать до 90% популяции водорослей, что приносит безусловную пользу в «цветущих» водоемах, но наносит очевидный вред лабораторным коллекциям культур и аквакультурам. Исследования выявили значительное разнообразие паразитов пресноводных и морских водорослей, включающих разные группы протистов и грибов от хитридиомицетов до перкинсид (динофитов), но, конечно, не всё. Многие биологические особенности паразитов еще неизвестны. Вместе с тем, использование молекулярно-биологических, геномных и транскриптомных технологий позволяет полнее изучить разнообразие, филогенетические отношения и биологию отдельных стадий жизненного цикла паразитов.



ПЕРСПЕКТИВЫ РАЗВИТИЯ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИХ ДЕПОЗИТАРИЕВ В РОССИИ (НА ПРИМЕРЕ ВСЕРОССИЙСКОЙ КОЛЛЕКЦИИ МИКРООРГАНИЗМОВ, ВКМ)

М.С. Куликовский^{1}, Л.И. Евтушенко¹*

¹ Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, Пущино, Россия

* email: max-kulikovsky@yandex.ru

Создание, сохранение и развитие генетических коллекций является основополагающей деятельностью для успешного существования любого государства. Микробиологические депозитарии являются основой для успешного функционирования биотехнологий, медицины, сельского хозяйства и других сфер. В настоящее время в России начаты работы по правовым инициативам и подписан закон «О биоресурсных центрах», который призван регулировать коллекционную деятельность. В тоже время, многие важные моменты еще предстоит решить в подзаконных актах с привлечением специалистов. Важным является взаимодействие между разными типами коллекций, а также взаимодействие с зарубежными коллекциями, как того требует «кодекс прокариот». Другим интересным, к обсуждению, вопросом является работа самих коллекций с точки зрения их внутреннего устройства и амбиций. Что представляют из себя коллекции? Это просто хранилища, где поддерживаются образы или научные центры с развитыми научными изысканиями, а не только сохранение? Какие научные направления наиболее важны и каким образом коллекциям существовать в настоящее время? Откуда получать финансирование на свою деятельность? В докладе представлена попытка обсудить эти и другие вопросы, на примере Всероссийской коллекции микроорганизмов (ВКМ, Пущино). ВКМ является одной из крупнейших коллекций в России, которая начала создаваться во второй половине прошлого века. В настоящее время ВКМ – это коллекция, которая обладает правом международного депонирования организмов и активно развивает включение различных групп прокариот и эукариот (микроводоросли). Коллекции микроводорослей значительно слабее представлены, чем таковые бактерий. В России существует несколько сотен различных коллекций, взаимодействие между которыми необходимо актуализировать. Накопленный опыт успешного функционирования ВКМ на протяжении десятилетий может позволить обсудить многие важные вопросы и решить существующие проблемы.



ГЕНЕТИЧЕСКИЙ, РЕСУРСНЫЙ И БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ АЛЬГОЛОГИЧЕСКИХ КОЛЛЕКЦИЙ

Е.И. Мальцев^{1}*

¹ Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева, Москва, Россия

* email: maltsev.ye@yandex.ru

Микроводоросли и цианобактерии – большой комплекс фотосинтезирующих организмов, населяющих разнообразные водные и наземные местообитания и представляющих разные систематические группы. Водоросли отвечают за создание первичной продукции и могут использоваться во многих сферах деятельности человека: при оценке степени эвтрофикации водоемов и антропогенного загрязнения экосистем, для биологической рекультивации техногенных экотопов и в биотехнологических производствах. В связи с этим будут рассмотрены вопросы обеспечения сохранности образцов микроводорослей и создания библиотек ДНК-штрихкодов, увеличения фондов и расширения функциональности альгологических коллекций в интересах технологического лидерства. Работа выполнена в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации 124052200012-7 (номер темы FFES-2024-0001).



СЕЛЕКТИВНАЯ ДИАГНОСТИКА ФИТОПАТОГЕННЫХ БАКТЕРИЙ И ОЦЕНКА ПЕРСПЕКТИВ ПРИМЕНЕНИЯ БАКТЕРИОФАГОВ ДЛЯ КОНТРОЛЯ БАКТЕРИОЗОВ РАСТЕНИЙ

К.А. Мирошников^{1*}

¹ Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Государственный научный центр Российской Федерации Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук (ГНЦ ИБХ РАН), Москва, Россия

* email: kmi@bk.ru

Фитопатогенные бактерии наносят значительный ущерб ключевым сельскохозяйственным культурам, снижая урожайность, качество и сохранность полученной продукции, и часто приводя к полной непригодности зараженных семян для посева. Использование бактериофагов (вирусов бактерий) считается перспективным методом биологической защиты растений от бактериозов. Однако, в силу узкой специфичности действия бактериофагов, их применение требует точной диагностики целевых фитопатогенов и оптимизации формуляции и методов применения биопрепаратов. В представленном докладе рассмотрены успешные случаи дифференцированной диагностики и применения препаратов бактериофагов для контроля бактериозов картофеля, зернобобовых и крестоцветных культур, вызванных бактериями родов *Pectobacterium*, *Curtobacterium* и *Rhizobium/Agrobacterium*. Обсуждаются ключевые принципы поиска и описания индивидуальных бактериофагов и их коктейлей, компоновки препаратов с дополнительными активными веществами, их использование в различных биологических моделях, а также проблемы масштабирования производства и сертификации препаратов. При наличии коллекций предварительно охарактеризованных фагов и информации о превалирующих видах и штаммах фитопатогенов представляется возможным создание фаговых препаратов как для профилактической, так и терапевтической обработки. В реальных условиях производства, такие препараты приводят к существенному снижению численности популяций фитопатогенных бактерий и уменьшению частоты проявления и интенсивности симптомов бактериозов.



МЕТАГЕНОМНЫЙ ВЗГЛЯД В ГЛУБИННУЮ ПОДЗЕМНУЮ БИОСФЕРУ

Н.В. Равин^{1}*

¹ ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН, Москва, Россия

* email: nravin@mail.ru

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»). Одной из наименее изученных экологических ниш является глубинная подземная биосфера, микробные сообщества которой могут оставаться изолированными на протяжении тысяч-миллионов лет и не зависеть от поступления органического вещества с поверхности. С использованием методов метагеномики мы исследовали микробные сообщества глубинных подземных вод Западной Сибири. В докладе будут представлены результаты геномного анализа микроорганизмов подземной биосферы, в том числе реконструкции путей метаболизма и анализа их функциональной роли в исследованных экосистемах, а также уникальные особенности их эволюции.



АНТИСТРЕССОРНЫЕ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЕ ПРЕПАРАТЫ ДЛЯ РАСТЕНИЙ – РЕЗУЛЬТАТЫ И ПЕРСПЕКТИВЫ

В.К. Чеботарь^{1}, В.Н. Пищик¹, Е.П. Чижевская¹, И.А. Фесенко², А.С. Мамаева²,
И.А. Тихонович^{1,3}*

¹ Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии», Санкт-Петербург, Россия

² Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Государственный научный центр Российской Федерации Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук (ГНЦ ИБХ РАН), Москва, Россия

³ Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

* email: vladchebotar@arriam.ru

Современное сельское хозяйство нуждается в новых методах повышения устойчивости культурных растений к стрессовым условиям, поскольку именно биотические и абиотические стрессы являются наиболее серьезной причиной снижения урожая. Согласно последним исследованиям, микробиом может регулировать скорость роста, поглощение питательных веществ, устойчивость к абиотическим стрессам и устойчивость к возбудителям у растения-хозяина. Ассоциация растения с эндофитными и эпифитными бактериями оказывает благотворное влияние на рост растений, а также на устойчивость к стрессу от засухи.

В лабораторном опыте с яровой пшеницей изучали влияние штаммов эпифитов на рост пшеницы в условиях осмотического стресса. Эпифитные бактерии продуцировали различные фитогормоны и были способны стимулировать рост пшеницы в нормальных условиях и в условиях осмотического стресса. Эпифиты снижали содержание малонового диальдегида повышали общее содержание хлорофилла за счет увеличения содержания хлорофилла а и регулировали гомеостаз гормонов пшеницы, а также активность каталазы и пероксидазы в осмотических условиях.

Проведен анализ эндофитного микробиома у трех различных видов засухоустойчивых растений. Показано, что разные виды растений, выращенные в одной и той же почве, содержат кардинально различные эндофитные микробиомы. Таким образом, бактериальные эндофиты обладают специфичностью по отношению растениям-хозяевам. Это может быть связано с отличиями в «настройке» иммунной системы разных растительных видов и указывать на то, что растения способны направленно рекрутировать из почвы определенные виды бактерий.

Обнаружены возможные миметики растительных регуляторных пептидов среди различных микроорганизмов, в том числе симбиотических и патогенных представителей микробиома растений. Определены три перспективных кандидата для последующих экспериментов по нокаутированию рецепторных киназ.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда, проект № 23-66-10013.

ТЕЗИСЫ СЕКЦИОННЫХ ДОКЛАДОВ

ABSTRACTS OF TALKS



ВКЛАД КОЛЛЕКЦИИ CALU В ПОИСКИ И ИЗУЧЕНИЕ ЦИАНОБАКТЕРИЙ, ИСПОЛЬЗУЮЩИХ ДАЛЬНИЙ КРАСНЫЙ СВЕТ В КАЧЕСТВЕ НОВОГО ИСТОЧНИКА МЕТАБОЛИЧЕСКОЙ ЭНЕРГИИ

С.Г. Аверина^{1}, Е.В. Сенатская¹, М.Ю. Батлуцкая¹, Д.Д. Снарская¹, А.В. Пиневич¹*

¹ Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

* email: s.averina@spbu.ru

Цианобактерии – поливалентные объекты биотехнологии. Если ранее они были известны как источники биомассы и фармакологических препаратов, то в последнее время приоритетное значение придается продуцентам энергоносителей (фотоводорода и углеводов), а также объектам, ассимилирующим световую энергию «нетрадиционного» участка спектра.

Растения и некоторые протисты, а также цианобактерии используют видимый свет (400-700 нм). Феномен использования цианобактериями дальнего красного света (ДКС, 700-800 нм) мало исследован. Установлено, что ДКС-фотоадаптация (FaRLiP) обеспечивается экспрессией генов одноименного кластера, приводящей к перестройке фотосинтетического аппарата, в частности образованию «длинноволновых» хлорофиллов d и/или f. Дальнейшее изучение феномена FaRLiP тормозится ограниченным числом культивируемых модельных объектов.

В настоящее время сотрудниками кафедры микробиологии СПбГУ собран и пополняется фонд культивируемых цианобактерий, образующих длинноволновые хлорофиллы (33 штамма, выделенных из бедных видимым светом местообитаний ряда графических регионов и относящихся к разным таксономическим группам). Проведен анализ их фено- и генотипических признаков, реконструированы нуклеотидные последовательности 16S рДНК, 16S-23S ITS и ряда генов домашнего хозяйства. На основе экспериментальных данных описаны и валидно опубликованы новые объекты в ранге рода и вида, что служит дополнением к современным данным о разнообразии цианобактерий.

Половина вышеуказанных штаммов депонирована в коллекции CALU (Научный парк СПбГУ). Анализ фотосинтетического аппарата и характеристика кластера FaRLiP этих и вновь выделенных штаммов способствует дальнейшему изучению ДКС-фотоадаптации как биологического феномена высокого фундаментального и практического значения. В частности, некоторые из них могут быть привлечены к разработке основ промышленного фотосинтеза с использованием ранее не востребованного источника световой энергии.

Исследование поддержано грантом РФФИ №24-24-00052.



ЧТО ИЗ СЕБЯ ПРЕДСТАВЛЯЮТ «ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ МИКРООРГАНИЗМОВ» И МОЖНО ЛИ ПОМЕСТИТЬ ИХ В КОЛЛЕКЦИЮ?

Е.Е. Андронов^{1}, О.В. Орлова¹, А.К. Кимеклис¹, Г.В. Гладков¹, А.О. Зверев¹, Т.О. Лисина¹,
Н.А. Проворов¹*

¹ ФГБНУ Всероссийский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург,
Пушкин, Россия

* email: eeandr@gmail.com

Основным способом мобилизации генетических ресурсов микроорганизмов за последние 100 лет является разработка микробных препаратов на основе чистых культур микроорганизмов. Однако еще С.Н. Виноградский, основатель экологической микробиологии, отмечал, что свойства микроорганизмов в чистой культуре являются лишь приближением к их реальным свойствам и функциям в местах обитания. Последователи С.Н. Виноградского и основатели направления почвенной микробиологии во ВНИИСХМ С.П. Костычев и Н.М. Лазарев, обращали особое внимание на то, что свойства микроорганизмов не могут быть поняты в отрыве от сложно устроенных микробных сообществ, в составе которых функционируют микроорганизмы (Лазарев, 1949). Современные достижения в области почвенной метагеномики позволили оценить реальные масштабы данной проблемы, которые определяются громадными размерами, разнообразием и сложной сетевой структурой почвенных микробиомов. Важным достижением последнего времени является понимание глубоких закономерностей в формировании микробных ассоциаций для эффективного разложения растительных остатков, разработка технологических принципов селекции эффективных сообществ (Zverev et al., 2024) и раскрытие закономерностей формирования геномов и метагеномов, адаптированных для эффективного разложения растительных остатков (Kimeklis et al., 2025). Было показано, что эффективные целлюлозоразлагающие сообщества микроорганизмов являются сложно устроенными ассоциациями, включающими некультивируемые компоненты, что делает невозможным ни выделение таких ассоциаций в виде чистых культур, ни вообще использование традиционных подходов, используемых в производстве микробных препаратов. Сегодня становится понятно, что и применение традиционных ризобияльных препаратов не может быть понято в отрыве от скрытых генетических ресурсов почвенной популяции ризобий. Мы полагаем, что понимание генетических ресурсов микроорганизмов требует существенных уточнений.

Поддержано грантом РФФИ 23-16-00147.



РИЗОСФЕРНЫЕ БАКТЕРИИ УТИЛИЗИРУЮТ ФИТОГОРМОН АБСЦИЗОВУЮ КИСЛОТУ (АБК) И ЗАЩИЩАЮТ РАСТЕНИЯ ПОДСОЛНЕЧНИКА ОТ АБК-ПРОДУЦИРУЮЩИХ ФИТОПАТОГЕНОВ

А.А. Белимов^{1*}, А.И. Шапошников¹, Т.С. Азарова¹, О.С. Юзихин¹, Н.А. Вишневская¹,
В.Ю. Шахназарова¹, М.И. Лебединский¹, Е.В. Бородина¹, Ю.В. Гоголев²

¹ ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

² ФГБУН Казанский институт биохимии и биофизики – обособленное структурное подразделение Федерального исследовательского центра "Казанский научный центр Российской академии наук" (КИББ ФИЦ КазНЦ РАН)

* email: belimov@arriam.ru

Абсцизовая кислота (АБК) - фитогормон, регулирующий механизмы устойчивости растений к абиотическим стрессам. В настоящее время установлена важная роль АБК в устойчивости растений к биотическому стрессу, вызванному фитопатогенами, и в большинстве случаев этот гормон действует как отрицательный регулятор устойчивости. Селектирован фитопатогенный грибовый штамм *Botrytis* sp. ВА3 - продуцент АБК, который инфицирует различные виды растений, включая подсолнечник. Ризобактерия *Rhodococcus* sp. P1Y утилизирует АБК и использует это вещество в качестве источника углерода (Belimov et al., 2014). При совместном культивировании *in vitro* *Rhodococcus* sp. P1Y активно потреблял грибную АБК, но не влиял на рост гриба. В гнотобиотической гидропонной культуре обработка проростков подсолнечника экзогенной АБК и инокуляция *Botrytis* sp. ВА3 ингибировали рост корней и побегов. Инокуляция штаммом *Rhodococcus* sp. P1Y не влияла на рост подсолнечника, но бактерии устраняли отрицательное влияние *Botrytis* sp. ВА3 и экзогенной АБК на растения. При инокуляции растений *Botrytis* sp. ВА3 и обработкой АБК, стимулирующий рост эффект от добавления *Rhodococcus* sp. P1Y составил 72% и 83% на корни и побеги соответственно. Бактерии во много раз снижали концентрацию продуцируемой грибом АБК в питательном растворе. Концентрация АБК в корнях увеличивалась после инокуляции *Botrytis* sp. ВА3 и/или обработки АБК. Инокуляция штаммом P1Y полностью снимала данный эффект, восстанавливая концентрацию АБК в корнях до уровня неинокулированных растений. Проведен анализ концентраций других фитогормонов в растениях и его результаты будут представлены в докладе. Оба микроорганизма колонизировали корни растений, а *Botrytis* sp. ВА3 индуцировал симптомы болезни на корнях и побегах. Полученные результаты указывают на существование ранее неопisanного биоконтрольного эффекта ризобактерий за счет утилизации АБК, продуцируемой фитопатогенным грибом.

Работа поддержана проектом РНФ № 24-16-00166.



АМИЛОИДНЫЕ СВОЙСТВА БЕЛКОВ НАРУЖНОЙ МЕМБРАНЫ OMPC И OMPF *SALMONELLA ENTERICA И ESCHERICHIA COLI*

М.В. Белоусов^{1,2*}, А.О. Косолапова¹, Х. Фаюд^{1,2}, М.И. Сулацкий³, А.И. Сулацкая³,
М.Н. Романенко^{1,2}, А.Г. Бобылев⁴, К.С. Антонец^{1,2}, А.А. Нижников^{1,2}

¹ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии,
Санкт-Петербург, Россия

² Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

³ Институт цитологии РАН, Санкт-Петербург, Россия

⁴ Научно-технологический университет «Сириус», Федеральная территория «Сириус», Россия

* email: m.belousov@arriam.ru

Одной из групп белков бактерий, амилоидные свойства которых в настоящее время активно изучают, являются белки наружной мембраны или порины. Эти белки относятся к ключевым факторам вирулентности и имеют структуру бета-бочонка, обогащенную бета-слоями. Амилоиды представляют собой белковые фибриллы со специфической пространственной структурой, которая придает им устойчивость к различным физико-химическим воздействиям. Амилоидогенез поринов наружной мембраны может представлять собой физиологический механизм, позволяющий бактериальным клеткам более эффективно выживать в агрессивной внутренней среде организма-хозяина при патогенезе. Энтеробактерии *Escherichia coli* и *Salmonella enteritidis* являются важными патогенами человека и животных, что делает актуальным изучение свойств их факторов вирулентности, к которым относятся порины. В рамках наших исследований были подтверждены амилоидные свойства OmpC *E. coli*, а также впервые проведено детальное изучение амилоидных свойств OmpC *S. enteritidis* и OmpF энтеробактерий *E. coli* и *S. enteritidis in vitro*. В ходе этих экспериментов подробно изучена морфология токсичных фибрилл белков OmpC и OmpF, их устойчивость к обработке ионными детергентами и протеазами, а также термостабильность. Также нами изучено связывание фибриллами амилоидспецифичных красителей тиофлавина Т и конго красного. Полученные данные значимы для понимания биологической роли амилоидогенеза белков наружной мембраны в вирулентности энтеробактерий и надорганизменных взаимодействиях «патоген-хозяин».

Авторы выражают благодарность Ресурсному центру «Развитие молекулярных и клеточных технологий» СПбГУ и Центру коллективного пользования «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» ВНИИСХМ за предоставленное для исследования оборудование. Работа поддержана Российским научным фондом, грант 24-26-00124.



БИОХИМИЧЕСКИЙ И БАКТЕРИЦИДНЫЙ ПОТЕНЦИАЛ МОРСКИХ БАКТЕРИЙ *ARENIBACTER* SPP.

Г.А. Бондарев^{1*}, О.И. Недашковская², Ю.К. Пентехина¹, Л.А. Балабанова^{1,2}

¹ Передовая инженерная школа «Институт биотехнологий, биоинженерии и пищевых систем»,
Дальневосточный федеральный университет, Владивосток, Россия

² Тихоокеанский институт биоорганической химии им. Г.Б. Елякова Дальневосточного
отделения Российской академии наук (ТИБОХ ДВО РАН), Владивосток, Россия

* email: bondarevgeorgii22@gmail.com

Род аэробных морских бактерий *Arenibacter* (сем. *Flavobacteriaceae*) остается малоизученным как с точки зрения видового разнообразия, так и биотехнологического потенциала. Данные о биохимических свойствах представителей рода предполагают их участие в деградации сложных полисахаридов и полициклических углеводов, а также наличие антимикробных и фунгицидных свойств. Штамм *A. latericius* KMM 426T известен как продуцент фермента для конверсии крови из А (II) в О (I). Однако биосинтетические кластеры (BGC) остаются не охарактеризованы.

Проведен анализ таксономического положения и биотехнологического потенциала штаммов рода *Arenibacter* методами сравнительной геномики. 34 генома из базы данных NCBI были реаннотированы с помощью Prokka. Проведен пангеномный анализ (Roary, PPanGGOLiN, Anvio), построена филогения корового генома (IQ-TREE).

Поиск BGC с помощью AntiSMASH и BAGEL, а также анализ сходства BGC (BiG-SCAPE) показал, что род имеет открытый пангеном (core: 613, cloud: 24842), что отражает высокое генетическое разнообразие и адаптивность изолятов. *In silico* ДНК-ДНК гибридизация (dDDH) и расчет средней нуклеотидной идентичности (ANI) геномов показали необходимость ревизии родовой и видовой таксономии.

Обнаружено 157 BGC, включая 11 NRPS, 91 кластер синтеза терпенов, 25 ТЗPKS, 1 уникальный кластер RiPP. Кластеризация BiG-SCAPE подтвердила наличие 6 семейств NRPS (3 синглтона), 11 семейств терпенов и 1 переменное семейство ТЗPKS, тогда как RiPPs-кластер не имеет аналогов.

Обнаруженные кластеры NRPS имеют высокое сходство (60–70%) с известными кластерами синтеза антибиотиков, таких как трипептид севацидин *Paenibacillus larvae* и термоактиноамид А *Thermoactinomyces vulgaris*, что дает основания предполагать антибактериальные свойства продукта. Результат открывает дальнейшие перспективы для разработки генно-инженерных штаммов-продуцентов новых антимикробных соединений.

Работа выполнена по гранту Министерства науки и высшего образования РФ, проект FZNS-2025-0011.



ТОЛЕРАНТНОСТЬ БИОПЛЕНОК ПАТОГЕННЫХ БАКТЕРИЙ И ПОДХОДЫ К ЕЕ ПРЕОДОЛЕНИЮ

Д.А. Бурмистрова^{1*}

¹ Федеральное государственное бюджетное учреждение «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф. Гамалеи»
Министерства здравоохранения Российской Федерации, Москва, Россия

* email: daria.and.egorova@gmail.com

Биопленки - это организованные сообщества микроорганизмов, окруженные общим внеклеточным матриксом, которые повсеместно распространены. В ключе бактериальных инфекций биопленки и различные формы микробных агрегатов ассоциированы с низкой эффективностью терапевтических препаратов, несмотря на чувствительный фенотип патогена по данным клиническо-лабораторной диагностики. Толерантность биопленок патогенных микроорганизмов к существующим антимикробным препаратам обусловлена совокупностью адаптивных стратегий бактериального сообщества и барьерной функцией внеклеточного матрикса. В докладе будут приведены данные, демонстрирующие толерантность биопленок *K.pneumonia* и других актуальных патогенов к используемым в настоящее время антибиотикам. Также в докладе будут приведены примеры вторичных эффектов антибактериальных препаратов на адаптивной стратегии биопленок и рассмотрены подходы к преодолению толерантности биопленок, такие как деградация внеклеточного матрикса, антитело-опосредованная дестабилизация и нейтрализация ключевых белков, участвующих в поддержании структуры и трехмерной организации бактериального сообщества.



ФЕНОМИЧЕСКИЕ ПОДХОДЫ ОЦЕНКИ ПОНИМАНИЯ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ РАСТЕНИЙ И ПОЛЕЗНЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ ФИТОБИОМА

С.А. Бурсаков^{1*}, А.А. Кочешкова¹, П.Ю. Крупин¹, М.Г. Дивашук¹

¹ Федеральное государственное бюджетное научное учреждение Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии, Москва, Россия

* email: sergeymoscu@gmail.com

Практическое использование эффективных полезных микроорганизмов (ЭПМ), обитающих внутри и на поверхности в надземных и подземных частях растений, становится актуальной задачей современных исследований. ЭПМ, ассоциированные с растениями, играют важнейшую роль в их толерантности, повышая устойчивость последних к абиотическим и биотическим стрессам, способствуя усвоению питательных веществ и улучшению здоровья. Они могут стимулировать рост, развитие, контролировать водный баланс, способствовать общей адаптивности, предотвращать болезни и способствовать быстрому созреванию растений. Однако, генетическим ресурсам биоразнообразия фитобиома ЭПМ уделяется мало внимания. Использование микрофлоры, ассоциируемой с растениями, требует точного измерения и мониторинга в многофакторной системе "почва-растение-атмосфера-микроорганизмы" с использованием цифрового фенотипирования и под контролем искусственного интеллекта. Интеграция геномной, транскриптомной и метаболомной информации с феномикой обеспечит целостный подход к пониманию растительно-микробного симбиоза и предложит новые стратегии повышения урожайности, в том числе в условиях технологии speed breeding. Новые технологии помогут понять функциональную роль ЭПМ в растительных физиологических процессах, транспорте и поглощении питательных веществ на клеточном и тканевом уровнях. Применение феномики, как удобного и эффективного инструмента для анализа эффективности фитобиома и оценки здоровья растений может стать мощным инструментом для идентификации пар: штаммов микроорганизмов и генотипов растений, которые лучше всего подходят для устойчивого сельского хозяйства в строго определенных условиях. Поэтому настоящая работа посвящена развитию феномических подходов, используемых для понимания взаимодействия растений и микроорганизмов, включая технологии визуализации, использование различных сенсоров и глубокий анализ данных.

Финансирование: Министерство науки и высшего образования РФ, государственное задание FGUM-2025-0010



ХАРАКТЕРИСТИКА НОВЫХ ШТАММОВ РОДА *BRADYRHIZOBIUM*, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ КЛУБЕНЬКОВ СОИ В САРАТОВСКОЙ ОБЛАСТИ

Г.Л. Бурьгин^{1*}, А.С. Сидорин¹, О.В. Ткаченко¹

¹ ФГБОУ ВО «Саратовский государственный университет генетики, биотехнологии и инженерии им. Н.И. Вавилова», Саратов, Россия

* email: burygin1@gmail.com

Инокуляция семян штаммами клубеньковых бактерий является важным элементом агротехнологии при возделывании большинства зернобобовых культур, что способствует повышению их урожайности и пищевой ценности. Наиболее маргинальной культурой семейства *Fabaceae* является соя (*Glycine max* (L.) Merr.), ареал выращивания которой активно расширяется. Культивирование сои в новых для неё регионах может сталкиваться с проблемой снижения эффективности инокуляции коммерческими штаммами клубеньковых бактерий. Целью данной работы было выделение и таксономическое определение клубеньковых бактерий, выделенных из сои сорта Натали, выращенной на каштановых почвах Левобережья Саратовской области, а также оценка их рост-стимулирующей активности.

Бактерии были выделены в 2023 году из клубеньков растений сои, выращенных в полевых условиях (УНПО «Поволжье» ФГБОУ ВО Вавиловский университет), а также в оранжерее в стерильном грунте из семян, полученных в полевых условиях. Исходные растения не подвергались инокуляции коммерческими биопрепаратами. Гомогенаты поверхностно-стерилизованных клубеньков высевались на агаризованную маннитную среду (УМА).

Было получено 10 быстрорастущих и 11 медленнорастущих изолятов. Быстрорастущие штаммы по результатам молекулярно-генетических тестов были отнесены к родам *Enterobacter* и *Lysobacter*. Медленнорастущие штаммы по данным полногеномного секвенирования оказались представителями рода *Bradyrhizobium*. Филогенетический анализ с использованием ANI- и SNP-анализов позволил отнести 7 выделенных штаммов к одному кластеру, равноудаленному от видов *Bradyrhizobium japonicum* и *Bradyrhizobium barranii*, что дало основание описать новые штаммы как представители нового подвида с пересмотром таксономии штаммов внутри вида *Bradyrhizobium japonicum*. Инокуляция стерилизованных семян сои культурами выделенных штаммов приводила к образованию клубеньков и улучшению ростовых процессов у растений в условиях оранжереи.



ОНКОЛИТИЧЕСКИЙ ВИРУС VV-GMCSF-LACT: РАЗРАБОТКА ПОДХОДОВ ТЕРАПИИ ГЛИОМ

Н.С. Васильева^{1,2}, А.Б. Агеев¹, А.А. Бывакина¹, В.А. Рухтер¹, Е.В. Кулигина¹*

¹ Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, Новосибирск,
Россия

² АНОО ВО НТУ Университет Сириус, Краснодарский край, Федеральная территория
«Сириус», Россия

* email: nataly_vas@bk.ru

На данный момент успешно завершена фаза I клинических испытаний онколитического вируса осповакцины VV-GMCSF-Lact в качестве средства для терапии рака молочной железы человека. Ранее в ходе доклинических исследований VV-GMCSF-Lact показана его высокая цитотоксическая активность в отношении глиобластомы U87 MG человека *in vitro* и *in vivo*. Далее необходимо было оценить терапевтический потенциал VV-GMCSF-Lact в отношении глиом человека разной степени злокачественности и разработать подходы терапии глиальных опухолей данным препаратом. Показано, что VV-GMCSF-Lact обладает высокой цитотоксической активностью *in vitro* и противоопухолевой эффективностью *in vivo* в отношении как иммортализованных линий глиобластомы, так и культур глиом, полученных из образцов опухолей пациентов. Исследована противоопухолевая эффективность вируса на ортотопически трансплантированных иммунокомпетентных моделях глиом С6 крысы и GL261 мыши. Проведен анализ изменений иммунного статуса мышей с подкожно трансплантированной глиомой GL261 при терапии опухоли VV-GMCSF-Lact. Для разработки схем комбинированной терапии оценен противоопухолевый эффект VV-GMCSF-Lact и алкилирующего агента темозоломидом *in vivo*. Исследованы молекулярные механизмы, способные обуславливать устойчивость клеток глиом к действию VV-GMCSF-Lact. На основании полученных данных предложены мишени для таргетной терапии совместно с VV-GMCSF-Lact, в частности киназа Akt1. Проведены исследования совместного действия онколитического вируса и ингибитора киназы Akt1 в условиях *in vitro*. Полученные результаты позволяют сделать вывод, что VV-GMCSF-Lact индуцирует активацию противоопухолевого иммунного ответа, тормозит рост опухолей в моделях *in vivo* и является перспективным препаратом для терапии глиом. Предложены схемы применения VV-GMCSF-Lact как в режиме монотерапии, так и в комбинации с алкилирующими и таргетными агентами.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-14-00390, <http://rscf.ru/project/24-14-00390/>.



ХАРАКТЕРИСТИКА ПОДВИЖНОСТИ И АДГЕЗИВНЫХ СВОЙСТВ *BACILLUS SUBTILIS* IV3 И ЕГО МУТАНТОВ

Ю.А. Васильева^{1*}, А.А. Мамчур¹, Ю.В. Данилова¹, М.Р. Шарипова¹

¹ Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, Россия

* email: vasileva891@mail.ru

Дизайн почвенного микробиома является перспективным подходом для повышения урожайности сельскохозяйственных культур. Данный метод основан на взаимодействии корневой системы растений с микроорганизмами, такими как ризобактерии, которые стимулируют рост растений (PGPR). К ним относятся представители рода *Bacillus*, обладающие антагонистической активностью против различных фитопатогенов благодаря выработке ферментов, антибактериальных соединений, сурфактина и сидерофоров. Взаимодействие бацилл с корневой системой растений приводит к индуцированной системной устойчивости (ISR), что выражается в более быстром ответе растений-хозяев на атаки патогенов. В настоящее время конкретные биологически активные вещества, которые производятся бактериями PGPR и запускают этот механизм мало изучены.

В рамках данного исследования изучались адгезивные свойства штамма *Bacillus subtilis* IV3 с редуцированным опероном *SrfA* и неактивной синтазой *DhbF* для определения роли сурфактина и бациллибактина в индукции системной устойчивости растений. С помощью технологии CRISPR/Cas9 были созданы мутантные штаммы ризосферного изолята *B. subtilis* IV3, не способные вырабатывать циклический липопептид сурфактин ($\Delta srfABC$) и низкомолекулярный хелатор железа бациллибактин ($\Delta dhbF$). Подвижность PGPR имеет важное значение для успешной конкуренции в окружающей среде. Ризосферный изолят *B. subtilis* IV3 продемонстрировал способность к плаванию и роению на 0,3% и 0,6% агаре, соответственно. Мутантный штамм $\Delta dhbF$ сохранил все типы подвижности, в отличие от штамма $\Delta srfABC$, который образовывал макроколонии с диаметром на 78% меньше диаметра исходного штамма. Оценку способности штаммов формировать биопленки проводили в 96-луночных круглодонных планшетах при 37 °C. После 36 часов инкубации мутантный штамм $\Delta srfABC$ продемонстрировал снижение оптической плотности на 73% по сравнению с *B. subtilis* IV3 и $\Delta dhbF$, которые имели одинаковые показатели.

Работа выполнена за счет средств гранта РФФИ №25-16-00143.



АНТАРКТИЧЕСКИЕ МИКРОБИОМЫ С УЧАСТИЕМ ЦИАНОБАКТЕРИЙ: МЕТАГЕНОМНЫЙ И КУЛЬТУРОМНЫЙ МЕТОДЫ АНАЛИЗА

Н.В. Величко^{1*}, Д.Е. Рабочая¹, С.В. Смирнова², А.С. Макеева¹, М.П. Райко¹

¹ Санкт-Петербургский государственный университет (СПбГУ), Санкт-Петербург, Россия

² Ботанический институт им. В.Л. Комарова (БИН РАН), Санкт-Петербург, Россия

* email: n.velichko@spbu.ru

В работе впервые изучено таксономическое разнообразие 50 антарктических альго-бактериальных сообществ с помощью метабаркодирования 16S рРНК и последующего биоинформатического анализа. Согласно полученным результатам в изученных микробиомах преобладают представители фил *Cyanobacteria* (от 35% до 65% ASV), *Proteobacteria* (8-20% ASV), *Bacteroidetes* (6-14% ASV) и *Chloroflexi* (5-20% ASV). В качестве минорного компонента в микробиомах встречаются *Actinobacteria* (2,5-3,5% ASV), *Planctomycetes* (4-8% ASV) и *Acidobacteria* (2-2,5% ASV). Доминирующие в изученных микробиомах кислородные фототрофные бактерии (цианобактерии), были выделены в лабораторные альгологически чистые культуры. На основе этого была сформирована рабочая коллекция антарктических изолятов цианобактерий (более 70), включающая как психрофильные, так и психротолерантные формы. Основу рабочей коллекции составили представители порядков *Leptolyngbyales* (*Phormidesmis* spp., *Stenomitos* spp., *Leptolyngbya* spp., *Drouetiella* sp.) и *Nostocales* (*Nostoc* spp., *Calothrix* sp., *Coleodesmium* sp., *Halotia* sp.), а также новые и потенциально эндемичные таксоны одноклеточных цианобактерий. Культивируемые антарктические цианобактерии были описаны с помощью современных методов полифазной таксономии (основанной на анализе комплекса морфологических и молекулярно-филогенетических признаков) и депонированы в коллекции культур микроорганизмов CALU. Проведенное исследование позволяет в целом оценить таксономическое разнообразие антарктических микробных сообществ с участием цианобактерий. Полученные штаммы психрофильных цианобактерий могут быть использованы для изучения метаболических особенностей микроорганизмов холодных мест обитаний, а также в качестве перспективных биотехнологических продуцентов вторичных метаболитов, в том числе холодоустойчивых ферментов и внеклеточных полисахаридов.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ №22-24-00590 на базе Ресурсных Центров Научного парка СПбГУ «Развитие молекулярных и клеточных технологий», «Культивирование микроорганизмов», «Хромас» и «Биобанк».



АНАЭРОБНОЕ РАЗЛОЖЕНИЕ БИЦИКЛИЧЕСКИХ АРОМАТИЧЕСКИХ УГЛЕВОДОРОДОВ МОРСКИМИ И ПРЕСНОВОДНЫМИ СУЛЬФАТРЕДУЦИРУЮЩИМИ БАКТЕРИЯМИ

А.С. Галушко^{1*}

¹ Федеральное государственное бюджетное научное учреждение "Агрофизический научно-исследовательский институт", Санкт-Петербург, Россия

* email: galushkoas@inbox.ru

Работа посвящена изучению таксономического, метаболического разнообразия сульфатвосстанавливающих бактерий (СВБ), способных разрушать бициклические ароматические углеводороды: нафталин и 2-метилнафталин. Стандартными культивационными методами были получены: чистая культура, обозначенная как штамм NaphS2, морской СВБ, растущей за счет полного окисления нафталина, и накопительная культур, обозначенная – RS2MN, пресноводных СВБ, растущих за счет полного разрушения 2-метилнафталина. Таксономическое исследование на основе определения сиквенса гена 16S рНК показало, что штамм NaphS2 можно отнести к роду *Desulfatiglans* грамотрицательных СВБ. Культура RS2MN, содержала 2 грамотрицательные СВБ: 1) *Desulfomicrobium* sp.; 2) СВБ, близкий к штамму N47, способному расти за счет разрушения нафталина и 2-метилнафталина. Штамм NaphS2 обладал способностью разрушать оба углеводорода. Культура RS2MN, в отличие от штамма N47, была способна использовать только один углеводород – 2-метилнафталин. Первая СВБ культуры RS2MN была выделена в чистую культуру (штамм RSPyr) и было определено, что она являлась типичным представителем рода *Desulfomicrobium*, не способным окислять органические вещества до углекислого газа и воды и, кроме того, не могла использовать 2-метилнафталин. Таким образом, было экспериментально определено, что вторая СВБ являлась углеводородоксилирующей бактерией. Биохимические и метаболитные исследования показали, что обе культуры активировали 2-метилнафталин за счет присоединения фумарата к углероду метильной группы углеводорода, а штамм NaphS2 активировал нафталин путем его карбоксилирования. Гены активирования обоих исследованных углеводородов штаммом NaphS2 были проанализированы.



АНАЛИЗ ПРОФАГОВЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ В ГЕНОМЕ ЗАКВАСОЧНОГО ШТАММА *LACTOCOCCUS LACTIS* БИМ В-1834

А.Д. Герасимович^{1*}, А.Э. Охремчук¹, А.В. Сидоренко¹

¹ Институт микробиологии НАН Беларуси, Минск, Беларусь

* email: alexandra_88@tut.by

Наличие профагов в геномах заквасочных культур *Lactococcus lactis* связано с риском их спонтанной индукции, приводящей к лизису клеток лактококков и, как следствие, нарушениям ферментации молока. С другой стороны, профаги могут служить защитой от заражения бактерий *L. lactis* другими фагами, а также обеспечивать их генетическое разнообразие.

Биоинформатический анализ геномов бактерий *L. lactis* из базы данных ГенБанк показал широкое распространение в них профаговых последовательностей. При проведении ПЦР анализа, у 86% штаммов лактококков, выделенных из коммерческих заквасок для сыроделия, был выявлен ген интегразы, что потенциально указывает на присутствие в геноме профагов. Один из этих штаммов, *L. lactis* БИМ В-1834 (NZ_CP157287.1), характеризовался фагоустойчивостью и содержал в составе генома 7 предполагаемых профаговых последовательностей, случайным образом локализованных на хромосоме. Один профаг обладал высокой мозаичностью генома и содержал гены, сходные с генами профагов стрептококков. Остальные шесть профагов (в т.ч. 1 дефектный) обладали сходством нуклеотидных последовательностей (37-81%) с умеренными фагами, наиболее часто обнаруживаемыми в составе геномов заквасочных культур лактококков. Два из них содержали гены, предположительно кодирующие ДНК-метиразу, обеспечивающую защиту от действия бактериальных рестриктаз. Гены, кодирующие белки системы исключения суперинфекции в составе профаговых последовательностей не были обнаружены.

При культивировании штамма *L. lactis* БИМ В-1834 спонтанной индукции профагов не наблюдалось. Индукция профагов митомицином С (1 мкг/мл) не приводила к лизису культуры лактококков и формированию негативных колоний на газоне индикаторных культур *L. lactis*, однако в культуральной жидкости с помощью ПЦР детектировался ген интегразы, что может свидетельствовать о высвобождении фаговых частиц.

Полученные результаты дополняют имеющиеся данные о генетическом разнообразии профагов заквасочных штаммов лактококков.



СПОСОБЫ ПОВЫШЕНИЯ ЭФФЕКТИВНОСТИ БИОЛОГИЧЕСКИХ ИНСЕКТИЦИДОВ НА ОСНОВЕ ГРИБНЫХ ЭНТОМОПАТОГЕНОВ

Е.В. Гризанова^{1*}, В.С. Худышкина¹

¹ Новосибирский государственный аграрный университет, Новосибирск, Россия

* email: katalasa_2006@yahoo.com

Экологизация сельского хозяйства, рациональное применение средств защиты растений являются приоритетными направлениями научно-технического развития РФ. Грибы рода *Metarhizium* и *Beauveria* являются основой биопрепаратов для защиты растений от насекомых вредителей. Ограниченный ассортимент биопрепаратов на рынке, которые выпускаются на основе одних и тех же штаммов грибов много лет, нестабильность действия в зависимости от факторов среды, формирование устойчивых популяций насекомых создает необходимость поиска новых высоковирулентных штаммов микроорганизмов и повышение вирулентности существующих биологических инсектицидов. Вирулентность микроорганизмов может увеличиваться при отборе изолятов на искусственных питательных средах, а также при пассажах через насекомых-хозяев. Подавление защитных реакций насекомых является одним из подходов для повышения их восприимчивости к грибным патогенам. К таким подходам относят использование ингибиторов иммунного ответа, наночастиц, аналогов гормонов насекомых, РНК-интерференция. В докладе будут представлены основные результаты исследований по изучению стратегий «нападения» и «защиты» при заражении насекомых грибами рода *Metarhizium* и *Beauveria*, а также подходы по снижению резистентности насекомых.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 24-16-00113



THREE NOVEL THERMOPHILIC BACTERIAL STRAINS, *THERMOBACULUM* SPP., FROM A HIGH-ALTITUDE GEOTHERMAL SPRING IN TAJIKISTAN

M.M. Dzhuraeva^{1*}, K.I. Bobodzhonova¹, N.K. Birkeland²

Center of Biotechnology of the Tajik National University, Dushanbe, Tajikistan
Department of Biological Sciences, University of Bergen, Bergen, Norway

* email: dmunavvara@bk.ru

Thermophilic bacteria are microorganisms that thrive at elevated temperatures. To recover thermophilic microorganisms and enzymes for industrial applications, a novel thermophilic bacterium belonging to the *Chloroflexi* phylum was isolated from geothermal spring (88°C; pH 7.4 and 93°C; pH 8.5) in the Tamdykul and Khodja-obi-garm geothermal region in Tajikistan, at an elevation of 2198 m and 1835 m. The isolate was an obligately aerobic, non-spore-forming rod, which formed pink colonies on R2A agar plates. The isolates, designated strains T2pink, T4pink and KhOGp, grew in the temperature range from 55 - 80°C, and at pH values ranging from 5 to 10. Based on the 16S rRNA gene sequence, it was identified as a member of the *Thermobaculum* genus, sharing 94.2% sequence identity with the only described species in this genus, *Thermobaculum terrenum*, recovered from a hot spring in the Yellowstone National Park, USA. Draft genome sequencing yielded 3,045,080 bp, 3,062,676 bp and 5,792,759 bp of unique sequence data distributed into 47, 21 and 44 contigs with an average GC content of 51.6%, 51.67% and 62.82% and with a genome completeness of 97.6% and 98.58%. Average nucleotide identity (ANI) and digital DNA - DNA hybridization (dDDH) values were (89.5% and 36.5%), (89.6% and 36.6%) respectively, demonstrating that strain T2pink, T4pink and KhOGp constitute a separate and distinct genome species, and the first reported thermophile from Tajikistan. It actively degraded cellulose, casein, starch, and amylase, and yielded positive results for a large number of hydrolytic enzymes e.g., C8 esterase lipase, lipase (C), amino acid arylamidases, β -galactosidase, glucuronidase, α -glucosidase, α -fucosidase at 65°C. Thermophilic bacteria found in Tajikistan's geothermal habitats are not only important for ecological research but also present industrial opportunities in biotechnology, bioenergy production, and environmental management.



ОСОБЕННОСТИ РАЗРАБОТКИ ВАКЦИН ДЛЯ ПРОФИЛАКТИКИ ФЛАВИВИРУСНЫХ ИНФЕКЦИЙ

И.В. Должикова^{1}*

¹ Федеральное государственное бюджетное учреждение «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф. Гамалеи»
Министерства здравоохранения Российской Федерации, Москва, Россия

* email: iv.dolzhikova@yandex.ru

Флавивирусные инфекции (клещевой энцефалит, лихорадка Западного Нила, желтая лихорадка, лихорадка денге и др.) представляют серьезную угрозу для здоровья человека и животных, что обуславливает высокую актуальность разработки эффективных и безопасных вакцин. В докладе будут рассмотрены современные подходы к созданию вакцин против флавивирусов. Отдельное внимание будет уделено особенностям формирования постинфекционного и поствакцинального иммунного ответа, а также новым биотехнологическим подходам, которые позволяют создавать безопасные вакцины для профилактики флавивирусных инфекций.



ИЗОЛЯЦИЯ, ГЕТЕРОЛОГИЧНАЯ ЭКСПРЕССИЯ И САЙТ-НАПРАВЛЕННЫЙ МУТАГЕНЕЗ КУТИНАЗЫ APCUT1 ИЗ МИЦЕЛИАЛЬНОГО ГРИБА *AUREOBASIDIUM PULLULANS*

Ф.К. Ермилов^{1*}, Е.В. Энейская¹, С.А. Панасенко¹, М.Г. Петухов¹, А.А. Кульминская¹,
И.А. Сизова¹

¹ Петербургский институт ядерной физики им. Б.П.Константинова Национального исследовательского центра «Курчатовский институт», Гатчина, Россия

* email: ermilov_fk@pnpi.nrcki.ru

Кутиназы представляют собой ферменты из группы гидролаз, основным субстратом которых является кутин. Однако, данные ферменты также могут быть использованы для разложения различных полимеров, таких как поликапролактон (PCL), который применяется в биомедицинской промышленности и является материалом для 3D-печати.

Целью данной работы является создание экспрессионной системы кутиназы из мицелиального гриба *Aureobasidium pullulans* на основе дрожжей *Komagataella phaffii* и повышение её PCL-деградирующей активности посредством сайт-специфического мутагенеза.

Для достижения цели работы была получена кодирующая последовательность гена кутиназы из *A. pullulans* ВКМ 1116 посредством анализа баз данных MucCosm и геномного ПЦР. Далее, после интеграции ApCUT1 в экспрессионный вектор K. phaffii pPICZ и трансформации последнего в клетки *K. phaffii*, были отобраны многокопийные клоны в результате селекции на твердой агаризованной среде с высокой концентрацией Зеоцина, устойчивость к которому коррелирует с количеством гетерологичных копий гена, интегрированных в хромосому. Отобранные клоны были выращены в жидкой среде с добавлением метанола с целью индукции экспрессии.

Предсказание аминокислотных замен, которые могут привести к повышению PCL-деградирующей активности у ApCUT1 произвели с помощью построения молекулярной модели на основе высокоомологичных кутиназ из *Cryptococcus* sp. S-2 (69%) и *Pseudozyma antarctica* (60%). В результате предположили, что аминокислотные замены Y77W, L205F, Y77W/L205F у ApCUT1 будут стимулировать кутиназную активность. Выбранные мутации были внесены в ApCUT1 посредством ПЦР и подтверждены секвенированием. Дальнейшие операции по трансформации и отбору клонов были проведены аналогично ApCUT1.

Полученные мутантные и исходный белки были охарактеризованы, был определен pH и температурный оптимумы, а также оценена кинетика ферментативных реакций. В результате, мутация Y77W является наиболее эффективной в отношении PCL-деградации кутиназы.



ОКСИД АЗОТА И S-НИТРОЗИЛИРОВАНИЕ БЕЛКОВ У ЦИАНОБАКТЕРИЙ

Ж.М. Залуцкая^{1*}, Т.В. Лапина¹, Л.Д. Аношкина¹, Е.В. Ермилова¹

¹ Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

* email: z.zalutskaya@spbu.ru

Оксид азота (NO) выступает в качестве сигнальной молекулы у зеленых водорослей и высших растений, регулируя многие физиологические процессы. Однако данных о способности прокариот с оксигенным фотосинтезом (цианобактерий) генерировать NO практически нет. Используя спектрофлуориметрический анализ и конфокальную микроскопию было показано, что одноклеточные цианобактерии *Synechococcus elongatus* PCC7942 и *Synechocystis* sp. PCC 6803 генерируют NO. Примечательно, что высшие растения и зеленые водоросли, в отличие от животных, как правило не используют типичный сигнальный модуль NO-cGMP; S-нитрозилирование белков считается одним из ключевых механизмов действия этой редокс-молекулы у фотосинтезирующих эукариот. С помощью Вестерн блоттинга и iodoTMT реагента нами впервые в мире выявлена способность белков *S. elongatus* PCC7942 и *Synechocystis* sp. PCC 6803 к посттрансляционной модификации (ПТМ) по типу S-нитрозилирования. *S. elongatus* PCC7942 использует S-нитрозилирование при достаточном для роста содержании азота в среде, но не в условиях голодания по азоту. Охарактеризована одна из мишеней данной ПТМ: ключевой фермент биосинтеза аргинина N-ацетил-L-глутаматкиназа (SyNAGK). Анализ рекомбинантной SyNAGK показал, что фермент S-нитрозилируется и ПТМ приводит к снижению его активности. Таким образом, получены принципиально новые знания о формировании редокс-регулируемых сетей у цианобактерий. Кроме того, результаты исследования свидетельствуют о том, что S-нитрозилирование является эволюционно консервативной ПТМ у организмов с оксигенным фотосинтезом.



ПЛАТФОРМА ДЛЯ СКРИНИНГА КОМБИНАТОРНЫХ БИБЛИОТЕК АНТИМИКРОБНЫХ ПЕПТИДОВ, АКТИВНЫХ В ОТНОШЕНИИ ГРАМОТРИЦАТЕЛЬНЫХ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ПАТОГЕНОВ

А.И. Калганова^{1*}, С.О. Пипия¹, С.С. Терехов¹

¹ Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова, РАН,
Москва, Россия

* email: kalganovanas@ibch.ru

Антибиотикорезистентность представляет собой одну из ключевых проблем современного здравоохранения, поскольку приводит не только к риску развития трудноизлечимых инфекций, но и осложняет проведение медицинских вмешательств из-за появления устойчивых штаммов. Кризис, связанный с ростом устойчивости к антибиотикам, во многом обусловлен сложностями поиска и разработки новых антибактериальных средств. В настоящее время существует лишь ограниченное число методов, позволяющих эффективно проводить скрининг перспективных противомикробных соединений. В данной работе продемонстрирована возможность осуществления скрининга комбинаторных библиотек антибактериальных веществ против ESKAPE бактериальных патогенов. Гетерологическая экспрессия антимикробных пептидов (АМП) осуществлялась в дрожжевых клетках *Pichia pastoris* GS115. Были подобраны условия кокультивирования клеток-продуцентов АМП с бактериями таргетами в жидкой питательной среде, а затем адаптированы для проведения внутри капель однократной бисовместимой эмульсии. В качестве мишени АМП использовались патогенные штаммы таких грамотрицательных бактерий, как *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter baumannii*. Формирование эмульсии типа вода в масле осуществлялось с использованием микрофлюидной капельной системы. Отбор активных вариантов пептидов проводился путем высева выживших дрожжевых клеток на селективную питательную среду. Полученные результаты показывают возможность использования платформы для высокопроизводительного скрининга антибактериальных соединений.

Исследование выполнено при поддержке Минобрнауки России Соглашение № 075-15-2024-536.



КЛУБЕНЬКОВЫЕ БАКТЕРИИ И ИХ РОЛЬ В РАЗВИТИИ СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА АРКТИКИ

Д.С. Карлов^{1}, И.Г. Кузнецова¹, П.В. Гуро¹, А.Л. Сазанова¹, Н.В. Черникова¹, А.А. Белимов¹,
В.И. Сафронова¹*

¹ Всероссийский НИИ сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

* email: ds.karlov@arriam.ru

В Государственной программе развития сельского хозяйства и регулирования рынков сельскохозяйственной продукции, сырья и продовольствия Арктическая зона выделена в качестве приоритетной территории опережающего развития с целью обеспечения продовольственной безопасности этого стратегически важного региона. В частности, устойчивое развитие животноводства и кормопроизводства на базе местных биологических ресурсов, адаптированных к сложным почвенно-климатическим условиям Арктики, позволит создать новые рабочие места и обеспечит местное население качественными и свежими продуктами питания, что будет способствовать повышению привлекательности северных территорий России. Значительной проблемой является недостаток местных кормовых ресурсов, что связано с интенсивным выпасом на ограниченных территориях и постоянной деградацией пастбищных угодий Севера. Поэтому формирование высокопродуктивных агрофитоценозов, неотъемлемой частью которых будут бобовые растения, образующие азотфиксирующий симбиоз с клубеньковыми бактериями, является необходимым условием распространения и устойчивого роста численности травоядных сельскохозяйственных животных в условиях изменения климата и кардинальной перестройки растительных экосистем на Крайнем Севере. Арктические ризобии являются уникальным генофондом и представляют интерес не только как объект практического использования, но и материал для фундаментальных исследований в области изучения эволюции и адаптации бобово-ризобияльного симбиоза к экстремальным почвенно-климатическим условиям. Перспективным является использование штаммов клубеньковых бактерий при производстве микробных препаратов с целью создания высокопродуктивных пастбищных и сенокосных многокомпонентных фитоценозов в условиях Арктики. В тоже время вопросы биоразнообразия клубеньковых бактерий арктических территорий и эффективности их симбиотического взаимодействия с бобовыми растениями остаются в мире и в России, в частности, практически не изученными.



РЕМОДЕЛИРОВАНИЕ СИМБИОТИЧЕСКОЙ ПОВЕРХНОСТИ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ РИЗОБИЙ И БОБОВЫХ

Е.А. Киричек^{1*}, А.В. Цыганова¹, В.Е. Цыганов¹

¹ ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

* email: e.kirichek@arriam.ru

Бобово-ризобиальный симбиоз – это процесс, включающий развитие нового органа, симбиотического клубенька, и колонизацию его клеток ризобиями. Выделяют два основных типа клубеньков: детерминированные (формирующиеся в результате делений наружных слоев коры корня), которые чаще встречаются у тропических Бобовых, и недетерминированные (образующиеся при делении клеток внутренних слоев коры и перицикла) – у Бобовых умеренного климата.

Когда ризобии проникают в растительные клетки, происходит сложная перестройка как их поверхностных структур (клеточной стенки и экзополисахаридной капсулы), так и компонентов апопласта (клеточной стенки и внеклеточного матрикса), приводящая к формированию симбиотической поверхности взаимодействия (интерфейса). Симбиотический интерфейс находится в постоянном онтогенетическом и пространственном ремоделировании.

В ходе данной работы ремоделирование симбиотической поверхности взаимодействия было изучено у растений, образующих клубеньки детерминированного (соя уссурийская – *Glycine soja*, соя культурная – *Glycine max*) и недетерминированного (горох посевной – *Pisum sativum*, соловка уральская – *Glycyrrhiza uralensis*, вавилония прекрасная – *Vavilovia formosa*) типов. Методами флуоресцентной микроскопии проанализирована локализация пектинов (гомогалактуронана, рамногалактуронана I), ксиллоглюканов, арабиногалактановых белков. В результате были выявлены как общие, так и специфичные (включая видо- и штаммоспецифичные) черты ремоделирования растительно-микробной поверхности взаимодействия при формировании и функционировании симбиотических клубеньков изученных видов Бобовых. Кроме того, ряд обнаруженных изменений может расцениваться как проявление защитного ответа со стороны растения на неэффективный симбиоз.

Работа поддержана грантом РФФ 23-16-00090.



КОНТРОЛЬ ГРИБНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ ЧЕРНОЙ СМОРОДИНЫ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ПЕРСПЕКТИВНЫХ ШТАММОВ БАКТЕРИЙ *P. BACILLUS*, ВЫДЕЛЕННЫХ В ЗАПАДНОЙ СИБИРИ

А.С. Козлова^{1*}, Т.В. Шпатова¹, В.С. Масленникова¹, Е.В. Шелихова^{1,2}, К.А. Табанюхов^{1,2},
И.М. Дубовский¹, М.В. Штерншиус¹

¹ ФГБОУ ВО Новосибирский ГАУ, Новосибирск, Россия

² Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины СО
РАН, Новосибирск, Россия

* email: AnastasiaKozlova970711@ya.ru

В связи с возрастающим уровнем негативного влияния химических средств защиты растений и появлению устойчивых форм фитопатогенов, растет спрос на применение экологически безопасных средств защиты растений, в основе которых используются микроорганизмы, проявляющие антагонистическую активность к патогенным организмам. К таким представителям относятся бактерии р. *Bacillus*, которые широко применяются для создания биологических средств защиты растений и имеют высокую эффективность в подавлении возбудителей заболеваний.

В 2024г нами проведены полевые испытания экспериментальных биопрепаратов (Фитоп 8.1, 8.67, 4.70 и 14.72) на основе различных штаммов бактерий р. *Bacillus* против грибных заболеваний черной смородины (септориоза и антракноза). В лабораторных исследованиях определяли комплекс биохимических показателей листьев через месяц после проведения обработок смородины против заболеваний.

Использование биопрепаратов в полевых условиях позволило длительный период сдерживать пораженность листьев смородины болезнями. При этом развитие септориоза и антракноза снижалось в 2,2-2,8 и более раз в зависимости от биопрепарата. Биологическая эффективность применения биопрепаратов варьировала от 62 до 73% в зависимости от заболевания и используемого препарата.

В ходе лабораторных исследований были выявлены изменения в ферментативной активности и концентрации пигментов в листьях смородины. Под влиянием биопрепаратов отмечено достоверное увеличение концентрации хлорофилла а и b, каротиноидов, а также рост активности гваякол-зависимой пероксидазы и малонового диальдегида, что согласуется с данными по снижению пораженности смородины заболеваниями.

Таким образом, продемонстрирована перспективность применения биопрепаратов на основе различных штаммов бактерий р. *Bacillus*, которые в течение длительного периода вегетации снижали пораженность листьев смородины грибными болезнями. Показана также взаимосвязь биохимических изменений в листьях защищаемой культуры с развитием заболеваний.



ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ВЫСОКОВИРУЛЕНТНЫХ ШТАММОВ *BACILLUS THURINGIENSIS*, ПОЛУЧЕННЫХ ПУТЕМ ПАССАЖЕЙ ЧЕРЕЗ НАСЕКОМОГО-ХОЗЯИНА

Т.И. Крыцына^{1*}, Е.В. Гризанова¹

¹ Новосибирский государственный аграрный университет, Новосибирск, Россия

* email: krytsyna@list.ru

Бактерии *Bacillus thuringiensis* (*Bt*) являются основой биопрепаратов для защиты растений от насекомых – вредителей. Научные работы, направленные на изучение и повышение вирулентности бактерий *Bt* решают важные задачи, такие как борьба с потерей вирулентности бактерий при промышленном культивировании, преодоление резистентности насекомых, расширение ассортимента биопрепаратов и повышение экономической эффективности их применения.

Ранее научной группой Лаборатории биологической защиты растений и биотехнологии НГАУ были получены высоковирулентные штаммы *Bt*, с помощью пассажей бактерий через чувствительную и устойчивую к *Bt* популяцию *G. mellonella*. Вирулентность пассированных бактерий увеличилась от 50 до 600 раз (в зависимости от штамма) по отношению к чувствительной линии насекомых. Полногеномное секвенирование штаммов не выявило значительных изменений в ключевых генах, связанных с вирулентностью, однако показало наличие нескольких однонуклеотидных замен в генах, связанных с прорастанием спор, генах ферментов и других. По генам с миссенс-мутациями у пассированных штаммов показаны различия по уровню экспрессии относительно исходного штамма.

Все высоковирулентные штаммы *Bt* были охарактеризованы по скорости роста на ИПС. Показаны различия в экспрессии ключевых генов, связанных с вирулентностью, в том числе *Cry*-токсинов, металлопротеаз, хитиназ, коллагеназ, фосфолипаз, пептидаз и регуляторных белков «чувства кворума».

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФ № 24-16-00113.



ОЦЕНКА ВЛИЯНИЯ АРБУСКУЛЯРНОЙ МИКОРИЗЫ И ДЕФИЦИТА ВОДЫ НА ЭКСПРЕССИЮ ГЕНОВ АКВАПОРИНОВ В МОДЕЛЬНОМ РАСТЕНИИ *MEDICAGO LUPULINA*

А.А. Крюков^{1}, Т.Р. Кудряшова¹, А.П. Юрков¹*

¹ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии,
Санкт-Петербург, Россия
* email: rinniar@rambler.ru

Большинство наземных растений образуют симбиоз с грибами арбускулярной микоризы (АМ). Грибы помогают растениям усваивать минеральные вещества, улучшают водное питание растения-хозяина, повышают выживание растений в условиях засухи. Проведено оригинальное исследование, включающее оценку экспрессии 33 генов аквапоринов при развитии АМ-симбиоза и в условиях его отсутствия на примере люцерны хмелевидной в условиях засухи. В листьях на 21 сутки показано достоверное увеличение экспрессии генов NIP 3.1, NIP4.2, TIP2.2, TIP 5.1, достоверное снижение для – TIP 1.1, TIP1.4, TIP 2.3, TIP 4.1, специфическая экспрессия для – NIP 7.1, TIP 3.1. В корнях на 21 сутки показано достоверное увеличение экспрессии генов NIP 1.2, NIP1.5, TIP2.1, достоверное снижение для – NIP 2.1, NIP 3.1, PIP 1.4, TIP 3.1, XIP 1.1, специфическая экспрессия для – NIP 4.2. Заметно, что некоторые гены, например, NIP 3.1 работают с разной направленностью экспрессии в корнях или листьях при тех же условиях. В варианте оценки в листьях на 47 сутки показано достоверное увеличение экспрессии генов NIP 3.1, NIP5.1, PIP 1.4, TIP2.3, достоверное снижение для – NIP 1.2, NIP 1.5, NIP 2.1, NIP 4.2, PIP 1.3, PIP 2.3, SIP 1.3, TIP 1.1, TIP 2.2, TIP 4.1, специфическая экспрессия для – NIP 7.1, TIP 5.1, XIP 1.1. На 47 сутки в корнях не было генов с достоверным умеренным повышением экспрессии, но 2 гена имеют специфическую экспрессию в микоризных вариантах при ее отсутствии без микоризации – это гены NIP4.1, NIP7.1, пониженную экспрессию показали гены – NIP 1.3, NIP 2.1, NIP5.1, NIP6.1, PIP 1.3, PIP 2.5, SIP 1.3, TIP 1.4, TIP 2.1, TIP 2.2, TIP 2.3, TIP 4.1, TIP 5.1, XIP 1.1. Ключевыми генами, вероятно принимающими активное участие в развитии эффективного АМ-симбиоза, являются 6 генов со специфической экспрессией: NIP4.1, NIP 4.2, NIP 7.1, TIP 3.1, TIP 5.1, XIP 1.1. Это исследование способствует пониманию ключевых механизмов взаимодействия растений с грибами АМ.

Работа выполнена с финансированием гранта РФФ 24-26-00181.



СТИМУЛИРУЮЩИЕ РОСТ РАСТЕНИЙ РИЗОСФЕРНЫЕ БАКТЕРИИ И ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ИХ СВОЙСТВ

Е.В. Крючкова^{1*}, Г.Л. Бурьгин¹

¹ Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов,
ФИЦ «Саратовский научный центр РАН», Саратов, Россия

* email: kryu-lena@yandex.ru

Настоящая работа посвящена обобщённому анализу фенотипических и генетических свойств ризосферных бактерий, изолированных и охарактеризованных ранее нашим коллективом. Исследование охватило как эндофитных, так и эпифитных представителей, выделенных с корней различных растений, принадлежащих к родам *Pseudomonas*, *Enterobacter*, *Agrobacterium*, *Ochrobactrum* и *Achromobacter*. Геномный анализ будет направлен на выявление и изучение филогенетического взаимодействия генов, кодирующих признаки эндофитной колонизации, например, такие как подвижность, способность к деградации клеточной стенки, инактивация активных форм кислорода. А также будут проанализированы гены их структурная организация и биохимические пути, обеспечивающие канонические ррр свойства: сольюбилизацию фосфатов, синтез ауксина, снижение уровня этилена, ремобилизацию железа сидерофорами, кворум-сенсинг, биосинтез антифунгицидных соединений. Знания о наличии, особенностях структурной организации генов и оперонов, отвечающих за ррр свойства являются основой для создания биотехнологически-перспективных бактериальных препаратов для растений.



ГЕНЫ-МАРКЕРЫ ЭФФЕКТИВНОГО СИМБИОЗА РАСТЕНИЙ С ГРИБАМИ АРБУСКУЛЯРНОЙ МИКОРИЗЫ

Т.Р. Кудряшова^{1,2*}, А.А. Крюков¹, А.П. Юрков¹

¹ ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Пушкин, Санкт-Петербург, Россия

² ФГАОУ ВО «Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого», Санкт-Петербург, Россия

* email: tahacorfu@yandex.ru

Грибы арбускулярной микоризы (АМ), играют важную роль в наземных экосистемах, усиливая питание растений, особенно фосфорное, повышая адаптацию растений к стресс-факторам среды биотической и абиотической природы, принимая участие в восстановлении нарушенных земель. Помимо защиты растений от патогенов, грибы АМ в условиях засухи регулируют расход воды в растении с помощью изменения экспрессии генов аквапоринов у растения. На территории Российской Федерации вид люцерны хмелевидной, *Medicago lupulina* L. subsp. *vulgaris* Koch. — один из наиболее значимых сельскохозяйственных культур для кормопроизводства. Люцерна хмелевидная является сидератной и кормовой культурой, применяется в ремедиации нарушенных земель, обеспечивает минерализацию растительных остатков. В настоящее время ведется активная разработка биопрепаратов – усилителей роста растений на основе этих грибов.

Нами были проанализированы относительные уровни экспрессии генов из трех ключевых семейств (SWEET, AQP, PHT) у модельного растения *M. lupulina*, а именно линии MIS-1 (экологически облигатно-микотрофной линии в условиях низкого уровня Рд), селектированной из сортопопуляции ВИК32. Растения были микоризованы высокоэффективным штаммом гриба АМ RCAM00320 R. *irregularis*. Уровни экспрессии были проанализированы в ключевые стадии онтогенеза растения-хозяина при различных условиях (разные уровни биодоступного фосфора в субстрате, недостаток влаги). Проведена нормализация уровня экспрессии по циклу выхода гена интереса с референсным геном, а затем – к контрольному значению в варианте без микоризы.

По проведенным исследованиям гены-кандидаты в маркеры эффективного АМ симбиоза из семейства фосфорных транспортеров - MIP4, транспортеров углеводов - MISWEET1b, MISWEET3c и MISWEET16, аквапоринов – NIP2.1, NIP 4.2. Эти гены рекомендуются к применению для тестирования эффективности АМ-симбиозов в полевых условиях с целью проверки качества биопрепаратов.

Работа выполнена при поддержке РФФ 24-26-00181.



ВЛИЯНИЕ ХИМИЧЕСКИХ ФУНГИЦИДОВ НА ЖИЗНЕСПОСОБНОСТЬ КЛУБЕНЬКОВЫХ БАКТЕРИЙ СОИ

Ю.В. Лактионов^{1*}, Ю.В. Косильников¹

¹ ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Пушкин, Санкт-Петербург, Россия

* email: laktionov@arriam.ru

В современном сельском хозяйстве особое внимание уделяется совместимости агрохимикатов с биологическими агентами, в том числе клубеньковыми бактериями, играющими ключевую роль в биологической фиксации атмосферного азота у бобовых культур. Эффективность симбиотического взаимодействия между растениями и клубеньковыми бактериями напрямую влияет на продуктивность и устойчивость агроэкосистем, особенно при возделывании сои.

В рамках проведенного исследования была дана комплексная оценка влияния четырёх химических фунгицидов – «Депозит, МЭ», «Депозит Суприм, МЭ», «Бенефис, МЭ» и «Бенефис Суприм, МЭ» – на жизнеспособность трёх штаммов клубеньковых бактерий сои: RZ300, 634 и 640.

Установлено, что все изучаемые препараты оказывают выраженное негативное воздействие на клубеньковые бактерии, снижая их жизнеспособность и активность. При этом были зафиксированы различия в степени токсичности между отдельными фунгицидами, а также в чувствительности изучаемых штаммов. Установлено, что формуляции в виде масляной эмульсии (МЭ) более токсичны по сравнению с ранее изученными пестицидами в препаративной форме концентрат суспензии (КС) и водно-суспензионный концентрат (ВСК).

Полученные данные подчёркивают необходимость обязательного учёта потенциальной несовместимости химических фунгицидов с полезной микробиотой при разработке агротехнологических схем. Применение фунгицидов без предварительной оценки их влияния на клубеньковые бактерии может снижать эффективность биологических удобрений, нарушать формирование симбиоза и, как следствие, отрицательно сказываться на урожайности сои и устойчивости растений к стрессам.

Результаты исследования могут быть использованы для совершенствования интегрированных систем защиты растений и разработки рекомендаций по безопасному совмещению химических и биологических средств в технологии возделывания сои.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 25-26-00242).



БИОКОНТРОЛЬНОЕ ВОЗДЕЙСТВИЕ РИЗОБАКТЕРИИ *PSEUDOMONAS FLUORESCENS* 2137 НА ВЗАИМОТНОШЕНИЯ РАСТЕНИЙ ЯЧМЕНЯ И ФИТОПАТОГЕНА *FUSARIUM CULMORUM*

М.И. Лебединский^{1*}, В.Ю. Шахназарова¹, Д.С. Сырова¹, Н.А. Вишневская¹, А.И. Шапошников¹,
Е.В. Бородина¹, О.К. Струнникова¹, О.С. Юзихин¹, А.А. Белимов¹

¹ ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии», Санкт-Петербург, Россия

* email: lebedin21@bk.ru

Fusarium culmorum вызывает корневые и стеблевые гнили, а также фузариоз колоса зерновых культур. Одним из агентов биоконтроля фузариозной корневой гнили является *Pseudomonas fluorescens* 2137 (Pf2137). Биоконтроль Pf2137 может быть связан с индукцией иммунного ответа у ячменя или с подавлением этим штаммом синтеза грибом *F. culmorum* 30 (Fc30) микотоксинов, в продукции которых задействован ген TRI13. Для прояснения механизма биоконтроля Pf2137 мы оценили уровень экспрессии генов хозяйской защиты LOX, PAL, PR1, PR4 и гена TRI13 в корнях ячменя, инфицированного только Pf2137, только Fc30 и совместно грибом и бактерией. В присутствии Pf2137 синтез грибом токсинов не только не уменьшался, но в отдельные дни эксперимента даже увеличивался. При этом количество больных растений ячменя снижалось с 85% до 15% в присутствии Pf2137. Возможно, Pf2137 обезвреживает микотоксины или индуцирует эту способность у ячменя. Pf2137 увеличил уровень экспрессии только гена LOX на 4-е сутки. Колонизация корней грибом Fc30 сопровождалась индукцией на более высоком уровне генов LOX на 3-и и 4-е сутки и PAL на 1-е, 4-е и 11-е сутки. Совместная колонизация активировала экспрессию генов LOX, PAL, PR1 и PR4 уже на 1-е сутки после инфицирования по сравнению с контрольными растениями. Одновременное увеличение уровня экспрессии генов PAL и LOX подтверждало участие как салицилатного, так и жасмонатного сигнальных путей в индукции устойчивости ячменя к гембиотрофному патогену Fc30. Ризобактерия Pf2137 активирует защитные реакции фитоиммунитета уже в суточных корнях, но только в присутствии Fc30. Таким образом, защитное действие Pf2137 обусловлено ранней активацией всех изучаемых защитных генов ячменя. Pf2137 существенно уменьшает заболеваемость ячменя даже при активизации синтеза грибом трихотеценов, что позволяет рассматривать этот штамм в качестве перспективного агента биоконтроля фузариозов зерновых культур.

Работа поддержана проектом РНФ № 24-16-00166.



СИСТЕМЫ АНТИФАГОВОЙ ЗАЩИТЫ БАКТЕРИЙ *AEROMONAS VERONII*

С.И. Леонович^{1*}, А.В. Сидоренко¹

¹ Институт микробиологии НАН Беларуси, Минск, Беларусь

* email: mnemozina176@gmail.com

Бактерии рода *Aeromonas* обитают в водной среде и являются условными патогенами рыб, вызывая такие заболевания как геморрагическая септицемия и язвенная болезнь. В связи с широким распространением антибиотикоустойчивости среди аэромонад, фаговая терапия рассматривается как альтернатива применению антимикробных препаратов для профилактики и лечения аэромонадных инфекций в рыбоводческих хозяйствах.

Цель данной работы – исследование систем антифаговой защиты в геномах бактерий *A. veronii*.

С помощью программы PADLOC (v 2.0.0) проанализировано 54 полных генома бактерий вида *A. veronii* из базы данных ГенБанк на наличие генетических детерминант систем антифаговой защиты.

Наиболее распространенными системами антифаговой защиты с известным механизмом действия для *A. veronii* являлись системы abortивной инфекции (74% геномов) и рестрикции-модификации (81%). Среди них преобладали системы CBASS (15%), Gabija (17%) и Lamassu (20%), а также системы рестрикции и модификации I и IV типов (72% и 52% геномов, соответственно). Также в 39% исследуемых геномов выявлены системы, воздействующие на ДНК фагов, из которых чаще присутствовали системы Kiwa и Septu (в 24% геномов). Наиболее редко в геномах аэромонад детектировались ретроны (9%), гены вилперинов (9%) и система Juk (4%). Наиболее известная адаптивная иммунная система бактерий CRISPR-Cas была выявлена в 22% геномов аэромонад. Кроме этого, в 89% геномов были предсказаны генетические детерминанты противофаговых систем защиты с ещё неизвестным механизмом действия, среди которых наиболее распространенной являлась система SoFic (61%). Для 72% штаммов было характерно наличие 5 или более известных на данный момент систем антифаговой защиты.

Из представленных данных видно, что бактерии *A. veronii* используют различные механизмы защиты от фагов, причем разные штаммы значительно отличаются по присутствующим в геноме детерминантам систем антифаговой защиты. Полученные данные расширяют знания о системах защиты против фагов у вида *A. veronii*.



ФЕРМЕНТЫ УГЛЕВОДНОГО ОБМЕНА *BIFIDOBACTERIUM LONGUM* БИМ В-813 Д

А.Н. Морозова^{1*}, Н.А. Голознева¹

¹ Институт микробиологии Национальной академии наук Беларуси, г. Минск, Республика Беларусь

* email: bifidoby@yandex.by

Молекулярно-генетический анализ генов, кодирующих белки, вовлеченные в углеводный метаболизм, в дополнение к физиолого-биохимическим исследованиям, способствует более детальному изучению особенностей углеводного обмена бифидобактерий. Процессы, связанные с катаболизмом олиго- и полисахаридов растительного и животного происхождения базируются на реакциях, осуществляемых гликозил-гидролазами, ABC транспортерами сахаров и компонентами фосфотрансферазной системы. Ферменты углеводного обмена классифицированы с использованием базы данных CAZy (www.cazy.org). В геноме *Bifidobacterium longum* БИМ В-813 Д выявлено 27 семейств гликозил-гидролаз (GH), 9 семейств трансфераз, 2 семейства эстераз. Большинство GH принадлежат семействам GH13 (α -глюкозидазы) и GH43 (α -арабинофуранозидазы и β -ксилозидазы), которые гидролизуют широкий спектр углеводов растительного происхождения: крахмал, трегалозу, стахиозу и т.п. Ферменты, относящиеся к семействам GH20, GH38, GH112, GH125 и GH129, участвуют в гидролизе поли-/олигосахаридов с O-гликозидными связями организма хозяина. Выявлены гены шести β -галактозидаз (GH2 и GH42) и двух α -галактозидаз (GH36). Идентифицированы *in vitro* α -галактозидаза и три β -галактозидазы, синтезируемые независимо от источника углерода в среде культивирования *B. longum* БИМ В 813 Д.

Определена локализация ферментов углеводного обмена *B. longum* БИМ В-813 Д (www.psort.org). Большая часть GH являются внутриклеточными, однако выявлены белки, имеющие внеклеточную локализацию: внеклеточные гликозил-гидролазы GH43 (H8S96_09035, H8S96_08895, H8S96_09085, H8S96_00670 и H8S96_08910) и одна α -L-арабинофуранозидаза GH51.

Идентифицированы факторы транскрипции семейства LacI, координирующие экспрессию генов, участвующих в утилизации углеводов, а также первичные (ABC) и вторичные (MFS) транспортеры, являющиеся связующим звеном углеводного метаболизма исследуемых бактерий.

Широкий спектр GH является ключевым фактором адаптации *B. longum* БИМ В 813 Д к условиям ЖКТ.



ДИФФЕРЕНЦИРОВКА БАКТЕРОИДОВ В КЛУБЕНЬКАХ СОИ УССУРИЙСКОЙ (*GLYCINE SOJA*) ПРИ ВОЗДЕЙСТВИИ АБИОТИЧЕСКИХ СТРЕССОВЫХ ФАКТОРОВ

В.С. Перцев^{1*}, А.Б. Китаева², П.Г. Кусакин², В.Е. Цыганов²

¹ Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

² Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии,
Санкт-Петербург, Россия

* email: v.pertsev@arriam.ru

Соя уссурийская (*G. soja*), родственный вид сои культурной (*G. max*), является потенциальным источником генов устойчивости к различным стрессовым факторам. Известно, что оба вида сои способны вступать в симбиотические отношения с различными видами ризобий с образованием детерминированных клубеньков, в которых бактериоды остаются малодифференцированными и сохраняют способность к размножению. Однако, недавно проведенное исследование показало, что в клубеньках *G. soja* при пониженной температуре выращивания могут образовываться бактериоды, значительно различающиеся по размеру. Было выдвинуто предположение, что удлинение бактериодов у сои является ответом на стрессовые факторы и опосредовано синтезом пептидов с антимикробной активностью. В данном исследовании показано, что при выращивании *G. soja*, инокулированной штаммами *Bradyrhizobium liaoningense* 04656, *Bradyrhizobium japonicum* 2490, *Sinorhizobium fredii* 04654 в условиях оптимальной температуры (28°C) и пониженной (21 и 18°C) бактериоды в клубеньках различались по длине. В клубеньках растений, выращенных при 21°C, отдельные бактериоды значительно увеличивались в размерах по сравнению со свободноживущими бактериями. При температурах 18 и 28°C вариация в размерах бактериодов была выражена слабее. Выращивание растений в условиях засухи и засоления не привело к изменению в вариации длины бактериодов. Было выявлено повышение нитрогеназной активности в клубеньках растений, выращенных при пониженной температуре (21°C). Также были показаны значительные различия в дифференциальной экспрессии генов в клубеньках растений, выращенных при 28 и 21°C. При 21°C повышались уровни экспрессии генов различных семейств цистеин-богатых пептидов для некоторых из них была предсказана антимикробная активность.



ДРОЖЖЕВОЕ БИОРАЗНООБРАЗИЕ ПОЧВ ОСТРОВОВ СЕВЕРНЫХ КУРИЛ

А.Н. Полякова^{1*}, А.В. Качалкин¹

¹ Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Факультет Почвоведения,
Кафедра Биологии почв, Москва, Россия

* email: polyakovaan@my.msu.ru

Курильские острова остаются малоизученным регионом с точки зрения дрожжевого биоразнообразия. Последние исследования проводились в 1986 г. (остров Южных Курил - Кунашир), где был описан эндемичный вид *Kazachstania kunashiriensis*. Наша работа впервые охватила почвы четырёх северных островов: Атласова, Парамушир, Шумшу и Онекотан. Изучены вулканические сухоторфянистые, слоисто-пепловые, охристые (включая оподзоленные) почвы. Для выделения дрожжей использовали 5 селективных сред - глюкозо-пептонно-дрожжевой агар, среда Эшби, осмофильный агар, олиготрофная среда, среда для липомицетов. Из 173 штаммов, более половины получены со среды для липомицетов, причём максимальная численность (до 200.000 КОЕ/г) зафиксирована на Парамушире. Видовая идентификация методом MALDI-TOF MS и секвенирования ITS-LSU выявила 26 видов, включая новый вид *Colacogloea* sp. и новый для России вид *Mrakia hoshinonis*. 173 белковых профиля добавлены в базу «Biotyper», 49 культур — в коллекцию КБП. В вулканических сухоторфянистых почвах на островах Атласова и Шумшу доминируют психрофильные базидиомицеты (*Holtermanniella*, *Leucosporidium*, *Naganishia*, *Vishniacozyma*), что коррелирует с более суровым климатом, чем на остальных островах. На Онекотане в вулканических слоисто-пепловых, как на более южном острове, аскомицетовые дрожжи составляли треть, а из базидиомицетов преобладали дрожжи родов *Solicoccozyma*, *Candida* и *Rhodotorula*. В вулканических охристых, включая оподзоленных, почвах Парамушира преобладали дрожжи родов *Naganishia*, *Holtermanniella*, *Solicoccozyma* и *Candida*. Многокомпонентный анализ (PCA) выявил, что 43% дисперсии связано с типом почвы и численностью дрожжей. Группировки Парамушира и Шумшу частично перекрываются, тогда как сообщества островов Атласова и Онекотан обособлены. Обнаружена высокая мозаичность дрожжевых сообществ: 14 уникальных видов на Парамушире, 4 — на Атласова, 2 — на Шумшу, 1 — на Онекотане.



КОЛЛЕКЦИЯ КУЛЬТУР БАЗИДИОМИЦЕТОВ БОТАНИЧЕСКОГО ИНСТИТУТА ИМ. В.Л. КОМАРОВА: ДОСТИЖЕНИЯ И ПЕРСПЕКТИВЫ РАЗВИТИЯ

С.В. Сенник^{1*}

¹ Ботанический институт им. В.Л. Комарова РАН, Санкт-Петербург, Россия

* email: senik_sv@mail.ru

Коллекция культур базидиомицетов БИН РАН (LE-BIN) – уникальный научный ресурс, созданный в 1955 г. для изучения биологически активных соединений грибов. Ее становление связано с исследованиями *Inonotus obliquus* и участием в создании медицинского препарата Бефунгин. С середины 1990-х годов стратегия развития коллекции направлена на сохранение биоразнообразия *ex situ*: она пополняется не только штаммами редких, охраняемых и биотехнологически значимых видов, но и изолятами тривиальных видов широкого географического разнообразия, а также видами, адаптированными к экстремальным условиям обитания. В последние годы благодаря государственной поддержке (проекты БРК) фонд пополнился 600 новыми штаммами. На 1 апреля 2025 года коллекция включает 4115 штаммов 906 видов из 410 родов, причем 98% составляют грибы из отдела *Basidiomycota* (97 семейств). Для сохранения культур используются три метода: суб-культура и под водой при 4°C, а также криоконсервация при -80°C. Проводится планомерное генотипирование фонда. Научные исследования коллекции охватывают несколько направлений. Скрининг 550 штаммов выявил высокую оксидоредуктазную активность у 70% видов, причем штаммы *Steccherinum ochraceum* представляют особый интерес как продуценты термостабильных лакказ. Значительное внимание уделяется тропическим грибам Вьетнама – в коллекцию введено 875 вьетнамских штаммов, из которых 327 генотипированы, выявлены штаммы с высокой оксидазной, целлюлолитической и протеолитической активностями. Важным направлением остаётся исследование липидов, стероидов и вторичных метаболитов, в том числе тритерпенов. Проводятся долгосрочные эксперименты для исследования биохимических механизмов вырождения штаммов. Перспективы развития исследований на базе коллекции включают создание генетически модифицированных штаммов макромицетов для исследовательских целей. Таким образом, коллекция LE-BIN продолжает оставаться важной ресурсной базой для исследований в области биотехнологии, медицины и экологии.



ХАРАКТЕРИСТИКА КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ *LACTOCOCCUS GARVIEAE*, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ ВОДЫ И ОРГАНИЗМА РАДУЖНОЙ ФОРЕЛИ

Н.А. Сидорова^{1*}, А.И. Савушкин¹

¹ Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования "Петрозаводский государственный университет", Петрозаводск, Россия

* email: vanlis@petsu.ru

Lactococcus garvieae является возбудителем лактококкоза, геморрагической септицемии у рыб. Вирулентность микроорганизма опосредована кластером генов капсулы (CGC), гемолизина (hly1 и hly2), кластерами адгезинов и генов, отвечающих за синтез супероксиддисмутазы (sod) и енолазы (eno). Sod контролирует выживание бактерий при респираторном взрыве, eno – поверхностно экспрессируемый металлофермент способствует патогенезу (Türe и Altinok, 2016). Зарегистрированные случаи выделения микроорганизма из микрофлоры воды и пищевых продуктов мясного и растительного происхождения, эпизоотические вспышки, возможность заражения человека указывают на необходимость подробного изучения биологических свойств этого возбудителя.

Выделение *L. garvieae* в чистую культуру и изучение биологических свойств клинических изолятов было выполнено во время вспышки лактококкоза на некоторых водоемах бассейна Ладожского озера осенью 2024 г. Микробиологический анализ проводили согласно рекомендациям Diagnostic manual for Aquatic animal diseases (2005). Для идентификации использовали технологию MALDI-TOF. В результате выполненного исследования обнаружена ферментативная активность возбудителя в отношении сорбитола, маннитола, целлобиозы, галактозы, D-глюкозы, мальтозы, D-маннозы и лактозы. Отмечена способность к росту в температурном диапазоне от 4 °C до 45°C, синтез гемолизина α , неспецифическое связывание иммуноглобулинов. При оценке чувствительности к 40 противомикробным препаратам, была выявлена резистентность для 19 препаратов. К клиническим симптомам инфекции у исследуемых экземпляров форели были отнесены анорексия, меланоз, экзофтальм и нарушение координации. При вскрытии выявлены накопление экссудата в целомической полости, некроз печени, кровоизлияния и петехии. Дальнейшие исследования будут связаны с изучением влияния температуры и накопления биогенов на динамику распространения возбудителя в водоемах.

Исследование выполнено при поддержке гранта РФФИ № 322-23 (Соглашение № 23-16-20026).



СрG-МЕТИЛИРОВАНИЕ ПРОМОТОРНЫХ ОБЛАСТЕЙ ГЕНОВ *CCR5* И *CXCR4*: ЭПИГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОНТРОЛЬ ВИЧ-ИНФЕКЦИИ

К.В. Сикамов^{1,2*}, *А.С. Есьман*¹

¹ ФБУН Центральный НИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва, Россия.

² Московский физико-технический институт (НИУ), Москва, Россия.

* email: sikamov2000@gmail.com

Введение. Эпигенетические изменения могут влиять на латентность и устойчивость вируса иммунодефицита человека (ВИЧ). Гены *CCR5* и *CXCR4*, кодирующие корецепторы для проникновения ВИЧ-1 в клетки, играют ключевую роль в прогрессировании инфекции. Изучение уровня метилирования их промоторных областей может помочь понять механизмы регуляции экспрессии этих генов и их влияние на персистенцию вируса.

Цель. Разработка и применение методики оценки метилирования CpG-сайтов в промоторных областях *CCR5* и *CXCR4* у людей живущих с ВИЧ (ЛЖВ) до и после начала антиретровирусной терапии (АРТ), а также сравнение с группой неинфицированных лиц.

Методы. В исследовании рассматривались 17 ЛЖВ, с отбором образцов биологического материала на 0, 24 и 48 неделях терапии, а также 27 неинфицированных лиц. ДНК выделяли из цельной венозной крови, проводили бисульфитную конверсию и обогащали промоторные регионы *CCR5* и *CXCR4* генов при помощи ПЦР. Проводили пиросеквенирование и секвенирование по методу Сэнгера. Метилирование CpG-сайтов оценивалось как отношение интенсивности пиков хроматограммы: C/(C+T). Для определения тропизма ВИЧ секвенировали V3-регион белка gp120. Количество CD4+T-клеток определяли с помощью проточной флюориметрии. Количество копий ДНК ВИЧ-1 на клетку детектировали количественной ПЦР-тест системой.

Результаты. Промотор *CXCR4* оставался гипометилированным, в то время как в промоторе *CCR5* наблюдалась вариабельность уровня метилирования. Уровень метилирования CpG1 в *CCR5* значительно снижался к 48-й неделе АРТ, а CpG3 в *CXCR4* – к 24-й неделе. Различия между пациентами с ВИЧ и контрольной группой оказались статистически значимыми ($p < 0.01$). У пациентов с X4-тропным ВИЧ уровень метилирования *CXCR4* был ниже, чем у пациентов с R5-тропным вирусом.

Выводы. Метилирование промоторов *CCR5* и *CXCR4* динамически изменяется на фоне АРТ, что может оказывать влияние на экспрессию этих генов и, как следствие, на персистенцию ВИЧ.

Публикация: Esman A.S., et al. (2025). DOI: 10.3390/v17040465"



ГРИБЫ РОДА *EMERICELLOPSIS* КАК ПОТЕНЦИАЛЬНЫЕ ПРОДУЦЕНТЫ НОВЫХ АНТИБИОТИКОВ

В.В. Соколов^{1*}, М.Л. Георгиева², В.С. Садыкова¹

¹ ФГБНУ "Научно-исследовательский институт по изысканию новых антибиотиков имени Г.Ф. Гаузе", Москва, Россия

² Московский государственный университет имени М. В. Ломоносова, Биологический факультет, Москва, Россия

* email: sokolov.mycology@gmail.com

Мицелиальные грибы рода *Emericellopsis* (*Bionectriaceae*, *Hypocreales*, *Ascomycota*) широко распространены по всему миру и могут быть выделены из различных субстратов, включая засоленные почвы и содовые солончаки. Этот род был предложен van Веума в 1939 году, сейчас он включает 29 видов, последний из которых описан в 2024 году. Интерес к грибам рода *Emericellopsis* как к продуцентам антибиотиков появился после публикации J. H. Grosklags и M. E. Swift, которые в 1957 году описали совершенную стадию продуцирующего цефалоспорины *Cephalosporium salmosynnematum* – *E. salmosynnemata*. Впоследствии у разных видов грибов этого рода были обнаружены и другие новые соединения с антимикробной, антипротозойной и цитотоксической активностью, например, нерибосомальные пептиды из группы пептаиболов – эмерициллипсины, зервамицины, антиамебеины.

Скрининг коллекции *Emericellopsis*, включающей штаммы *E. alkalina*, *E. fimetaria*, *E. donezkii*, *E. maritima*, *E. minima*, *E. terricola* и некоторые другие показал, что многие из них обладают противогрибковой активностью в отношении *Aspergillus niger* и *Candida albicans*, важных патогенов человека, и антибактериальной активностью в отношении грамположительных бактерий. Биоинформатический анализ доступных геномов (*E. atlantica*, *E. cladophorae* и *E. terricola*) показывает, что в них содержатся кластеры генов (BGC), необходимые для синтеза ранее неизвестных вторичных метаболитов, которые могут обладать биологической активностью. Применение стратегии “один штамм – много соединений” и методов эпигенетической активации вторичного метаболизма может способствовать увеличению разнообразия вторичных метаболитов за счёт активации ранее “молчащих” BGC. Например, было показано, что штамм *E. alkalina* E101 синтезирует эмерициллипсины только при высоких значениях pH (10,0 – 10,5).

Всё это делает штаммы грибов рода *Emericellopsis* перспективным ресурсом для поиска новых антибиотиков, что особенно важно в условиях роста резистентности среди клинически значимых микроорганизмов.



ВЫЯВЛЕНИЕ МИШЕНЕЙ SVX-ПРОТЕАЗ – ФАКТОРОВ ВИРУЛЕНТНОСТИ ФИТОПАТОГЕННЫХ ПЕКТОЛИТИЧЕСКИХ БАКТЕРИЙ

Н.В. Тендюк^{1*}, О.Н. Макшакова¹, Р.В. Васильев², В.Ю. Горшков^{1,2}

¹ Казанский институт биохимии и биофизики - обособленное структурное подразделение
Федерального исследовательского центра "Казанский научный центр РАН", Казань, Россия

² Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего
образования «Казанский (Приволжский) федеральный университет», Казань, Россия

* email: natalya.tendyuk@mail.ru

Белки Svх являются факторами вирулентности фитопатогенных пектолитических бактерий, вызывающих такие заболевания растений, как черная ножка и мягкая гниль. В нашей работе впервые показано, что белки Svх пектолитических бактерий, а именно пектобактерий и дикей, являются цинк-зависимыми металло-протеазами, которые обладают иммуносупрессорными свойствами и способны индуцировать развитие восприимчивых ответов растений-хозяев. Однако механизм, каким образом белок Svх «запускает» изменения в физиологическом статусе растений, оставался неизвестным. Для того чтобы определить молекулу-мишень Svх-протеаз в организме растения-хозяина мы разработали стратегию, включающую как биоинформатические, так и экспериментальные подходы. Сначала на основе сходства активных центров белка Svх *P. atrosepticum* и O-гликопротеазы ZmpB *S. perfringens* нами было выдвинуто предположение, что белки Svх являются O-гликопротеазами. Затем с помощью докинга белка Svх с предполагаемыми лигандами нами показано, что потенциальными субстратами Svх-протеаз действительно могут быть структурные O-гликопротеины растительной клеточной стенки – экстенсины. Для того чтобы доказать, что Svх-протеазы способны разрушать данные белки, нами была получена очищенная фракция экстенсинов моркови, которую мы использовали в качестве субстрата для анализа ферментативной активности Svх-протеазы *P. atrosepticum*. В результате нами показано, что белки Svх действительно разрушают экстенсины растительной клеточной стенки в условиях *in vitro*. Стоит отметить, что разрушение экстенсинов Svх-протеазами способствует развитию инфекционного процесса, вероятно, не только благодаря снижению прочности растительной клеточной стенки, но и за счет индукции восприимчивых ответов растений, что может быть связано с сигнальными функциями данных гликопротеинов. Механизм передачи подобного сигнала остается предметом наших дальнейших исследований.

Работа выполнена при поддержке госзадания.



ВЛИЯНИЕ РАЗЛИЧНЫХ ФОРМ РОСТА *BACILLUS THURINGIENSIS* НА ЭКСПРЕССИЮ ГЕНОВ *IN VITRO* И ВИРУЛЕНТНОСТЬ ПО ОТНОШЕНИЮ К ЛИЧИНКАМ *GALLERIA MELLONELLA*

Д.С. Терещенко¹*, Т.И. Крыцына¹, Е.А. Якимчук¹, Е.В. Гризанова¹

¹ ФГБОУ ВО Новосибирский государственный аграрный университет, Новосибирск, Россия

* email: tereshenko-darya@mail.ru

Бактерии *Bacillus thuringiensis* (*Bt*) являются основой биологических инсектицидов для защиты сельскохозяйственных растений от насекомых-вредителей во всем мире. При культивировании на искусственной питательной среде в промышленных масштабах в бактериальных культурах может происходить диссоциация – замещение высокоактивного варианта штамма-продуцента на менее активный, и, как следствие, снижение выхода целевого продукта. При заражении насекомых также происходит деление бактерий на субпопуляции, которые отвечают за различные стратегии, например, вирулентную за счет синтеза токсинов, или стратегию сохранения при продукции спор. Деление на субпопуляции характеризуется дифференциальной экспрессией плеiotропных регуляторных генов, отвечающих за основные стадии жизненного цикла: вирулентную (*PlcR*), некротрофную (*NprR*) и спорообразующую (*Spo0A*), а также за экспрессию подмножества генов, необходимых для данной стадии развития. Помимо известных инсектицидных Сгу-токсинов, во время вегетативного роста бактерии *Bt* синтезируют вторичные факторы вирулентности, зависящие от чувства кворума. В рамках данного исследования изучены стратегии развития бактерий *Bt* в условиях роста в планктонной и колониальной популяции *in vitro* (ИПС), влияние стратегии развития *Bt* в разных популяциях на уровень смертности личинок *Galleria mellonella* при пероральном заражении. Показаны различия в скорости спорообразования, уровне вирулентности и дифференциальной экспрессии генов регуляторов и подконтрольных им факторов вирулентности бактерий *Bt*.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФ № 24-16-00113.



БЕЛОК DPS *SALMONELLA ENTERICA* – НОВЫЙ БАКТЕРИАЛЬНЫЙ АМИЛОИД

Х. Фаюд^{1,2*}, М.В. Белоусов^{1,2}, М.И. Сулацкий³, А.И. Сулацкая³, А.Г. Бобылев⁴, К.С. Антонец^{1,2},
А.А. Нижников^{1,2}

¹ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии,
Санкт-Петербург, Россия

² Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

³ Институт цитологии РАН, Санкт-Петербург, Россия

⁴ Научный центр генетики и наук о жизни, НТУ «Сириус», Федеральная территория «Сириус»,
Россия

* email: h.fayoud@arriam.ru

Dps — многофункциональный белок, принадлежащий к семейству ферритинов и обладающий способностью связываться с ДНК, защищая бактериальные клетки от различных токсических воздействий. Амилоиды представляют собой фибриллярные белковые агрегаты с упорядоченной кросс-β структурой, обеспечивающей специфическое взаимодействие с красителями: двойное лучепреломление при связывании с Конго красным (CR), флуоресценция с тиофлавином-Т (Th-T), а также устойчивость к денатурирующим агентам. Прокариоты, особенно бактерии, демонстрируют разнообразие функциональных амилоидов, участвующих в различных патологических и функциональных процессах.

In vitro исследования показали, что белок Dps *Salmonella enterica* subsp. *enterica* var. *Issatschenko* образует фибриллы, связывающие CR и демонстрирующие двойное лучепреломление в поляризованном свете, а также взаимодействующие с Th-T. Рентгенодифракционный анализ выявил характерные для амилоидов рефлексы (4.8 Å и 10 Å). Методы просвечивающей электронной микроскопии (ПЭМ) и атомно-силовой микроскопии подтвердили образование спирально закрученных фибриллярных структур. При экспрессии Dps в системе C-DAG на поверхности *E. coli* наблюдали формирование конгофильных колоний с двойным лучепреломлением, и фибриллярные структуры при ПЭМ. In vivo исследования показали, что сверхэкспрессия Dps в *E. coli* BL21, а также нативный белок в клетках *Salmonella* через 48 часов культивирования образуют полимеры, устойчивые к SDS и муравьиной кислоте. Токсикологические тесты выявили избирательную цитотоксичность: фибриллы Dps индуцировали гибель клеток THP-1, но не влияли на жизнеспособность *E. coli* BL21 и *Salmonella*.

Обнаруженные структурные особенности Dps вносят вклад в понимание его биологической роли в бактериальных клетках. Устойчивость фибрилл к экстремальным воздействиям и их селективная токсичность указывают на потенциальную роль в механизмах ответа на действие стрессирующих факторов. Таким образом, Dps представляет собой новый функциональный амилоид бактерий.

Работа выполняется при поддержке СПбГУ, шифр проекта 124032000041-1.



СОЗДАНИЕ ЛАБОРАТОРНОЙ КОЛЛЕКЦИИ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ МИКРООРГАНИЗМОВ В МАСШТАБАХ РЕГИОНАЛЬНОЙ ЛАБОРАТОРИИ. ОТ ПРОБЛЕМ К ГОТОВОМУ РЕШЕНИЮ

М. Фролов^{1}*

¹ Лаборатория Молекулярно-генетических и микробиологических методов ФИЦ КазНЦ РАН,
Казань, Россия

* email: m.frolov@knc.ru

Актуальность создания региональной коллекции микроорганизмов, применение которых способно закрыть потребности в биотехнологических разработках, обусловлена растущим спросом в локальных биоресурсах для научных исследований, промышленности и образования. Такая коллекция позволяет сохранить биоразнообразие, обеспечить доступ к стандартизированным штаммам и снизить зависимость от международных биобанков. Формирование подобного хранилища сопряжено с рядом трудностей, включая относительно высокие капитальные затраты на реализацию материально-технической базы, правовые ограничения и, что не менее важно, формы распространения информации о содержимом.

Биоресурсная коллекция должна быть оснащена оборудованием для консервации различного типа: от минимальных требований, таких как криоморозильники (-86°C) до современных системам лиофильной сушки и хранилищ с жидким азотом.

В правовом аспекте создания коллекции присутствует ряд сложностей. По данным ассоциации НАСБИО, для легализации биоресурсной коллекции или биобанка, необходимо соблюдение порядка 16 международных актов, и более чем 20 актов Российской Федерации. Высокие капитальные затраты в инфраструктуру делают практически невозможной реализацию проекта без целевой поддержки государства.

В рамках создания собственной лабораторной коллекции наш коллектив столкнулся с широким рядом трудностей. В коллекцию было занесено более 15 тыс. штаммов, собранных в рамках реализации проекта по программе ""Развитие генетических технологий"". Их хранение, отбор наиболее значимых изолятов и выбор путей распространения коллекции представляли сложную комплексную задачу, которая решается на протяжении последних четырех лет.



ХАРАКТЕРИСТИКА МИНОРНЫХ ПРОТЕИНАЗ ВНЕКЛЕТОЧНОГО ДЕГРАДОМА *BACILLUS PUMILUS* 3-19

Д.И. Хасанов^{1*}, Н.Л. Рудакова¹, М.Р. Шарипова¹

¹ ФГАОУ ВО "Казанский (Приволжский) федеральный университет", Казань, Россия

* email: hasda2149@gmail.com

Термином «деградом» можно охарактеризовать полный набор протеолитических ферментов, экспрессируемых клеткой. Протеазы имеют важное значение для широко спектра процессов клетки. Секретируемые протеазы бактерий рода *Bacillus* находят широкое применение в промышленности, медицине и сельском хозяйстве. Однако, зачастую для промышленно значимых микроорганизмов подробно охарактеризованы только мажорные секретируемые протеазы. При этом роль минорных протеаз, доля которых в общем пуле протеолитической активности штамма составляет менее 10%, не определена.

Штамм *B. pumilus* 3-19 является стрептомицин-устойчивым производным природного почвенного изолята с повышенной экспрессией различных внеклеточных ферментов. В геноме штамма выявлено 13 генов секретируемых протеаз, среди которых подтверждены и детально описаны гены мажорных сериновых протеиназ (субтилизиноподобной протеазы (*aprVp*) и глутамилэндопептидазы (*gseVp*)) и уникальной минорной адамализиноподобной металлопротеиназы (*mprVp*). Однако, гены остальных минорных ферментов штамма *B. pumilus* 3-19 остаются неизученными. Среди оставшихся 10 генов 5 кодируют охарактеризованные для других штаммов белки: основной белок матрикса биопленок *TasA*, «пищеварительные» протеазы субтилизин *NAT* и бациллопептидаза *F*, протеаза проспоры *DacF*, а также ингибитор металлопротеаз *InhA*, описанный как фактор патогенности для *B. turingiensis*. Две пептидазы относятся к вероятным защитным белкам, вовлеченным во внеклеточный катаболизм глутатиона. Эстераза *EstB* предположительно может быть вовлечена в механизмы антибиотикоустойчивости штамма. А также минорные сериновые протеиназы *Erg* и *Vpr*, функциональная роль которых описана в литературе очень широко и при этом не всегда конкретно: регуляторные функции, роение и подвижность, фибринолитическая активность, а также формирование энзиматически активных фибрилл.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда и Академии наук Республики Татарстан по проекту №25-24-20121.



ЭНДОФИТНЫЕ БАКТЕРИИ МАРИ БЕЛОЙ - ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ДЛЯ ПИТАНИЯ И ЗАЩИТЫ РАСТЕНИЙ

М.В. Худяева^{1*}, В.К. Чеботарь¹, М.Е. Баганова¹, О.В. Келейникова¹, А.В. Ерофеева¹,
Е.П. Чижевская¹, И.А. Тихонович^{1,2}

¹ ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

² ФГБУ Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

* email: khudyaeva@list.ru

На сегодняшний день основными методами ведения сельского хозяйства является использование химических средств для защиты и роста растений. Такие методы приводят к деградации плодородных почв и загрязнению окружающей среды. В связи с этим, возрастает потребность в поиске и разработке новых подходов в выращивании сельскохозяйственных культур. Интерес к использованию микробиологических препаратов для защиты и питания сельскохозяйственных культур активно растет. Поэтому создание микробиологических препаратов на основе эндофитных бактерий для улучшения питания и защиты растений является перспективным научным направлением.

Целью исследования являлось изучение эндофитного микробиома мари белой (*Chenopodium album* L.), произрастающей в засоленных и засушливых регионах Ставропольского края России с целью выделения ценных для растений эндофитных бактерий, улучшающих питание и защиту растений. В ходе исследований было выделено из листьев, корней и стеблей мари белой 45 изолятов эндофитных бактерий. Их идентификация с помощью молекулярно-генетического анализа 16S рРНК показала, что выделенные штаммы относятся к родам *Pseudomonas*, *Streptomyces*, *Micrococcus*, *Curtobacterium* и *Bacillus*.

Анализ культуральных и биохимических свойств выделенных изолятов показал, что из 45 штаммов эндофитов 6 штаммов обладали азотфиксирующей, 7 - фосфатмобилизирующей, 28 - амилазной, 27 - протеазной, 32 - целлюлазной и 12 - липазной активностью. Все исследуемые штаммы были устойчивы к 5% NaCl, а 4 штамма к 10% NaCl. Ряд штаммов эндофитных бактерий был способен продуцировать значительное количество индолил-3-уксусной кислоты, а также антифунгальную и бактерицидную активность по отношению к фитопатогенным микроорганизмам. Выделенные эндофитные бактерии мари белой являются перспективными кандидатами для создания микробиологических препаратов для улучшения питания и защиты растений.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда, проект № 23-66-10013.



ОЦЕНКА БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА ДРОЖЖЕЙ, СПОСОБНЫХ К НАКОПЛЕНИЮ ЛИПИДОВ

И.А. Черданцев^{1,2,3*}, А.Н. Полякова¹, П.Д. Белкина¹, Д.С. Карпов³

¹ Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

² АНОО "Физтех-лицей им. П.Л. Капицы", Долгопрудный, Россия

³ Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта Российской академии наук, Москва, Россия

* email: igor.cherdancev.2012@mail.ru

Олеогенные микроорганизмы способны накапливать свыше 20% липидов от сухой массы и рассматриваются как перспективный источник сырья для биотоплива, олеохимии и заменителей растительных масел. На фоне ограничений, связанных с выращиванием микроводорослей (высокие энергозатраты на освещение), дрожжи представляют более экономичную альтернативу. Успехи в генной инженерии расширили возможности получения нужных липидных профилей, однако важнейшим остаётся этап отбора природных штаммов с высоким естественным потенциалом.

В рамках работы проведено выделение дрожжей из различных природных субстратов (почва, силос, фрукты, молочные продукты). Культуры выращивали на YPD-агаре с добавлением левофлоксацина и ципрофлоксацина. Идентификация изолятов выполнялась методом MALDI-TOF MS; для неидентифицированных штаммов применяли секвенирование ITS-регионов. Построены кладограммы на основе белковых спектров.

Штаммы прошли физиологический скрининг (ассимиляция источников углерода/азота, тест на плавучесть в среде с глицерином). Культуры, показавшие признаки олеогенности, культивировали в жидкой среде А. Определялись массовая доля липидов (% от сухой биомассы), выход биомассы (г/л) и содержание липидов (г/л). Жирнокислотный состав анализировали методом FAME ГХ-МС.

Из 140 изолятов 35 прошли скрининг, из них 7 штаммов показали биотехнологически значимые характеристики (биомасса 9,78–14 г/л; липиды 24–62%; 3,38–6,78 г/л). Дополнительно изучен рост на ксиллозе и глицерине, проведены эксперименты по ферментации штаммов на отходах производства (свекличная меласса). Для трёх наиболее продуктивных штаммов проведено полногеномное секвенирование (Illumina). На основании полученных данных были предложены инструменты для манипуляций с геномом (genetic tools), что создаёт основу для дальнейшей оптимизации метаболизма в сторону повышения продуктивности штаммов-продуцентов.



ПРИМЕНЕНИЕ ПРОГРАММНОГО КОНВЕЙЕРА VASPACK ДЛЯ ПОИСКА ХОЗЯЙСТВЕННО ЦЕННЫХ СВОЙСТВ БАКТЕРИЙ ГРУППЫ *VACILLUS*

А.Е. Шиков^{1*}, М.Н. Романенко^{1,2}, Ю.А. Савина¹, А.А. Нижников^{1,2}, К.С. Антонец^{1,2}

¹ Лаборатория протеомики надорганизменных систем, ФГБНУ ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии, Россия, Санкт-Петербург

² Санкт-Петербургский государственный университет, Россия, Санкт-Петербург

* email: a.shikov@arriam.ru

Бактерии рода *Vacillus* и схожие виды находят применение в сельском хозяйстве ввиду наличия бактерицидных, инсектицидных, фунгицидных и ростостимулирующих свойств. Определение ряда этих свойств возможно на основе данных секвенирования геномов бактерий. Для облегчения анализа результатов полногеномного секвенирования бактерий, мы разработали программный конвейер VasPack для сборки геномов из сырых коротких и/или длинных прочтений и аннотации последовательностей с поиском инсектицидных генов, факторов вирулентности и метаболических кластеров генов. Конвейер был апробирован на 37 почвенных изолятов из разных регионов России, 29 из которых были секвенированы с использованием коротких прочтений, а 8 – с применением и коротких и длинных прочтений. Сборки характеризовались высокой полнотой (более 99%) и низкой контаминацией (менее 1%), что говорит о высоком качестве. Изоляты принадлежали к родам *Vacillus* (25), *Peribacillus* (10), *Lysinibacillus* (1) и *Psychrobacillus* (1). Последний штамм (nc5.1) демонстрировал сходство с представителями рода лишь на 80% по метрике ANI (Average Nucleotide Identity), что говорит о его принадлежности к новому виду. Было выявлено 3 штамма с наборами инсектицидных токсинов семейств Cry, Vip и др. Согласно предсказанным активностям один изолят (b13.3) может поражать 5 отрядов насекомых, делая его потенциальным агентом биоконтроля. Путём оценки метаболизма мы выделили изоляты с эффективными комбинациями кластеров биосинтеза фунгицидных и бактерицидных метаболитов. Так, у штаммов b3.5 и b3.6 были выявлены кластеры синтеза цвиттермицина и субтиломицина. Важно отметить, что геномные предсказания сочетались с экспериментальной проверкой. Таким образом, разработанный нами инструмент позволяет предсказывать хозяйственно ценные свойства изолятов по их геномам. Преимуществом инструмента является получение подробных отчётов о различных свойствах по сырым данным секвенирования, упрощая геномный анализ.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФ №24-16-00284.



РАЗВИТИЕ ЭФФЕКТИВНОЙ АРБУСКУЛЯРНОЙ МИКОРИЗЫ: ВЛИЯНИЕ МИКОРИЗАЦИИ НА ТРАНСКРИПТОМ И МЕТАБОЛОМ РАСТЕНИЯ-ХОЗЯИНА

А.П. Юрков^{1*}, А.А. Крюков¹, Т.Р. Кудряшова¹, Ю.В. Косильников¹, А.И. Горенкова¹,
А.И. Ковальчук¹, А.И. Беяева¹, Д.А. Романюк¹, Р.К. Пузанский², М.Ф. Шишова³

¹ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии,
Санкт-Петербург, Россия

² Ботанический институт им. В.Л. Комарова Российской академии наук, Санкт-Петербург,
Россия

³ Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

* email: ap.yurkov@arriam.ru

Арбускулярная микориза (АМ) является распространенным типом симбиоза наземных растений с грибами класса Glomeromycetes. В эволюционном плане именно образование этого типа симбиоза обеспечило завоевание растениями суши и, по сути, сыграло важную роль в формировании современного облика биосферы. По настоящее время грибы АМ играют роль в минеральном питании растений, существенно усиливая поступление фосфора и других макро- и микроэлементов. В связи с этим актуальным направлением исследований является выявление механизмов развития эффективного АМ-симбиоза. Задачей настоящего исследования было оценить влияние микоризации эффективным грибом *Rhizophagus irregularis* штаммом RCAM00320 на метаболом и транскриптом люцерны хмелевидной – высокоотзывчивой на инокуляцию линии MIS-1 *Medicago lupulina* L. Анализ метаболитных профилей тканей люцерны проведен методом ГХ-МС на хроматографе Agilent 6850. Анализ транскриптомных профилей тканей люцерны проведен методом массового анализа концов кДНК (MACE-Seq). Секвенирование библиотеки проведено на платформе Illumina HiSeqXTen (Сан-Диего, Калифорния, США). Анализ проведен в ключевые фазы развития растения-хозяина в условиях недостатка доступного фосфора и в условиях внесения фосфорного удобрения. Проведена идентификация более 350 метаболитов. Функциональная аннотация генов проведена с использованием двух методов – метода геной онтологии (GO) и онлайн-инструмента Mercator с присвоением функциональных категорий (классов) на основе классификаций ряда организмов: *Arabidopsis thaliana*, *Chlamydomonas reinhardtii*, *Oryza sativa* и др. При микоризации выявлено более 3500 дифференциально экспрессируемых генов. Выделены предполагаемые маркеры развития эффективного АМ-симбиоза (гены и метаболиты), включая позитивные и негативные регуляторы. Исследование продолжено с применением новых штаммов грибов АМ, поддерживаемых в коллекции лаб. №4 ФГБНУ ВНИИСХМ и обладающих разной симбиотической эффективностью.

Работа поддержана грантом РФФ №22-16-00064-П.

ТЕЗИСЫ ПОСТЕРНЫХ ДОКЛАДОВ

ABSTRACTS OF POSTER
PRESENTATIONS



ЦИФРОВАЯ КАРТА МИКРОБИОМА ПОЧВ РОССИИ

Е.В. Абакумов^{1,2*}, Е.А. Иванова³, М.В. Семенов³, Д.А. Никитин³, А.Р. Сулейманов⁴

¹ Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

² ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

³ ФГБНУ ФИЦ «Почвенный институт им. В.В. Докучаева», Москва, Россия

⁴ Уфимский институт биологии УФИЦ РАН, Уфа, Россия

* email: e_abakumov@mail.ru

Почвенный микробиом участвует в осуществлении почвой ряда ее экологических функций, включающих в себя круговорот биофильных элементов, трансформацию органического вещества, поддержание роста растений и регулирование функционирования наземных экосистем. Целью данного исследования было составить цифровую карту почвенных микробиомов РФ с использованием метабаркодирования гена 16S рРНК и методов машинного обучения. Используя многомасштабный подход, мы зафиксировали пространственную изменчивость микробных сообществ в различных типах почв и градиентах окружающей среды. В качестве метода машинного обучения использовался алгоритм Random Forest — это метод ансамблевого обучения, при котором в процессе обучения строится несколько деревьев решений, а их прогнозы объединяются для повышения точности и уменьшения переобучения. Для настройки модели использовали параметры по умолчанию. Было установлено, что растительность, свойства почвы и климат определяют пространственное распределение основных филумов микроорганизмов. Наиболее важными прогностическими факторами были диапазон 7 MIR MODIS, pH водной суспензии почвы, температура поверхности земли, катионообменная способность почвы и содержание органического углерода почвы. На большей части исследованной территории РФ доля *Acidobacteriota* в почвах колебалась от 5 до 24%, имея тенденцию к снижению с севера на юг и с запада на восток, с наименьшей численностью (менее 5%) в черноземном регионе. Представители данного филума, по-видимому, избегают засушливых регионов с черноземами, солонцами и солончаками, которые богаты карбонатами и легкорастворимыми солями. Доля филума *Chloroflexota* варьировала от 0 до 10%, имея тенденцию к увеличению с севера на юг. Максимальная доля (от 8 до 10%) наблюдалась в черноземном регионе, наименьшая — в северных районах. Получен первый опыт цифровизации пространственных трендов распространения отдельных таксонов микроорганизмов в почвах РФ.

Работа выполнена при поддержке РФФИ № 24-44-00006.



ВЛИЯНИЕ НАНОКЛАСТЕРОВ СЕРЕБРА НА УСТОЙЧИВОСТЬ БАКТЕРИЙ К СОЛЯМ ТЯЖЕЛЫХ МЕТАЛЛОВ И ЭРИТРОМИЦИНУ

А.С. Астанкова^{1,2*}, Ю.А. Филипьевичева¹, Г.Л. Бурьгин^{1,2}

¹ Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов, ФИЦ «Саратовский научный центр РАН», Саратов, Россия

² Саратовский национальный исследовательский государственный университет им. Н.Г. Чернышевского, Саратов, Россия

* email: asastankova@gmail.com

В последние десятилетия бактерии, обладающие множественной лекарственной устойчивостью (МЛУ), получили широкое распространение. В ряде работ было показано, что МЛУ, так же как и устойчивость бактерий к токсическому действию ионов тяжёлых металлов, обеспечивается функционированием белков системы эффлюкса RND-типа. Одними из ингибиторов системы эффлюкса являются нанокластеры, блокирующие работу белков TolC семейства, формирующих пору в наружной мембране. Целью данной работы было изучение влияния нанокластеров серебра на устойчивость бактерий, различающихся по устойчивости к антибиотикам и тяжёлым металлам, к действию токсикантов.

Были исследованы 30 коллекционных бактериальных штаммов, относящихся к родам *Achromobacter*, *Acinetobacter*, *Azospirillum*, *Bacillus*, *Brucella*, *Enterobacter*, *Escherichia*, *Kocuria*, *Niveispirillum*, *Paenibacillus*, *Pseudomonas* и *Staphylococcus*, на устойчивость к эритромицину, хлоридам меди и кадмия и нитрату серебра. Для каждого из токсикантов штаммы были распределены на 3 группы: устойчивые, умеренно-устойчивые и чувствительные.

В среду культивирования штаммов, различающихся по устойчивости к каждому из токсикантов, добавляли раствор флуоресцентных нанокластеров серебра ($d \approx 2,2$ нм), стабилизированных L-глутатионом, (5 нг Ag/мл). В процессе роста бактериальных культур оценивали уровень снижения устойчивости к токсикантам.

Анализ результатов показал, что внесение нанокластеров серебра в среду культивирования снижает резистентность устойчивых к меди и эритромицину штаммов и не влияет на бактериальную устойчивость к кадмию и серебру. Таким образом, можно сделать вывод, что в формировании резистентности исследованных нами бактерий к меди и эритромицину участвуют белковые системы эффлюкса, содержащие белки TolC семейства, которые инактивируются нанокластерами серебра, в отличие от систем резистентности к кадмию и серебру.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда №24-24-00520, <https://rscf.ru/project/24-24-00520/>



СОЗДАНИЕ НОВЫХ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИХ ПРЕПАРАТОВ НА ОСНОВЕ ЭНДОФИТНЫХ БАКТЕРИЙ, А ТАКЖЕ ТЕХНОЛОГИЙ ИХ ПРОИЗВОДСТВА И ПРИМЕНЕНИЯ

М.Е. Баганова^{1}, О.В. Келейникова², В.К. Чеботарь²*

¹ ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

* email: me.baganova@arriam.ru

Разработка биопрепарата включает выделение искомого микроорганизма и подтверждение его положительного влияния на целевые или модельные растения после искусственной инокуляции. Далее для сертификации или регистрации препарата необходимо определить химическую структуру продуцируемых биологически активных веществ, определяющих заданные свойства микроорганизма, провести таксономическую идентификацию и выяснить пути колонизации эндосферы растений. Эти три задачи выполняются параллельно с созданием экономически обоснованных технологий производства и применения микробиологического препарата. Так, для производства крайне важна простота состава питательных сред, возможность получения жидких культур бактерий высокой плотности и информация о параметрах культивирования для получения максимально активных бактериальных клеток, обладающих заданными свойствами. Были оптимизированы технологии производства линейки новых микробиологических препаратов на основе эндофитных бактерий. Подобрана питательная среда для культивирования штамма эндофитных бактерий W018 *Paenibacillus xylanexedens* с мальтозой для получения максимальной численности этого штамма. Таким образом, на основе полученных данных проведена корректировка состава питательных сред и оптимальных параметров роста для каждого исследуемого штамма для получения наибольшей численности и лучших функциональных свойств.

Работа выполнена при поддержке Минобрнауки России в рамках проекта «Разработка и создание биофунгицидов комплексного действия на основе наиболее эффективных штаммов эндофитных бактерий» (FGEW-2023-0018)



РАЗРАБОТКА ПИТАТЕЛЬНОЙ СРЕДЫ ДЛЯ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ БАКТЕРИЙ-ПРОДУЦЕНТОВ КОРОТКОЦЕПОЧЕЧНЫХ ЖИРНЫХ КИСЛОТ, КРАЙНЕ ЧУВСТВИТЕЛЬНЫХ К КИСЛОРОДУ

Б.О. Бембеева^{1,2*}, Е.Л. Исаева^{1,3}, М.Н. Труфанова^{1,3}, О.В. Нечаева^{1,3}, Т.В. Припутневич^{1,2,3}

¹ ФГБУ «НМИЦ АГП им. В.И. Кулакова» Минздрава России, Москва, Россия

² ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России, Москва, Россия

³ ФГБОУ ДПО РМАНПО Минздрава России, Москва, Россия

* email: be-ba@yandex.ru

Актуальность. Особо важную роль в кишечнике играют бактерии, метаболизирующие неперевариваемые человеком пищевые волокна с образованием короткоцепочечных жирных кислот (КЦЖК), участвующие в метаболическом и иммунологическом гомеостазе и поддержании целостности кишечного барьера. Данные бактерии являются труднокультивируемыми, крайне чувствительными к кислороду, бактериями-продуцентами КЦЖК (Далее – Бактерии), что затрудняет их выделение из биологического материала и накопление биомассы.

Цель. Получение чистых культур Бактерий.

Методы. Исследованы фекалии женщин. Пробоподготовку, посев биоматериала и культивирование проводили в строго-анаэробных условиях с использованием анаэробного бокса в атмосфере трехкомпонентной газовой смеси (N₂ – 80%; CO₂ – 10%; H₂ – 10%). Для культивирования использовали питательную среду собственной разработки (получен патент – RU 2833071 «Питательная среда для выделения строго-анаэробных, крайне чувствительных к кислороду микроорганизмов-продуцентов короткоцепочечных жирных кислот, в том числе *Faecalibacterium prausnitzii* (варианты)») с последующей идентификацией микроорганизмов двумя методами: MALDI-TOF MS с использованием масс-спектрометра MicroFlex, с программным обеспечением MALDI BioTyper, версия 5.0 и секвенированием гена 16S рРНК (по Сэнгеру).

Результаты. Использование метода MALDI-TOF MS не позволило установить видовую принадлежность микроорганизмов, поскольку в библиотеке масс-спектрометра информация о них отсутствовала. Секвенирование по Сэнгеру позволило идентифицировать 19 видов чистых культур: *A.hadrus*, *A.halli*, *B.intestinalis*, *B.massiliensis*, *B. provencensis*, *B.wexlerae*, *C.mitsuokai*, *C.minuta*, *C.comes*, *C.eutactus*, *D.longicatena*, *F.prausnitzii*, *F.saccharivorans*, *I. butyriciproducens*, *Ros.faecis*, *R.faecis*, *R.gnavus*, *R.lactaris*, *S. stercoricanis*.

Выводы. Данное исследование позволило усовершенствовать метод культуромики (преаналитического и аналитического этапов) и получить впервые в РФ чистые культуры штаммов Бактерий.



НЕЙРОСЕТЕВОЙ КОГНИТИВНЫЙ АНАЛИЗ МАСС-СПЕКТРОВ ЭНДОФИТНЫХ И ЭПИФИТНЫХ БАКТЕРИЙ ИЗ ВКСМ КОЛЛЕКЦИИ

Н.И. Воробьев^{1*}, В.Н. Пищик¹, В.К. Чеботарь¹

¹ ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

* email: Nik.IvanVorobyov@arriam.ru

Микробиологический анализатор методом MALDI-TOF измеряет масс-спектры бактерий (Spectr). Во ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии ВКСМ коллекция содержит более 20 тысяч единиц хранения. Поэтому анализ изменения Spectr при хранении микроорганизмов, при симбиотическом взаимодействии микроорганизмов с растениями, в качестве эндофитов и эпифитов, а также при антагонистических взаимодействиях микроорганизмов, становится актуальным [1,2]. Статистическая обработка масс-спектров ускоряется при использовании нейросетевой программы [3].

Нейросетевая программа выполняет процедуру Spectr=>CSI~Info, где Spectr=>CSI – преобразование «многое-к-одному» Spectr в индекс когнитивной значимости (CSI); Info – вектор априорных знаний об идентичности микроорганизмов. Нейросетевой анализ масс-спектров показал, что индекс CSI: (1) равен 4,5...4,7 для *Mesorhizobium sp.* HAMBI1149, sp. 941, sp._1014, (2) равен 5,5...6,6 для *Rhizobium brockwellii* 2011, *leguminosarum_LMG14904*, *lusitanum_704*, sp. RCAM2802, *tropici_DSM11418*; (3) равен 1,7 для *M. mediterraneum* DSM1155. Следовательно, анализ масс-спектров эндофитов и эпифитов сможет пролить свет на функциональное различие этих бактерий.

Работа выполняется при финансовой поддержке Госзадания «Разработка концепции вычислительной Интернет-платформы «Endosymbiosis»» (FGEW-2024-0009).

Литература

1. Суркова Р.С., Шаров Т.Н., Половец Н.В., Липницкий А.В., Муругова А.А. Применение MALDI-TOF масс-спектрометрии для идентификации возбудителей микозов // Иммунопатология, Аллергология, Инфектология. 2021. №3. 73-78.
2. Camara J.E., Hays F.A. Discrimination between wild-type and ampicillin-resistant *Escherichia coli* by matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry // Anal. Bioanal. Chem. 2007. 389:1633–1638.
3. Воробьев Н.И. Нейросетевое ранжирование агротехнологий по индексам микробиологической активности почвы и почвенного плодородия: новые возможности статистического анализа // Сельскохозяйственная биология. 2025. 60. №1. 70-81.



ХАРАКТЕРИСТИКА *BACILLUS SUBTILIS* 168ΔdhbF, ДЕЛЕЦОННОГО ПО ГЕНУ БИОСИНТЕЗА КАТЕХОЛОВОГО СИДЕРОФОРА, ПРОЯВЛЯЮЩЕГО БИОКОНТРОЛЬНУЮ АКТИВНОСТЬ

А.И. Гильмутдинова^{1*}, Ю.В. Данилова¹, М.Р. Шарипова¹

¹ ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский) федеральный университет», Казань, Россия

* email: aigwinryqilmyzn@gmail.com

В современном сельском хозяйстве возрастает интерес к применению ризосферных бактерий, способствующих росту растений (PGPR), выступающих перспективной экологичной заменой традиционным удобрениям. Механизм положительного воздействия PGPR на растения реализуется множеством биохимических процессов, включая выработку сидерофоров, которые участвуют в образовании биопленок, изменении почвенного микробного сообщества и стимулировании роста растений.

Ранее с помощью технологии CRISPR-Cas9 мы получили штамм *Bacillus subtilis* 168ΔdhbF, с делецией в гене биосинтеза бациллибактина – катехолового сидерофора. Понимание роли бациллибактина позволит шагнуть вперед в разработке улучшенных штаммов бацилл, а также технологии на основе микробного консорциума, состоящего из штаммов с различными способами биоконтрольного действия.

В исследовании изучали способность штамма *B. subtilis* 168ΔdhbF образовывать биопленки, синтезировать ИУК и колонизировать растения.

Штаммы бацилл обладали способностью синтезировать ИУК в высоких концентрациях – диапазон значений составил 60-120 мкМ. При этом, мутантный штамм *B. subtilis* ΔdhbF продуцировал в среднем на 60% больше ИУК, а также формировали биопленки в среднем на 10% интенсивнее, чем нативный штамм. Исследование взаимодействия флуоресцентно меченых штаммов с корнями картофеля и *Arabidopsis thaliana* детектировали методом конфокальной лазерной микроскопии. Анализ показал, что мутантный штамм проявил большую способность к колонизации корней растений по сравнению с исходным штаммом.

В ходе исследования установили, что исследуемые штаммы характеризуются способностью к повышенной продукции ИУК, биопленкообразованию и колонизации, что являются значимыми характеристиками для взаимодействия с растениями и проявления биоконтрольных свойств. Результаты этой работы показали, что штамм *B. subtilis* 168ΔdhbF демонстрирует высокий биотехнологический потенциал в качестве бактерии, стимулирующей рост растений.

Работа поддержана грантом РФФИ № 25-16-00143.



ОПТИМИЗАЦИЯ ПОДАЧИ ПОДКОРМКИ В ПРОЦЕССЕ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ ШТАММА-ПРОДУЦЕНТА ГЕННО-ИНЖЕНЕРНОГО ИНСУЛИНА ЧЕЛОВЕКА (ГИИЧ) НА СИНТЕТИЧЕСКОЙ СРЕДЕ

Д.А. Гречко^{1}, И.А. Корнаков¹, Т.В. Мухина¹, М.С. Яровикова¹, А.В. Дворецкая¹,
А.В. Кабанова¹, З.Р. Хасаншина¹*

¹ ООО «ГЕРОФАРМ», Санкт-Петербург, Россия

* email: Dmitrii.Grechko@geropharm.com

Актуальность

Синтетические питательные среды обеспечивают контроль состава и воспроизводимости, но требуют индивидуальной оптимизации для каждого штамма из-за ограниченных ростовых свойств и увеличенной длительности культивирования. Стратегия fed-batch для *E. coli* регулирует метаболизм, предотвращает накопление ацетата, повышает биомассу и выход продукта, но требует штамм-специфичной разработки.

Цель

Оптимизировать скорость подачи подкормки при культивировании штамма-производителя ГИИЧ на синтетической среде для повышения выхода продукта, сокращения времени процесса и снижения материальных затрат.

Методы

Использовали штамм *E. coli* экспрессирующий ГИИЧ. Эксперименты проводили в 8 ферментерах Infors 600 мл. Параметры оптимизации: стартовая концентрация глюкозы (%), подача подкормки до/после индукции (мл/ч). Отклики: удельная/объемная продуктивность (мг/г, г/л), биомасса клеток (г/л). План эксперимента создан в MODDE 13.

Результаты

В соответствии с центральным композиционным планом было проведено 24 процесса культивирования в скрининговых биореакторах, по результатам построена предсказательная модель с $R^2=0,65$, $Q^2=0,48$, валидностью модели = 0,61 и воспроизводимостью 0,96. По итогам валидации данной модели объемная продуктивность увеличена на 365% по сравнению с неоптимизированными процессами, а длительность культивирования сокращена на 27%. Количество подаваемой подкормки сокращено на 33% до и 24% после индукции в сравнении с изначальными условиями. Данное снижение количества подкормки в промышленном масштабе (3000л) позволит снизить производственных затрат.

Выводы

Оптимизация с применением DoE позволила значительно повысить продуктивность на 365% и сократить длительность процесса на 73% от неоптимизированного процесса.



ИЗЫСКАНИЕ И СОХРАНЕНИЕ АКТИНОБАКТЕРИЙ – АССОЦИАНТОВ БЕСПОЗВОНОЧНЫХ

М.В. Демьянкова^{1*}, О.В. Ефременкова¹, А.А. Глухова¹, Б.Ф. Васильева¹, А.В. Якушев²,
В.С. Садыкова¹

¹ ФГБНУ "Научно-исследовательский институт по изысканию новых антибиотиков
им. Г.Ф. Гаузе", Москва, Россия

² ФГБОУ ВО «Московский государственный университет
им. М.В. Ломоносова», Москва, Россия

* email: mary_bunny@mail.ru

Микроорганизмы играют ключевую роль в биосфере и являются ценным ресурсом для науки и промышленности. Однако антропогенное воздействие угрожает микробному разнообразию, делая коллекции микроорганизмов жизненно важными. Коллекция НИИНА имени Г.Ф. Гаузе сохраняет штаммы-продуценты антибиотиков, что особенно актуально в условиях растущей антибиотикорезистентности патогенов.

Особый интерес представляют симбиотические микроорганизмы беспозвоночных, выработавшие уникальные метаболические взаимосвязи в процессе эволюции. Изучение этих малоисследованных ассоциантов открывает перспективы для обнаружения новых биологически активных соединений.

Объектами исследования были актинобактерии-ассоцианты беспозвоночных: кишечной микробиоты тропических многоножек класса *Diplopoda*, личинок и имаго колорадского жука (*Leptinotarsa decemlineata*), из субстрата гнезд черного садового муравья (*Lasius niger*).

Анализ микробиоты кишечника многоножек показал большое видовое разнообразие актинобактерий. Было выделено 58 актинобактерий, в том числе 14 представителей «редких» родов (*Actinoplanes*, *Agrococcus*, *Amycolatopsis*, *Arthrobacter*, *Herbiconiux*, *Kitasatospora*, *Lechevalieria*, *Microbacterium*, *Micrococcus*, *Micromonospora*, *Mycobacterium*, *Nocardiosis*, *Plantactinospora*, *Saccharopolyspora*). В составе микробиоты кишечника колорадского жука впервые описаны: *Micromonospora phytophila*, *Streptomyces chartreusis*, *S. clavifer*, *S. microflavus*, *S. rishiriensis*, *S. badius* и *S. coelicoflaus*. Из гнезд муравьев выделены бактерии разных таксономических групп, включая штамм *Streptomyces sp.* ИНА 01156, который на основании полногеномного анализа к новому виду стрептомицетов.

Разнообразие микроорганизмов-ассоциантов беспозвоночных способствует отбору редких и перспективных видов, активных в отношении антибиотикорезистентных форм патогенов. В общей сложности на длительное хранение в коллекцию ИНА депонировано 69 штаммов, обладающих антимикробным действием.



АНАЛИЗ АКТИВНОСТИ КЛОНОВ ДНК-КОДИРУЕМОЙ КОМБИНАТОРНОЙ БИБЛИОТЕКИ ПРИРОДНОГО АНТИМИКРОБНОГО ПЕПТИДА ПРОТЕГРИНА-1

В.А. Дорошенко^{1*}, А.С. Сыровой¹, А.И. Калганова¹, С.С. Терехов¹

¹ Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Государственный научный центр Российской Федерации Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук (ГНЦ ИБХ РАН), Москва, Россия

* email: vitaliya059@gmail.com

Антибиотикорезистентность - одна из наиболее значимых проблем современности, в связи с этим, активное внимание уделяется разработке новых классов антибактериальных агентов, в частности антимикробных пептидов (АМП), способных прийти на смену нынешним антибиотикам. В данной работе исследовалась взаимосвязь антибактериальной активности и аминокислотной последовательности различных вариантов модифицированного природного пептида - протегрин-1. Целью исследования было выявление аминокислотных замен, способствующих повышению антимикробной активности пептидов по отношению к грамотрицательным бактериальным патогенам.

С использованием метода рационального дизайна была получена комбинаторная библиотека природного пептида протегрин-1. В качестве эукариотических клеток продуцентов АМП были использованы клетки *P.pastoris* GS115. Бактерией - таргетом служил штамм *E.coli* lptD, конститутивно продуцирующий sfGFP, что обеспечивало визуализацию бактериальных клеток в экспериментах. Отбор активных клонов проводился в сывороточной и бессывороточной селективных питательных средах. Последовательность активных вариантов антимикробных пептидов была получена с помощью секвенирования методом капиллярного электрофореза на приборе "Нанофор-05". Была проведена оценка активных вариантов полученной комбинаторной библиотеки при различных условиях отбора. Также производилась оценка последовательностей, токсичных для продуцентов. В результате получено несколько последовательностей, которые в тестируемых условиях показали активность, сопоставимую с протегрином-1.

Полученные данные дают представление о структурных особенностях, повышающих эффективность протегриноподобных пептидов в заданных условиях, что может быть использовано для синтеза новых антимикробных агентов с улучшенными свойствами. Результаты также дают понимание о том, каким образом следует формировать более вариабельные комбинаторные библиотеки.

Исследование выполнено при поддержке Минобрнауки России Соглашение № 075-15-2024-536.



РАЗРАБОТКА БИОЛОГИЧЕСКОГО ПРЕПАРАТА ДЛЯ ЖИВОТНОВОДСТВА: СКРИНИНГ ШТАММОВ-АНТАГОНИСТОВ И ОПТИМИЗАЦИЯ ТЕХНОЛОГИИ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ

Д.Е. Дудник^{1*}, А.Н. Иркитова¹, И.Ю. Евдокимов¹

¹ ФГБОУ ВО «Алтайский государственный университет», Барнаул, Россия

* email: dudnik-dina@mail.ru

Разработка биологических препаратов для животноводства является приоритетным направлением научно-технологического развития России (Указ Президента №145 от 28.02.2024). Биопрепараты на основе микроорганизмов являются перспективным способом улучшения здоровья сельскохозяйственных животных и борьбы с распространением антибиотикорезистентности. При этом препараты на основе нескольких штаммов имеют преимущества в виде большей эффективности и функциональности. Целью исследования являлась разработка многоштаммового биологического препарата сельскохозяйственного назначения.

В качестве объектов исследования использовали 17 штаммов бацилл и 8 штаммов лактобактерий из коллекции ИЦ «Промбиотех» АлтГУ.

Антагонистическую активность исследуемых штаммов определяли методами лунок и перпендикулярных штрихов. В качестве тест-культур использовали 16 штаммов микроорганизмов 3-4 группы патогенности. В результате скрининга было отобрано 3 штамма *Bacillus spp* и 3 штамма *Lactiplantibacillus spp* с выраженной антагонистической активностью. Для отобранных штаммов была проверена их биобезопасность, биосовместимость, способность к продукции ряда ферментов и биосурфактантов. В результате для включения в препарат отобрано 2 штамма *Bacillus spp.* и 3 штамма *Lactiplantibacillus spp.*

С целью оптимизации технологии культивирования штаммов была проведена оценка возможности совместного культивирования исследуемых штаммов в ферментерах. В результате был получен прототип биологического препарата в жидкой форме, содержащий $1,70 \times 10^9$ КОЕ/мл бактерий *Bacillus spp.* и $3,55 \times 10^9$ КОЕ/мл бактерий *Lactiplantibacillus spp.*

Дальнейшие исследования направлены на определение эффективности прототипа биопрепарата в условиях животноводческого комплекса.

Исследование выполнено в рамках реализации Программы развития университета на 2021-2030 годы в рамках реализации программы стратегического академического лидерства «Приоритет 2030», проект «Поликомпонентный пробиотик на основе штаммов *Bacillus spp.*».



ВЫДЕЛЕНИЕ ВПРНК ИЗ БИОМАССЫ КЛЕТОК *KLUYVEROMYCES LACTIS RCAM05938*

И.Ю. Евдокимов^{1}, Д.Е. Дудник¹, М.В. Ширманов¹, А.Н. Иркитова¹*

¹ ФГБОУ ВО «Алтайский государственный университет», Барнаул, Россия

* email: ivan.evdokimov.92@mail.ru

В качестве экспериментального материала использовалась биомасса штамма *Kluyveromyces lactis RCAM05938*, реципиента, платформы для разработки генно-инженерных продуцентов ценных БАВ. 600 г концентрированной микробной массы, после ферментации и центрифугирования, смешали с 1800 мл 2%-ного раствора олеиновой кислоты (рН=7,5). Разделили на 3 части, по 800 мл для каждого варианта опыта. 1 вариант (В1) выдержали при $99\pm 1^\circ\text{C}$ в течении 80 мин; 2 вариант (В2) выдержали при $99\pm 1^\circ\text{C}$ в течении 80 мин, после остужения подвергли 3 циклам ультразвуковой обработки по 5 мин каждый (интенсивность $УЗ=10\text{ Вт/см}^2$, частота $УЗ=22\text{ кГц}$, мощность 150 Вт); 3 вариант (В3) выдержали в автоклаве при $120\pm 1^\circ\text{C}$, 1,5 бар в течении 110 мин.

После остывания образцы центрифугировали при 4100 об./мин (3007g) в течении 20 мин. Надосадочные жидкости смешали в соотношении 50/50 с изопропанолом, суспензии выдержали при $+4^\circ\text{C}$ в течении 72 ч, центрифугировали, заморозили, лиофилизировали. В высушенных концентратах измерили содержание вПРНК по методу Спирина.

По результатам микроскопического анализа, клетки после прогрева во всех вариантах были разрушены.

После осаждения изопропанолом получили осадки массой, г: В1 – 7,30, В2 – 8,87, В3 – 20,98. После лиофилизации получили сухие формы НК массой, г: В1 – 2,78; В2 – 3,27, В3 – 10,20.

В результате измерения содержания вПРНК в лиофилизированных образцах получили, мг/г: В1 – 25,4, В2 – 35,4, В3 – 36,2. При переводе в процентное содержание, %: В1 – 2,5, В2 – 3,5, В3 – 3,6.

Таким образом, содержание вПРНК при начальном разрушении клеток в условиях повышенной температуры и давления ($120\pm 1^\circ\text{C}$, 1,5 бар в течении 110 мин) наибольшее, как и количество высушенной массы НК.

Исследование поддержано грантом Губернатора Алтайского края в форме субсидий для разработки качественно новых технологий, создания инновационных продуктов и услуг в сферах переработки и производства пищевых продуктов, фармацевтического производства и биотехнологий (соглашение № 30-2024-004271).



**ГОСУДАРСТВЕННАЯ КОЛЛЕКЦИЯ ФИТОПАТОГЕННЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ
ФГБНУ ВНИИФ И ЕЕ РОЛЬ В РАЗВИТИИ
УСТОЙЧИВОГО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА В РОССИИ**

Н.С. Жемчужина^{1}, Н.В. Стацюк¹, Т.М. Коломиец¹, В.М. Андреевская¹*

¹ ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт фитопатологии,
Большие Вяземы, Россия
* email: zhemch@mail.ru

ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт фитопатологии» – один из старейших и наиболее авторитетных научных центров России, занимающийся фитосанитарным мониторингом сельскохозяйственных земель страны и разработкой теоретических основ и практических методов защиты растений от болезней различной этиологии, а также сорняков и вредителей.

Государственная коллекция фитопатогенных микроорганизмов (ГКФМ) начала создаваться в институте более 50 лет назад. В 1996 г. она получила статус Государственной коллекции. Коллекция включает свыше 4000 штаммов и ежегодно пополняется новыми образцами. Она включает в себя фитопатогенные грибы, бактерии и оомицеты, а также отдельный раздел коллекции содержит 80 изогенных линий пшеницы и риса, необходимых для исследования генетической структуры популяций патогенов этих культур, и более 20 сортов-дифференциаторов картофеля, используемых для изучения популяций возбудителя фитофтороза.

ГКФМ служит важнейшим научным ресурсом не только для самого ФГБНУ ВНИИФ, но и для целого ряда научных и производственных организаций, работающих в области селекции и семеноводства, разработки средств защиты растений и производства сельскохозяйственной продукции. Опережающая селекция сельскохозяйственных культур на иммунитет и создание болезнестойчивых сортов невозможны без проведения лабораторных и полевых испытаний с использованием высокопатогенных коллекционных штаммов, а создание новых средств защиты растений от болезней или диагностики и идентификации возбудителей этих болезней - без оценки их эффективности в лабораторных и полевых условиях на широком спектре фитопатогенов. Ежегодно коллекция получает десятки запросов на наработку и передачу биоматериала как от сотрудников института, так и от внешних заказчиков, что подтверждает ее высокую востребованность.



ЭФФЕКТИВНОСТЬ ШТАММА *BACILLUS AMILOLIQUEFACIENS* P20 ПРИ ВЫРАЩИВАНИИ НОВЫХ СОРТОВ ОТЕЧЕСТВЕННОГО КАРТОФЕЛЯ НА СЕМЕННЫЕ ЦЕЛИ

А.Н. Заплаткин^{1*}, В.К. Чеботарь^{1**}, О.В. Келейникова¹, М.Е. Баганова¹,
А.В. Хютту², А.А. Быстрицкий³

¹ ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии,
Санкт-Петербург, Россия

² ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений,
Санкт-Петербург, Россия

³ Общество с ограниченной ответственностью «АгроИнтер», Ленинградская область, Россия
email: * an.zaplatkin@arriam.ru ** vladchebotar@arriam.ru

Производство качественного картофеля сопряжено с повышенным применением химических средств защиты. Высокая пестицидная нагрузка, в свою очередь, приводит к формированию резистентности и увеличению вредоносности отдельных патогенов. Для экологической стабильности растениеводства актуальны подходы, предполагающие совместное использование химических и биологических средств защиты на основе биоконтрольных микроорганизмов — естественных обитателей экосистемы, позволяющих избежать нежелательных изменений в биоценозах.

На основе штамма *Bacillus amiloliquefaciens* P20 создан препарат для защиты от комплекса грибных болезней под названием Ризофайт, разработана технология его производства и применения. В лабораторных опытах штамм *B. amiloliquefaciens* P20 способен ингибировать рост фитопатогенных грибов *Rhizoctonia solani*, *Fusarium solani* и *Alternaria solani*, а также фитопатогенных бактерий *Pectobacterium atrosepticum* и *Clavibacter michiganensis*.

Производственные испытания штамма *Bacillus amiloliquefaciens* P20, проведенные с 2021 по 2024 год в Ленинградской области на базе ООО «АгроИнтер» на сортах Чароит, Гусар и Садон показали:

- повышение биологической эффективности в сдерживании ризоктониоза на 15,4 – 15,7 % при совместном применении химических протравителей и бактериального штамма относительно хозяйственной схемы выращивания;
- увеличение количества заложённых клубней у растений инокулированных штаммом P20, в среднем на 3 штуки с куста;
- повышение урожайности картофеля на 2,3 – 8,3 т/га к хозяйственной схеме выращивания при дополнительном включении штамма в химическую схему защиты.

Помимо защитного действия штамм *Bacillus amiloliquefaciens* P20, снижает ретардантный эффект от применения химических протравителей, стимулирует рост растений и формирование урожая.

Работа выполнена при финансовой поддержке проекта «Развитие селекции и семеноводства картофеля в Российской Федерации» Федеральной научно-технической программы развития сельского хозяйства на 2017-2025 годы.



ЭФФЕКТИВНОСТЬ БИОПРЕПАРАТА ЭНДОФИТНЫХ БАКТЕРИЙ *BACILLUS AMYLOLIQUIFACIENS* V417 В ПОЛЕВЫХ ОПЫТАХ С ЗЕРНОВЫМИ И ТЕХНИЧЕСКИМИ КУЛЬТУРАМИ

О.В. Келейникова¹, Х.А. Хусейнов², М.Е. Баганова¹, А.Н. Заплаткин¹, В.Н. Пищик¹,
Е.П. Чижевская¹, В.К. Чеботарь¹

¹ ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

² Чеченский научно-исследовательский институт сельского хозяйства, Грозный, Россия

* email: ov.keleinikova@arriam.ru

Для создания нового микробиологического препарата на основе эндофитных бактерий, который мог бы использоваться для стимуляции развития растений и их защиты от болезней, необходимо определить как целевые сельскохозяйственные виды растений, так и функциональные возможности создаваемого препарата. В течение вегетации изучалось влияние различных приемов обработки почвы с использованием минеральных и органических удобрений, а также биопрепарата эндофитных бактерий *Bacillus amyloliquifaciens* на продуктивность культур зернопропашного севооборота. Урожайность пшеницы в вариантах опыта составила от 3,6 до 6,5 т/га. Использование биопрепарата на основе штамма V417 на том же фоне при дисковании обеспечило прибавку урожая 69,4 % относительно контроля. Совместное применение биопрепарата с NPK при дисковании на фоне навоза позволило увеличить урожайность озимой пшеницы до 6,3 т/га. Урожайность овса варьировала по вариантам опыта в широких пределах – от 1,7 до 3,9 т/га. Использование биопрепарата на основе штамма V417 при дисковании и чизелевании повысило урожайность овса вдвое – на 94,4 и 111,8 % соответственно. Наибольшую прибавку урожая гороха (75 %) обеспечило совместное применение NPK и биопрепарата на основе штамма V417 при вспашке. Использование биопрепарата на основе штамма V417 при вспашке и дисковании дало прибавку 24%, а совместное применение NPK и биопрепарата при чизелевании – 18,5 %. При применении удобрений и биопрепарата на фоне навоза горохоовсяная смесь дала прибавку урожайности на 0,8 – 1,3 т/га, Биопрепарат способствовал увеличению накопления азота в пожнивно-корневых остатках в среднем на 12 %.

Работа выполнена при поддержке Минобрнауки России в рамках проекта «Разработка и создание биофунгицидов комплексного действия на основе наиболее эффективных штаммов эндофитных бактерий» (FGEW-2023-0018).



ПРИМЕНИМОСТЬ TRAP-МАРКЕРНОЙ СИСТЕМЫ ДЛЯ ОЦЕНКИ МИКРОБИОМА СЕНАЖА ПРИ РАЗНЫХ УСЛОВИЯХ ФЕРМЕНТИРОВАНИЯ КОРМОВ

Е.Ю. Кривопуск^{1}, А.О. Шамустакимова¹*

ФГБНУ «Федеральный научный центр кормопроизводства и агроэкологии им. В.Р. Вильямса»,
Лобня, Россия

* email: ekaterinakrivopusk@gmail.com

В современных условиях интенсивного животноводства особую ценность приобретают высококачественные корма, позволяющие максимально сохранить питательные вещества растений. Одним из таких кормов является сенаж. Сенаж обладает высокой энергетической и протеиновой ценностью, что делает его неотъемлемым компонентом рациона всех видов сельскохозяйственных животных.

Данные о составе и метаболической активности микроорганизмов, обитающих на основных видах кормовых растений и в готовых ферментируемых кормах, - недостаточны и фрагментарны. В связи с этим особенно актуальны исследования, посвященные анализу микробных сообществ растительного сырья.

Целью исследования была оценка применимости TRAP-маркерной системы для анализа ДНК-профиля микробиома сенажа.

Объектом исследования служили образцы сенажа из люцерны сорта Вега 87 без добавок и с применением химических и биологических консервантов. В качестве контроля была взята люцерна сорта Вега 87. Опыт проводили в трехкратной биологической повторности. Геномную ДНК выделяли модифицированным SDS-методом. ПЦР-амплификацию проводили с использованием TRAP-маркерной системы, где один праймер заякорен на ген бактериальной 16S рибосомальной РНК, а второй является неспецифичным.

Проанализировано 8 комбинаций, из них 5 выявили различия в полученных ДНК-профилях. Эти различия могут свидетельствовать о разном микробном составе сенажа при различных способах ферментирования (без добавок, с применением химических и биологических консервантов).

Потенциально, TRAP-маркерная система позволит детектировать изменения профиля микробиома при различных условиях и на разных этапах заготовки и ферментации кормов.



ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ УСТОЙЧИВОСТИ РИЗОСФЕРНОЙ БАКТЕРИИ *ACHROMOBACTER INSOLITUS* LCU2 К ТОКСИКАНТАМ

Ю.А. Кусмарцева^{1,2*}, Г.Л. Бурьгин^{1,2}

¹ Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов,
ФИЦ «Саратовский научный центр РАН», Саратов, Россия

² ФГБОУ ВО «Саратовский государственный университет генетики, биотехнологии и
инженерии им. Н.И. Вавилова», Саратов, Россия

* email: Yulia-Kusmarceva@yandex.ru

Быстрое распространение бактерий с множественной лекарственной устойчивостью (МЛУ) к действию антибиотиков обуславливает необходимость разработки новых моделей и подходов для изучения соответствующих механизмов для борьбы с такими микроорганизмами. Одним из основных путей формирования резистентности является выброс антибиотиков из клетки с помощью систем эффлюкса. Для разных групп бактерий описано несколько типов RND-систем эффлюкса, обеспечивающих устойчивость к широкому спектру токсикантов, например, к антибиотикам и тяжёлым металлам. Ранее нами из корней *Medicago sativa* L. был выделен ризосферный штамм *Achromobacter insolitus* LCU2, демонстрирующий устойчивость к широкому спектру токсичных веществ. Геном этого штамма был секвенирован и депонирован в GenBank (CP038034.1). Целью данной работы было исследование активности генов белков RND-систем эффлюкса штамма LCU2 в присутствии различных токсикантов.

Анализ генома позволил идентифицировать 9 генных кластеров, кодирующих белки разных типов RND-систем эффлюкса (*AxyXY-OprZ*, *MexIW-ToIC*, *MexKJ-OprM* и другие). К генам *toIC*, *oprM* и *oprZ* были подобраны праймеры для оценки их экспрессии методом ПЦР в реальном времени. Было установлено повышение уровней экспрессии данных генов при добавлении в среду культивирования токсикантов (антибиотиков и солей тяжёлых металлов), что позволило соотнести генные кластеры RND-систем с устойчивостью к определённому антибиотику или иону тяжёлого металла.

Полученные данные подтверждают, что основной механизм устойчивости штамма LCU2 к токсикантам — это система эффлюкса, обеспечивающая активное выведение вредных соединений из клетки. Выявленные особенности делают штамм перспективным объектом для дальнейших исследований, направленных на разработку решений в области биоремедиации и контроля бактерий с МЛУ.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-24-00520, <https://rscf.ru/project/24-24-00520/>.



ИССЛЕДОВАНИЕ ДЕСТРУКЦИИ НЕФТЕПРОДУКТОВ БАКТЕРИЕЙ *ALCANIVORAX BORKUMENSIS* (DSM 11573) В ЛАБОРАТОРНЫХ УСЛОВИЯХ

А.С. Моругина¹, А.А. Платонова¹, Н.А. Несговорова¹, Д.А. Карпицкий^{1,2*},
Р.И. Аль-Шехадат¹

¹ ООО "Иннова плюс", Санкт-Петербург, Россия

² Институт химии Санкт-Петербургского государственного университета, Санкт-Петербург, Россия

* email: karpickiy.dim@gmail.com

Загрязнение окружающей среды нефтепродуктами – острая экологическая проблема современности. Особую опасность представляют нефтяные разливы в прибрежных зонах, где углеводороды проникают в песчаные почвы и образуют устойчивые загрязнения. Традиционные методы очистки зачастую оказываются дорогостоящими и недостаточно эффективными, в связи с чем возрастает интерес к биологическим способам утилизации нефти с использованием микроорганизмов.

В данной работе исследовалась способность нефтеокисляющей бактерии *Alcanivorax borkumensis* (DSM 11573) разрушать углеводороды. В ходе исследования изучалась деградация двух видов нефти (П10417ГС и П42347ГС, Приобское месторождение, г. Ханты-Мансийск) при концентрациях 1 – 4 % в жидких питательных средах Marine Broth и M9. Независимо оценивалась способность бактерии утилизировать мазут в составе природного субстрата – проб загрязненного песка, отобранных в феврале 2025 г. в прибрежной зоне г. Анапа после экологической катастрофы по разливу нефтепродуктов в акватории Черного моря (декабрь 2024 г.). Оценка эффективности деструкции нефтепродуктов осуществлялась методом гравиметрического определения сухого остатка после экстракции хлороформом. Контроль роста бактерий проводили путём измерения оптической плотности (ОП), pH, определением КОЕ.

Результаты показали, что *A. borkumensis* (DSM 11573) растет и на среде с нефтью, и на среде с загрязненным песком. В течение 7 суток эксперимента численность микроорганизма возрастала с $2 \cdot 10^8$ до 10^9 - 10^{10} кл/мл, а наибольшее значение ОП (600 нм) = 13,6 достигнуто в колбах с добавлением 1% нефти. Уменьшение массы экстрагируемой из водной фазы фракции (на 13,2-16,7% для проб с загрязненным песком и 6,4% для пробы нефти с низким содержанием асфальтенов) свидетельствует о потреблении штаммом нефтепродуктов.

Полученные данные подтверждают перспективность использования бактерии *A. borkumensis* для биоремедиации нефтезагрязненных территорий, включая прибрежные зоны.



СТРЕССОУСТОЙЧИВОСТЬ И ФАГОУСТОЙЧИВОСТЬ ШТАММОВ *SINORHIZOBIUM MELILOTI*

В.С. Мунтян^{1*}, А.П. Козлова¹, А.С. Саксаганская¹, М.Е. Владимирова, А.Н. Мунтян¹,
М.Л. Румянцева¹

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение "Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии", Санкт-Петербург, Пушкин, Россия

* email: yucovar@arriam.ru

Стрессороустойчивость микроорганизмов — это фактор, определяющий их способность сохранять жизнеспособность при воздействии неблагоприятных факторов окружающей среды, среди которых изменение температуры, pH, осмотический стресс. В окружающей среде, например в почве, присутствуют бактериофаги, которые негативно влияют на численность бактерий, вызывая их лизис. Целью исследования был анализ стрессороустойчивости и фагоустойчивости симбиотически активных штаммов *Sinorhizobium meliloti*, симбионтов люцерны из Приаральского центра интрагрессивной гибридизации растений рода *Medicago*, подвергнувшегося вторичному засолению. Анализ штаммов по устойчивости к 14 почвенным фагам, выделенным в географически различных регионах, показал, что среди них можно было выделить фагоустойчивые, фагочувствительные штаммы и штаммы, различавшиеся по устойчивости к тем или иным фагам из указанной группы. Было отобрано 4 высокоэффективных штамма, контрастно различавшихся по солеустойчивости и фагоустойчивости, геномы которых были секвенированы методами высокопроизводительного секвенирования, собраны и аннотированы. Проведен анализ 87 белков, относящихся к 10 системам, вовлеченным в ответ на солевой стресс, что позволило выявить значимые замены аминокислот в белках, вовлеченных в путь синтеза ряда осмопротекторов, а также структурные изменения у АТФ-зависимого транспортера K⁺ у штаммов различающихся по стрессороустойчивости. Показано, что 7 из 18 антифаговых систем защиты клетки встречались либо у фагоустойчивых, либо у фагочувствительных штаммов, в том числе системы, сходные по механизму действия с системой токсин-антитоксин. Сделан вывод, что системы стрессороустойчивости и фагоустойчивости наследуются независимо, а сочетание тех или иных систем является штаммоспецифичной характеристикой. Отобранные высокоэффективные стрессороустойчивые и фагоустойчивые штаммы рекомендованы для производства биопрепаратов в целях развития устойчивого земледелия.

Работа выполнена при поддержке РФФ 24-26-00274.



МИКРОБИОМ РАЗНОВОЗРАСТНЫХ ЗАЛЕЖНЫХ ПОЧВ ЛЕНИНГРАДСКОЙ ОБЛАСТИ

*Т.И. Низамутдинов¹, В.И. Поляков¹, А.К. Кимеклис², Г.А. Гладков², И.Д. Кушнов¹,
Е.Е. Андронов², Е.В. Абакумов^{1,2*}*

¹ Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

² ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

³ ФГБНУ ФИЦ «Почвенный институт им. В.В. Докучаева», Москва, Россия

⁴ Уфимский институт биологии УФИЦ РАН, Уфа, Россия

* email: e_abakumov@mail.ru

Целью исследования является изучение трансформации почвенного микробиома в хроносерию залежи в условиях Северо-Западного региона России. Поэтому было проведено таксономическое профилирование на основе ампликонного секвенирования ДНК из почв залежных земель, формирующихся на различных литологических субстратах. Одним из объектов являлись три площадки в Выборгском районе: фон, представленный торфяно-элювоземом оглеенным, а также осушенные дренажом залежи 15-ти и 30-ти лет. Второй объект представляет собой три площадки в Лодейнопольском районе, среди которых фоном является подзол иллювиально-железистый псевдофибровый, а залежи представлены двумя площадками 30-ти и 86-ти лет с залежными дерново-подзолами.

Было проведено сравнение количества бактерий (выраженных в виде оперонов на грамм почвы) по двум указанным датасетам с использованием метода ПЦР в реальном времени. Наибольшее количество бактерий обнаруживается в верхнем горизонте почвы, и оно достоверно снижается при движении к нижним горизонтам почвы, практически исчезая в материнской породе. В верхних агрогенных и ненарушенных горизонтах количество бактерий отличается: для горизонта подстилки ОТ фонового образца это значение выше (более $5,6 \cdot 10^9$), чем для пахотного горизонта РУ в залежи (не более $2,7 \cdot 10^9$). В пахотных горизонтах более старых залежей бактерий больше, чем в более молодых почвах залежей. В нижних горизонтах обнаруживается много бактерий, в элювиальном Е горизонте фоновых почв это около $1,8 \cdot 10^9$. В горизонте В фоновой почвы бактериальных оперонов больше, чем в залежных почвах, что может быть связано с гидрологическим режимом почвы.

Анализ альфа-разнообразия микробиомов почв показал, что залежные почвы сохраняют богатое разнообразие микробиоты, не характерное для фоновых почв этого региона. Минимальным разнообразием таксонов характеризуется фоновый песчаный подзол.

Работа выполнена при поддержке гранта РНФ № № 23–16-20003 (соглашение от 20.04.2023) и гранта СПбНФ № 23-16-20003 (соглашение от 05.05.2023).



ВЫЯВЛЕНЫ НОВЫЕ МИКРООРГАНИЗМЫ - ПРОДУЦЕНТЫ КАРОТИНОИДОВ, СПОСОБНЫЕ УТИЛИЗИРОВАТЬ ВТОРИЧНОЕ РАСТИТЕЛЬНОЕ СЫРЬЁ

А.О. Причепы^{1}*

¹ Всероссийский научно-исследовательский институт пищевых добавок - филиал
Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный научный
центр пищевых систем им. В.М. Горбатова» РАН, Санкт-Петербург, Россия

* email: prichepa.a@yandex.ru

Каротиноиды представляют собой группу гидрофобных пигментов, обладающих углеводородным скелетом, и широко распространены в природе, особенно в высших растениях, а также в микроорганизмах. Однако животные не обладают способностью синтезировать каротиноиды самостоятельно. Поэтому для их получения полагаются на источники пищевого направления, это нутриенты.

На сегодняшний день существует несколько методов получения каротиноидов. Наиболее распространенными являются экстракция из растительного сырья и химический синтез. Тем не менее, наиболее перспективным и экологически чистым способом является микробиологический синтез каротиноидов. Этот метод позволяет использовать вторичные растительные остатки в качестве субстрата для производства пигментов. Утилизация таких остатков представляет собой важную задачу как с экономической точки зрения, так и с точки зрения охраны окружающей среды. Использование недорогих растительных остатков не только снижает затраты на производство, но и помогает решить проблемы утилизации отходов.

В рамках данной работы будет проведен поиск и идентификация бактерий, способных синтезировать каротиноиды. Это исследование направлено на выявление новых штаммов микроорганизмов, которые могут быть использованы для эффективного микробиологического синтеза пигментов.

Работа выполнена по теме Государственного задания «Исследовать биотехнологический потенциал микроорганизмов, выделенных из микробных сообществ побочного сельскохозяйственного, пищевого и природного сырья в процессах его переработки и синтеза в целях создания ингредиентов функционального назначения, продуктов ""зеленого бренда"" и снижения экологической нагрузки и повышения устойчивости экосистем» (№FGUS-2022-0003).



ИССЛЕДОВАНИЕ ЭНДОФИТНЫХ ШТАММОВ, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ СЕМЯН ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ И ЯРОВОГО РАПСА ДЛЯ СОЗДАНИЯ БИОУДОБРЕНИЙ КОМПЛЕКСНОГО ДЕЙСТВИЯ

Ю.К. Родыгина^{1,2*}, М.В. Худяева², А.В. Ерофеева², В.К. Чеботарь²

¹ ФГАОУ ВО Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого, Санкт-Петербург, Россия

² ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург - Пушкин, Россия

* email: julia_rodygina0209@mail.ru

В последнее десятилетие большое внимание уделяется исследованию влияния эндофитных бактерий на жизнедеятельность растений. Способность эндофитов проводить часть своего жизненного цикла во внутренних тканях растения, позволяет им вступать в тесные контакты с растением-хозяином. Показано, что многие эндофитные бактерии могут синтезировать фитогормоны, витамины, растворять труднодоступные соединения фосфора, фиксировать из атмосферы молекулярный азот, а также продуцировать вещества и ферменты, ингибирующие развитие фитопатогенных микроорганизмов. В связи с этим, эндофитные бактерии, рассматриваются как перспективные кандидаты для создания биоудобрений. Исследована коллекция эндофитных бактерий, выделенных из семян рапса ярового сорта Оредеж-6 (*Brassica napus* L.) и пшеницы яровой сорта Ленинградская-6 (*Triticum aestivum* L.). Всего из семян было выделено 9 штаммов эндофитных бактерий: 3 из ярового рапса и 6 из яровой пшеницы. Идентификация эндофитных бактерий с помощью молекулярно-генетического анализа 16S рНК показала, что они относятся к родам *Bacillus*, *Micrococcus*, *Citrobacter* и *Paenibacillus*.

Анализ ферментативной активности изолятов показал, что 4 штамма обладают амилолитической, 3 - протеолитической, 4 - целлюлозолитической, 2 - азотфиксирующей и 2 - фосфатмобилизирующей активностью. Штамм Вnn03D продуцировал аммиак. Показано, что все исследуемые штаммы были устойчивы к 1% NaCl и к 5% NaCl (кроме штамма Таn01D). Штамм Вnn03D был способен к росту при 10% NaCl, а штамм Таn02D при 20% NaCl.

Выделенные эндофитные бактерии из семян рапса ярового и пшеницы яровой обладают рядом полезных свойств и могут рассматриваться в качестве перспективных кандидатов для разработки микробиологических препаратов, направленных на борьбу с биотическими и абиотическими стрессовыми факторами окружающей среды.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда, проект № 23-66-10013.



РАСШИРЕНИЕ ТАКСОНОМИЧЕСКИХ ГРАНИЦ РОДА *PSYCHROBACILLUS*: НОВЫЙ ПРЕДСТАВИТЕЛЬ ИЗ ГОРНОЙ ПОЧВЫ

М.Н. Романенко^{1,2*}, А.Е. Шиков¹, Г.К. Савельев^{1,2}, Ф.М. Шматов¹, Ю.А. Савина¹,
И.Г. Кузнецова¹, О.Б. Чивкунова³, А.Е. Соловченко³, А.А. Нижников^{1,2}, К.С. Антонец^{1,2}

¹ ФГБНУ ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

² Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

³ Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

* email: m.romanenko@arriam.ru

Род *Psychrobacillus* (семейство *Bacillaceae*) объединяет бактерии, обитающие в разнообразных природных экосистемах, таких как почвы и водоёмы. Он был выделен как самостоятельная таксономическая группа в результате пересмотра классификации рода *Bacillus* с использованием полифазного подхода. Представители *Psychrobacillus* характеризуются широкой экологической адаптацией и разнообразием физиолого-биохимических признаков.

В рамках нашего исследования из почвы, собранной в районе озера Сылтранкель (Кабардино-Балкария), был изолирован новый вид рода *Psychrobacillus*. Клетки — палочковидной формы, грамотрицательные, размером (0,5–0,7) × (2,0–3,5) мкм, образуют грязно-жёлтые матовые колонии диаметром 2–5 мм. Спорообразование отсутствует. Микроскопия (световая и электронная) выявила подвижность и перитрихальные жгутики. Оптимальный рост наблюдался при pH 6,5, температуре 30 °C и 0,5 % NaCl на среде 2TY. Штамм каталазоположительный, уреазонегативный, метаболизировал 45 из 71 субстрата в системе GENIII Microplate и был устойчив к налидиксовой кислоте. В профиле жирных кислот преобладали C14:0 (16 %) и C14:1 (52,8 %).

Анализ геномов показал низкие значения DDH и ANI при сравнении с типовым штаммом *P. glaciei* PB01 — 31 % и 84,44 % соответственно, что ниже порогов, принятых для определения видов. Уникальность изолята подтверждается наличием восьми кластеров генов биосинтеза вторичных метаболитов, включая отдалённый гомолог гена биосинтеза стрептозотоцина (идентичность 7,69 %), ранее не выявленного ни у одного другого представителя рода по данным базы NCBI Assembly. Поскольку стрептозотоцин типично продуцируется актинобактериями рода *Streptomyces*, наличие подобного кластера у *Psychrobacillus* подчёркивает потенциальную новизну метаболического профиля изученного вида.

Совокупность морфологических, физиолого-биохимических и геномных данных указывает на принадлежность изолята к новому виду рода *Psychrobacillus*. Штамм представляет интерес с таксономической и прикладной точки зрения.



ОТ КИШЕЧНИКА ДО ПОЧВЫ: МНОГООБРАЗИЕ И БИОТОПИЧЕСКАЯ СПЕЦИФИЧНОСТЬ ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ СЕМЕЙСТВА *LACTOBACILLACEAE*

Т.С. Соколова^{1*}, Е.Р. Вольф¹, А.Э. Сазонов¹, З.Б. Намсараев¹, И.Р. Акбердин¹

¹ Научный центр генетики и наук о жизни, Научно-технологический университет «Сириус»,
Сириус, Россия

* email: sokolova.ts@talantiuspeh.ru

Представители семейства *Lactobacillaceae* играют ключевую роль в различных экосистемах: от желудочно-кишечного тракта животных и до пищевых продуктов. Несмотря на распространенность и практическую значимость, многие аспекты экологического распределения этих бактерий остаются малоизученными. Анализ экологических ниш позволит выявить закономерности их распределения и потенциальные места обитания.

Проведенный анализ включал более 2000000 записей из базы данных Nucleotide по 4009 таксономическим единицам семейства *Lactobacillaceae*. В ходе анализа выявлено широкое распространение бактериальных штаммов этого семейства. Все источники изолятов были систематизированы в 4 экологические группы: микробиомы животных (Animal), микробиомы растений (Plant), продукты питания (Product) и природные среды (Environment).

Наибольшее количество изолятов (51%) было зарегистрировано в продуктах питания, где продукты растительного происхождения составили 55%, а животного происхождения - 39%, из которых 69% молочная продукция. В 6% случаев принадлежность изолята к конкретной подгруппе не уточняется. Второй по представленности являются микробиомы животных, среди которых доминируют изоляты из человека (18%), млекопитающих (13%) и насекомых (11%). На рыб и птиц приходится по 4%. В 49% принадлежность образца не специфицирована. Среди природных сред (12%) наиболее распространенными местообитаниями оказались органические отходы (36%) и антропогенные (29%) экосистемы.

Полученные результаты важны для понимания экологической пластичности *Lactobacillaceae* и могут быть использованы для поиска штаммов с уникальными физиологическими свойствами, связанными с условиями обитания. Выявленные закономерности распределения *Lactobacillaceae* подчеркивают необходимость стандартизации метаданных при депонировании в базы данных и указывают на перспективные направления для поиска новых штаммов в малоизученных биотопах.

Финансирование: Исследование поддержано грантом ФТ «Сириус» соглашение №18-03 от 10.09.2024.



ИЗУЧЕНИЕ ПОТЕНЦИАЛА ШТАММОВ *PANTOEA BRENNERI* В КАЧЕСТВЕ АГЕНТОВ БИОРЕМЕДИАЦИИ ПОЧВ

Л.В. Сокольникова^{1*}, Р.Р. Исламов¹, Е.С. Васильева¹, А.Д. Сулейманова¹

¹ ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский) федеральный университет», Казань, Россия

* email: idasok00@mail.ru

Загрязнение окружающей среды тяжелыми металлами в последние десятилетия является одной из основных экологических проблем, поскольку индустриализация и усиление антропогенной деятельности ускорили их высвобождение в водные и почвенные экосистемы. Эти токсичные вещества наносят вред растениям, а также опасны для здоровья человека и животных и могут приводить к различным заболеваниям. Экологически безопасным решением данной проблемы является биоремедиация с помощью ризосферных микроорганизмов. Исследования показали, что бактерии рода *Pantoea* способны снижать доступность тяжелых металлов в почвах и являются перспективными агентами биоремедиации. Целью работы было оценить устойчивость штаммов *Pantoea brenneri* 3.1, 3.2, 3.5.2 и 3.6.1 к тяжелым металлам.

Исследование проводили на твердой и жидкой питательной среде LB, содержащей кадмий, медь, цинк и хром. В качестве источников тяжелых металлов использовали хлорид кадмия (CdCl_2) в концентрации 0-200 мг/л, хлорид меди (CuCl_2), сульфат цинка (ZnSO_4) и дихромат калия ($\text{K}_2\text{Cr}_2\text{O}_7$) в концентрации 0-1600 мг/л. Чувствительность штаммов к данным соединениям оценивали с помощью определения минимальной ингибирующей концентрации (МИК) путем серий двукратных разведений.

Установили, что все исследуемые штаммы были способны расти как на твердой, так и на жидкой питательной среде в присутствии максимальной концентрации CdCl_2 . Для CuCl_2 МИК на жидкой среде составила 800 мг/л, тогда как на агаризованной среде штаммы росли при максимальной концентрации данного соединения. МИК хрома для всех штаммов на твердой питательной среде составила 800 мг/л, а на жидкой – 100 мг/л. Для штаммов 3.1, 3.2 и 3.6.1 МИК цинка была равна 800 мг/л, однако для штамма 3.5.2 МИК составила 800 и 400 мг/л на жидкой и агаризованной питательных средах, соответственно.

Таким образом, исследуемые штаммы *Pantoea brenneri* способны расти в присутствии таких тяжелых металлов, как медь, цинк, хром и кадмий.

Исследование выполнено при поддержке гранта РФФИ №24-26-00289.



ПОЛУЧЕНИЕ БАКТЕРИАЛЬНОГО БИОСЕНСОРА ДЛЯ ПОИСКА НОВЫХ АНТИМИКРОБНЫХ И АНТИМИКОТИЧЕСКИХ ВЕЩЕСТВ

А.С. Сыровой^{1*}, В.А. Дорошенко¹, А.И. Калганова¹, С.С. Терехов¹

¹ Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова, РАН,
Москва, Россия

* email: artemsvrv@mail.ru

В условиях растущей проблемы антибиотикорезистентности разработка альтернативных методов борьбы с нежелательными микроорганизмами приобретает особую актуальность. Одним из многообещающих подходов является использование антимикробных пептидов (АМП). Целью исследования было создание генетически модифицированных штаммов бактерий для кокультивации с дрожжевыми клетками. Исследование кокультивации позволяет сформировать систему отбора, в которой бактерии-патогены в качестве таргетов при скринировании комбинаторных библиотек АМП, экспрессируемые дрожжевыми клетками-продуцентами. В качестве отдельного направления применения можно выделить осуществление поиска потенциальных антимикотических веществ, выделяемых бактериями. Для поиска молекул, активных в отношении штаммов ESCAPE-патогенов, в качестве бактерии-мишени использовались следующие патогенные штаммы: *Pseudomonas aeruginosa* Ps1, *Klebsiella pneumoniae* 0960, *Escherichia coli* ATCC 25922. Данные бактерии были трансформированы для получения штаммов, конститутивно продуцирующих зеленый флуоресцентный белок. Кокультивация осуществлялась внутри капель биосовместимой двойной и однократной эмульсий. Внутри каждой капли продуцент нарабатывает одно из соединений комбинаторной библиотеки, в то же время бактериальные клетки реализуют факторы вирулентности против продуцента. С помощью флуоресцентного сигнала детектировалось наличие микроорганизмов в каплях эмульсии методами проточной цитофлуориметрии и флуоресцентной микроскопии. Также осуществлялся высев на селективные питательные среды для оценки численности микроорганизмов. Было показано, что размножение бактериальных и дрожжевых клеток происходит внутри капель двойной и однократной эмульсии при использовании не только общепризнанного фторуглеродного масла, но и минерального. Результаты работы позволяют адаптировать и интенсифицировать систему отбора антимикробных и антимикотических веществ.

Исследование выполнено при поддержке Минобрнауки России Соглашение № 075-15-2024-536.



АРКТИЧЕСКИЕ БАКТЕРИИ – ПЕРСПЕКТИВНЫЙ ИСТОЧНИК АНТИБИОТИЧЕСКИХ ВЕЩЕСТВ

Д.А. Трошина^{1,2*}, В.И. Кроленко³, М.Н. Романенко^{4,5}, А.Е. Шиков⁴, О.П. Коновалова⁶,
К.С. Антонец^{4,5}

1 Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия

2 Институт общей генетики имени Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия

3 Институт проблем экологии и эволюции имени А.Н. Северцова РАН, Москва, Россия

4 Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии,
Санкт-Петербург, Россия

5 Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

6 ООО «Центр морских исследований МГУ имени М.В. Ломоносова», Москва, Россия

* email: darya.troshina02@mail.ru

В настоящее время сельское хозяйство сталкивается с проблемой антибиотикорезистентности, что делает исследования новых антибиотических веществ крайне востребованными. Арктические бактерии представляют большой интерес как источники новых антибиотиков, благодаря их уникальным адаптациям к экстремальным условиям обитания, способности синтезировать неизученные биоактивные соединения и низкой вероятности перекрестной резистентности у патогенов.

В задачи исследования входит поиск бактерий, потенциально способных к продукции бактерицидных, фунгицидных и инсектицидных соединений, в донных отложениях и в микробиоте членистоногих Арктических морей России. Материал для данной работы был получен в 58-м рейсе НИС «Профессор Молчанов» в июле-августе 2024 г. Отбор образцов донных отложений проводился на 63 станциях на глубинах от 12 до 1700 м в Баренцевом, Карском море и море Лаптевых. В данных акваториях были отобраны 27 представителей класса Crustacea с проб донных отложений и воды. Исследование нуклеотидных последовательностей 16S рНК выделенных колоний показало распределение морских изолятов на 3 филы: Pseudomonadota, Actinomycetota, Bacillota, причем последний оказался наиболее многочисленным. Часть отобранных арктических изолятов продемонстрировала антагонистическую активность к растительным патогенам. Некоторые образцы полностью подавляли рост *Pseudomonas* sp. 8949, что свидетельствует о их потенциале как продуцентов антимикробных соединений. Представитель *Leuconostoc citreum*, полученный из каппод, отобранных в море Лаптевых, также проявил фунгицидный эффект по отношению *Alternaria solani* 46011.

Проведенное исследование доказывает, что арктические бактерии являются ценным ресурсом для поиска новых антимикробных агентов. Дальнейшая работа в этом направлении может значимый вклад в экологизацию сельского хозяйства.

Работа выполнена в рамках Всероссийской научно-образовательной программы «Плавучий университет» (соглашение №075-03-2024-117).



ИЗЫСКАНИЕ И СОХРАНЕНИЕ МИКРООРГАНИЗМОВ, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ ПОЧВЫ ТРОПИЧЕСКОЙ ПУСТЫНИ СИНАЙСКОГО ПОЛУОСТРОВА

Е.В. Храмцова^{1*}, А.Л. Кандыба¹, М.М. Мартынов¹, Б.Ф. Васильева¹, Ю.В. Бойкова¹,
А.А. Глухова¹, Т.А. Ефименко¹, О.В. Ефременкова¹

¹ ФГБНУ «Научно-исследовательский институт по изысканию новых антибиотиков имени Г.Ф. Гаузе», Москва, Россия

* email: kkhramtsova00@yandex.ru

Коллекции микроорганизмов имеют не только большое теоретическое значение, но и практическую значимость. Коллекция НИИ им. Гаузе сосредоточена на изыскание и сохранение природных изолятов – продуцентов антибиотиков. На современном этапе весьма актуальной является задача изыскания и сохранения штаммов – потенциальных продуцентов новых антибиотиков. Целесообразно исследовать микрофлору экстремальных биосистем, недостаточно изученную в этом направлении. Объектами исследования были микроорганизмы из почвы пустыни Синайского полуострова. Из 38 штаммов отобранных микроорганизмов 5 стрептомицетов и 2 бациллы проявили активность в отношении патогенных микроорганизмов, устойчивых к антибиотикам медицинского назначения. Все 7 штаммов заложены на длительное хранение в лиофилизированном виде в коллекции ИНА: *Streptomyces rochei* ИНА 01452 (ДНК, н.о. – 1313, совпадение – 100%, GenBank - PP702115), *S. rochei* ИНА 01509 (1256, 100%, PP702116), *Streptomyces sp.* ИНА 01511 (1341, 98,94%, PP905755), *S. heliomycini* ИНА 01513 (1441, 99,31%, PP905756), *Streptomyces sp.* ИНА 01423 (713, 99,02%, PP905757), *Bacillus subtilis* ИНА 01454 (1279, 99,77%, PP905758), *B. subtilis* ИНА 01510 (844, 100%, PP905759). Штамм *S. rochei* ИНА 01452 интересен тем, что проявляет активность в отношении антибиотикорезистентных тест-микроорганизмов: *Leuconostoc mesenteroides* ВКПМ В-4177 (устойчивость к гликопептидам); *Staphylococcus aureus* ИНА 00761 (MRSA); *Mycobacterium smegmatis* (тест-объект для поиска противотуберкулёзной активности); а также в отношении грамотрицательных бактерий, в том числе штамма *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853 (MDR). Таким образом, штамм *S. rochei* ИНА 01509 представляет интерес для химического изучения антимикробных веществ, преодолевающих антибиотикорезистентность бактерий. Поиск продуцентов антибиотиков из почвы пустыни Синайского полуострова является целесообразным, поскольку четверть выделенных бактерий проявляет антимикробную активность. Наиболее перспективный - штамм ИНА 01452.



ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ШТАММОВ *LIGILACTOBACILLUS SALIVARIUS*, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ ЧЕЛОВЕКА И ЖИВОТНЫХ

Д.Р. Хуснутдинова^{1*}, М.И. Маркелова¹, М.Н. Синягина¹, А.М. Сенина¹, С.Р. Абдулхаков¹,
Т.В. Григорьева¹

¹ ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский) федеральный университет», Казань, Россия

* email: dilyahusn@gmail.com

Ligilactobacillus salivarius – представители молочнокислых бактерий, которые широко распространены в микробиоте желудочно-кишечного тракта человека и животных. Однако генетическое разнообразие данного вида, связанное с адаптацией к разным экологическим нишам, хозяевам и их физиологическим состояниям, остается недостаточно изученным. В связи с этим, цель работы - проведение сравнительного полногеномного и MLST-анализа штаммов *L. salivarius*, выделенных от пациентов с болезнью Крона (БК), здоровых добровольцев (ЗД) и различных видов животных.

В исследовании проанализированы геномы 10 штаммов *L. salivarius*, выделенных из образцов кала пациентов с БК (5), здоровых добровольцев (4) и из пробиотического препарата (1). Выделение штаммов проводили с использованием среды MRS 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) и FaStaSeq (Genmind, Китай).

Для сравнительного полногеномного анализа были использованы полногеномные сборки штаммов из различных эконисш, доступные в NCBI: микробиота кур - 4, свиней – 21 и человека -10. Штаммы сгруппировались в соответствии с источником выделения. *L. salivarius*, выделенные от людей разделились на две подгруппы. В одну группу вошли все четыре штамма от ЗД и 2 штамма от пациентов с БК (ВН1-7, ВН7-4), одновременно объединившись в 10 сиквенс-тип. В другую вошли остальные 3 штамма от пациентов с БК (144/2021-8, 198vzk-4, 098/2021-6). Однако, они отнеслись к 2 и 18 сиквенс-типам, которые свойственны свиным штаммам. Пробиотический штамм Di6 также является близкородственным по отношению к штаммам из микробиоты свиней.

Работа выполнена за счет средств субсидии, выделенной Казанскому федеральному университету на выполнение государственного задания в сфере научной деятельности (проект № FZSM-2023-0013).



ГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ БАКТЕРИЙ РОДА *METHYLOCOCCUS* НА ПРЕДМЕТ СИСТЕМ ЗАЩИТЫ ОТ БАКТЕРИОФАГОВ

А.А. Чигирева^{1*}, И.Г. Низовцева², А.В. Резайкин^{2,3}, И.О. Стародумов², А.Е. Коренская⁴

1 Российский химико-технологический университет им. Д.И. Менделеева, Москва, Россия

2 Уральский федеральный университет им. первого Президента России Б.Н. Ельцина,
Екатеринбург, Россия

3 Уральский государственный медицинский университет, Екатеринбург, Россия

4 Без аффилиации

* email: cigirevaalina23@gmail.com

В связи с риском заражения бактериофагами бактерии разработали множество систем защиты. На данный момент известны системы с различными механизмами, начиная от ингибирования роста и индукции апоптоза при заражении или стрессе, до детекции и уничтожения конкретных профаговых последовательностей. Изучение данных механизмов у бактерий рода *Methylococcus* представляет особый интерес, поскольку данный род включает в себя промышленные штаммы, культивируемые для производства белка на основе метана, и заражение бактериофагами, как и самопроизвольная индукция апоптоза, могут привести к срыву процесса.

В данной работе было проанализировано 9 геномов рода *Methylococcus*, в результате чего было выявлено от 8 до 16 систем защиты в каждом из штаммов. Наиболее представленными являются системы, обеспечивающие защиту от бактериофагов путем распознавания и разрушения чужеродных последовательностей: во всех геномах обнаружены системы CRISPR-Cas и рестрикции-модификации типа I, также у половины штаммов выявлены системы BREX (bacteriophage exclusion), SoFic и система рестрикции-модификации типа III. Также у некоторых штаммов присутствуют системы защиты, обеспечивающие мониторинг целостности аппарата бактериальной клетки и вызывающие гибель клетки в случае заражения фагами (системы токсин-антитоксин, Abi система abortивной инфекции). Некоторые системы оказались уникальны для отдельных штаммов, что может свидетельствовать об их недавнем приобретении в ходе горизонтального переноса. Анализ гомологии генов по перечисленным системам защиты позволил определить характерные для рода подтипы и выделить штаммы с уникальными для рода системами, представляющими интерес для дальнейшего изучения. Полученные данные могут быть использованы для селекции и оптимизации штаммов с повышенной устойчивостью к бактериофагам в биотехнологических процессах.

Исследование выполнено при поддержке гранта РФФИ № 24-24-00454.



ПОЛИЭКСТРЕМОФИЛЬНЫЕ БАКТЕРИИ СОЛЕННЫХ ОЗЕР РОССИИ КАК ПРОДУЦЕНТЫ БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ СОЕДИНЕНИЙ

А.В. Чумак^{1*}

¹ Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Научно-исследовательский институт имени Г.Ф. Гаузе», Москва, Россия

* email: nastya-chymak@mail.ru

Устойчивость патогенных микроорганизмов к антибиотикам растет с каждым днем. Из-за неправильного и чрезмерного использования антибиотиков развивается антибиотикорезистентность и уже сейчас выбор антимикробных агентов является ограниченным, поэтому поиск новых антибиотических препаратов является важной задачей. Бациллы вызывают особый интерес вследствие своей способности продуцировать циклические липопептиды: сурфактины, итурины и фенгицины, активные в отношении патогенных грибов и бактерий. Алкалофильные виды актиномицетов также вызывают интерес благодаря своему антагонистическому потенциалу и выработки уникальных антимикробных метаболитов. Поиск новых природных соединений с антимикробной активностью среди бацилл и актиномицетов, выделенных из соленых озер Зун-Торей и Соленое является главной целью исследования.

Определяли антимикробную активность методом диффузии в агар, а также использовали метод серийного разведения. На основании секвенирования нуклеотидной последовательности гена 16sPНК и культурально-морфологических признаков идентифицировали выделенные культуры актиномицетов как стрептомицеты. Идентифицированы виды бактерии рода *Bacillus* и родственных родов. Идентификация бацилл проводилась методом времяпролётной масс-спектрометрии с матричной десорбцией/ионизацией (MALDI-TOF MS) в программе Biotyper. Измерена оптическая плотность и выявлена высокая антибактериальная активность культуральной жидкости бацилл в отношении тест-организмов: *P. aeruginosa* ATCC 27853, *K. pneumoniae* ATCC 700603, *E. coli* ATCC 29922, *E. faecalis* ATCC 29212, *S. aureus* ATCC 29213, *P. versatile* f018, *P. carotovorum* f160. Определено вещество, содержащееся в культуральной жидкости – сурфактин, концентрация в полученных образцах составила от 2 до 9 г/л.

Таким образом, полученные данные могут стать основой для разработки антимикробных лекарственных средств и открыть перспективы в борьбе с инфекциями, устойчивыми к существующим терапиям.



ИЗУЧЕНИЕ РОСТОСТИМУЛИРУЮЩЕЙ АКТИВНОСТИ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ИЗОЛЯТОВ, ПРИНАДЛЕЖАЩИХ К ГРУППЕ *BACILLUS* И РОДУ *SERRATIA*

Ф.М. Шматов^{1*}, С.Д. Гришечкина¹, А.А. Нижников^{1,2}, К.С. Антонец^{1,2}

1 Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии», Пушкин, Россия

2 Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Санкт-Петербургский государственный университет», Санкт-Петербург, Россия

* email: fm.shmatov@arriam.ru

Бактерии обладают способностью стимулировать рост, повышать стрессоустойчивость растений и оказывать влияние на скорость, однородность и качество прорастания семян. Воздействие осуществляется через прямые механизмы, такие как продукция фитогормонов, солюбилизация фосфатов и косвенные механизмы, включая продукцию сидерофоров, ферментов, антибиотиков. Благодаря этому они перспективны для создания биопрепаратов, которые могут заменить химические удобрения и пестициды, способствуя устойчивому сельскому хозяйству.

В качестве объекта исследования были выбраны семена рапса и нута. Ранее были отобраны изоляты с потенциальной ростостимулирующей активностью на основании полногеномного секвенирования. Для тестирования использовались 12 изолятов *Bacillus sp.* (культивировались на среде Т3) и 5 изолятов *Serratia sp.* (на среде LB). Стерилизованные и промытые семена замачивали в течение 120 мин. в культуральной жидкости (КЖ), в качестве контролей использовались стерильная среда и вода. После семена проращивали в чашках Петри на фильтровальной бумаге при комнатной температуре в течение 8 суток. Экспериментальные обработки проводились в трех повторениях на 10-20 семенах. Различия в зависимости от обработки оценивались с использованием критерия Краскела-Уоллиса. При значимых различиях проводился пост-хок анализ с применением теста Данна. Статистический анализ выполнен в Jupyter Notebook v. 7.3.0 на Python v. 3.10.6.

Было установлено, что 8 изолятов статистически значимо увеличивали длину ростков рапса на 11-27% и 3 изолята увеличивали длину корней на 21-37% по сравнению со средой. Изоляты *Bacillus sp.* 28.5 и 28.1 проявляли активность в обоих случаях. Для нута была выявлена ингибирующая активность изолятов, что может быть связано с воздействием высоких концентраций КЖ. Проведенное исследование позволило выявить изоляты, обладающие ростостимулирующей активностью, что делает их перспективными для применения в сельском хозяйстве.

Работа выполнена в рамках гос. задания FGEW-2024-0005.

ISBN 978-5-00258-956-2



СБОРНИК ТЕЗИСОВ

IV МЕЖДУНАРОДНАЯ КОНФЕРЕНЦИЯ

«Сохранение и преумножение
генетических ресурсов микроорганизмов»

Санкт-Петербург, 30 июня – 2 июля 2025 г.

BOOK OF ABSTRACTS

4-th INTERNATIONAL CONFERENCE

“Preservation and enhancement
of genetic resources of microorganisms”

Saint Petersburg, June 30 – July 2, 2025

Издательство «Перо»

109052, Москва, Нижегородская ул., д. 29-33, стр. 27, ком. 105

Тел.: (495) 973-72-28, 665-34-36

Подписано к использованию 18.07.2025.

Объем 1,8 Мбайт. Электрон. текстовые данные. Заказ 764.