

**ФЕДЕРАЛЬНОЕ АГЕНТСТВО НАУЧНЫХ ОРГАНИЗАЦИЙ**

**РОССИЙСКАЯ АКАДЕМИЯ НАУК**

**ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ЦЕНТР  
«ФУНДАМЕНТАЛЬНЫЕ ОСНОВЫ BIOTEХНОЛОГИИ» РАН**

*Институт микробиологии им. С. Н. Виноградского*

*Институт биоинженерии*

*Институт биохимии им. А. Н. Баха*

**РОССИЙСКИЙ ФОНД ФУНДАМЕНТАЛЬНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ**

**МОО «МИКРОБИОЛОГИЧЕСКОЕ ОБЩЕСТВО»**

## **ТЕЗИСЫ**

**X МОЛОДЕЖНОЙ ШКОЛЫ–КОНФЕРЕНЦИИ  
С МЕЖДУНАРОДНЫМ УЧАСТИЕМ  
«АКТУАЛЬНЫЕ АСПЕКТЫ СОВРЕМЕННОЙ МИКРОБИОЛОГИИ»**

**27 — 30 ОКТЯБРЯ 2015 г.**



ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ЦЕНТР  
**BIOTEХНОЛОГИИ**  
РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК

## Организационный комитет конференции

### *Научный оргкомитет:*

**Гальченко Валерий Федорович**, член-корр. РАН — председатель

**Скрябин Константин Георгиевич**, академик РАН — сопредседатель

**Попов Владимир Олегович**, член-корр. РАН — сопредседатель

**Проф. Нильс-Коре Биркеланд**, Университет Бергена, Норвегия

**Д-р Ховик Паносян**, Ереванский Государственный Университет, Армения

### *Оргкомитет:*

**Пименов Н. В.**, д. б. н. — сопредседатель

**Равин Н. В.**, д. б. н., проф. — сопредседатель

**Дзантиев Б. Б.**, д.б.н., проф.

**Бонч-Осмоловская Е. А.**, д. б. н., проф.

**Дедыш С. Н.**, д. б. н.

**Мысякина И. С.**, д. б. н.

**Хижняк Т. В.**, д. б. н.

**Марданов А. В.**, д. б. н.

**Камионская А. М.**, к. б. н.

**Кубланов И. В.**, к. б. н.

**Юсупов С. К.**

**Гальченко Н. В.** — секретарь

*Адрес оргкомитета:* 117312, Москва, Проспект 60-летия Октября, д.7, корп.2. Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского ФИЦ Биотехнологии РАН.  
Тел.: (499) 135-01-80, Факс: (499) 135-65-30, e-mail: natgal@inmi.ru, natgalch@gmail.com.

## Спонсоры конференции:



## ОГЛАВЛЕНИЕ

### ВЫДЕЛЕНИЕ АЦИДОТОЛЕРАНТНЫХ *DESULFOVIBRIO* С ПОМОЩЬЮ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ В БИОРЕАКТОРЕ

Д. В. Анциферов, Т. С. Федорова, Е. А. Латыголец, А. Л. Герасимчук, А. А. Ковалева, Д. А. Ивасенко, О. В. Карначук .....11

### СРАВНЕНИЕ КЛИНИЧЕСКОГО И ДИКОГО ШТАММОВ *LISTERIA MONOCYTOGENES*, ВЫДЕЛЕННЫХ НА ТЕРРИТОРИИ ОДНОГО ПРИРОДНОГО ОЧАГА

Е. И. Аксенова, О. Л. Воронина, М. С. Кунда, А. Н. Семенов, Н. Н. Рыжова .....14

### АНТАГОНИСТИЧЕСКАЯ АКТИВНОСТЬ АКТИНОБАКТЕРИЙ, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ ПЕЩЕРЫ БОЛЬШАЯ ОРЕШНАЯ

Д. В. Аксенов-Грибанов, И. В. Войцеховская, С. В. Гамаюнов, Е. С. Протасов, М. А. Тимофеев .....16

### ИДЕНТИФИКАЦИЯ ПЕПТИДНЫХ ФРАГМЕНТОВ БЕЛКОВ МИКРОБИОТЫ КИШЕЧНИКА В СЫВОРОТКЕ КРОВИ ЧЕЛОВЕКА

Г. П. Арапиди, Р. Х. Зиганшин, О. М. Иванова, М. С. Осетрова, П. В. Павлович, Т. М. Савельева, В. О. Шендер, С. И. Ковальчук, Н. А. Аниканов, В. М. Говорун, В. Т. Иванов .....19

### РЕГУЛЯЦИЯ БИОСИНТЕЗА РИБОСОМНЫХ БЕЛКОВ У БАКТЕРИЙ: ПРАВИЛА И ИСКЛЮЧЕНИЯ

Л. В. Асеев, Л. С. Колединская, И. В. Бони.....20

### ПРОРАСТАНИЕ СПОР МИЦЕЛИАЛЬНЫХ ГРИБОВ

#### В СВЯЗИ С ЭКЗОГЕННЫМ ПОКОЕМ

Д. А. Бокарева, Г. А. Кочкина, Н. Е. Иванушкина, Е. П. Феофилова, И. С. Мысякина.....23

### СКРИНИНГ ШТАММОВ ДРОЖЖЕЙ РОДА *RHODOTORULA* ПО ПРИЗНАКУ ПРОДУКЦИИ КАРОТИНОИДОВ

Н. В. Бондаревич, А. В. Кантерова, Г. И. Новик.....27

<b>СВОЙСТВА РЕКОМБИНАНТНЫХ МАЛАТДЕГИДРОГЕНАЗ <i>METHYLOMICROBIUM ALCALIPHILUM</i> 20Z И <i>METHYLOSINUS TRICHOSPORIUM</i> ОВ3b</b>	
К. А. Бочарова, О. Н. Розова, В. Н. Хмеленина, Ю. А. Троценко .....	30
<b>МИКРОБНЫЕ БИОПЛЕНКИ, СФОРМИРОВАННЫЕ В АНАЭРОБНОМ ЛАБОРАТОРНОМ ПРОТОЧНОМ АНАММОКС-БИОРЕАКТОРЕ</b>	
Е. А. Бочкова, Ю. В. Литти .....	32
<b>ИССЛЕДОВАНИЕ АНТИГЕННЫХ СТРУКТУР БЕЛКОВОЙ И ЛИПОПОЛИСАХАРИДНОЙ ПРИРОДЫ НА ПОВЕРХНОСТИ БАКТЕРИЙ <i>AZOSPIRILLUM BRASILENSE</i></b>	
А. А. Буданова, А. А. Широков, Л. Ю. Матора .....	34
<b>ИССЛЕДОВАНИЕ РАЗНООБРАЗИЯ МЕЗОФИЛЬНЫХ АНОКСИГЕННЫХ НИТЧАТЫХ ФОТОТРОФНЫХ БАКТЕРИЙ С ПОМОЩЬЮ МЕТОДА ПЦР В РЕЖИМЕ РЕАЛЬНОГО ВРЕМЕНИ</b>	
Е. И. Бурганская, М. В. Сухачева, В. А. Гайсин .....	36
<b>НОВАЯ ПОЛИМОРФНАЯ МОДИФИКАЦИЯ ДИОКСИДИНА: СИНТЕЗ И АНТИБАКТЕРИАЛЬНАЯ АКТИВНОСТЬ</b>	
О. И. Верная, В. П. Шабатин, А. М. Семенов, Д. И. Хватов, Т. И. Шабатина .....	39
<b><i>SPHAEROSHAETA</i> SP. NOV., СПУТНИК ПСИХРОАКТИВНОЙ МЕТАНОСАРЦИНЫ <i>METHANOSARCINA PORCELLINA</i> SP. NOV</b>	
В. М. Верховая, А. В. Ермакова, С. Н. Паршина .....	40
<b>ЭКСПРЕССИЯ ГЕНА СПЕЦИФИЧЕСКОГО ФАКТОРА ТРАНСКРИПЦИИ <i>EXP1</i> В ПРОЦЕССЕ МОРФОГЕНЕЗА БАЗИДИОМИЦЕТА <i>LENTINUS EDODES</i></b>	
Е. П. Ветчинкина, М. А. Купряшина, С. В. Петров, В. Ю. Горшков, Ю. В. Гоголев, В. Е. Никитина .....	43
<b>СУЛЬФИДОГЕННЫЕ БАКТЕРИИ ИЗ МИКРОБИОМА ДЕТЕЙ С АУТИСТИЧЕСКИМИ РАССТРОЙСТВАМИ</b>	
А. Л. Герасимчук, П. А. Бухтиярова, О. В. Карначук .....	46
<b>ВЫДЕЛЕНИЕ И ИЗУЧЕНИЕ АЦИДОТОЛЕРАНТНЫХ И УСТОЙЧИВЫХ К МЕТАЛЛАМ <i>PENICILLIUM</i></b>	

Л. Б. Глухова, Е. В. Стрелкова, О. П. Иккерт, А. Л. Герасимчук, Э. Велес, О. В. Карначук.....	49
<b>ОСОБЕННОСТИ ГЕНЕРАЦИИ НАНОЧАСТИЦ СЕРЕБРА МИКРОБНЫМИ ИЗОЛЯТАМИ, ВЫДЕЛЕННЫМИ ИЗ КРИОЛИТОЗОНЫ</b>	
А. С. Громова, А. В. Кусакина.....	52
<b>РАЗНООБРАЗИЕ И ЭКОЛОГИЯ ЦИАНОБАКТЕРИЙ РОДА <i>NOSTOC</i>: ЗОНАЛЬНЫЙ АСПЕКТ</b>	
С. А. Дронова, А. Д. Темралеева .....	53
<b>БАКТЕРИОРОДОПСИН: ДОСТУПЕН, ИЗУЧЕН, НЕПОНЯТЕН (РЕТРОСПЕКТИВНЫЙ ОБЗОР)</b>	
М. А. Дубинный.....	56
<b>ИЗМЕНЕНИЕ СОСТАВА И СТРУКТУРЫ ЭКСТРАКЛЕТОЧНЫХ ПОЛИСАХАРИДОВ И ГЛИКОПОЛИМЕРОВ ПОВЕРХНОСТИ АССОЦИАТИВНЫХ РИЗОБАКТЕРИЙ <i>AZOSPIRILLUM BRASILENSE</i> ПРИ АДАПТАЦИИ К ТЕМПЕРАТУРНОМУ СТРЕССУ</b>	
С. С. Евстигнеева, Ю. П. Федоненко, С. А. Коннова .....	57
<b>АНАЛИЗ МЕТАБОЛИТОВ МХА <i>PHYSCOMITRELLA PATENS</i>, ЗАРАЖЕННОГО ФИТОПАТОГЕННЫМИ БАКТЕРИЯМИ</b>	
Е. Д.Егорова, Г. П. Арапиди, И. А. Фесенко, А. Урбан, Р. А. Хазигалеева, А. Л. Шаварда, А. Н. Игнатов, С. В. Виноградова .....	60
<b>ВЛИЯНИЕ ФИТОПАТОГЕННЫХ БАКТЕРИЙ НА ФЕНОТИПИЧЕСКИЕ ИЗМЕНЕНИЯ МХА <i>PHYSCOMITRELLA PATENS</i></b>	
Е. Д. Егорова, С. В. Виноградова .....	62
<b>ФИЗИОЛОГИЯ НОВОЙ ЖЕЛЕЗОВОССТАНАВЛИВАЮЩЕЙ АРХЕИ РОДА <i>PYROBACULUM</i></b>	
И. М. Елизаров, К. С. Заюлина, В. В. Кадников, А. А. Корженков, И. В. Кубланов, С. Н. Гаврилов.....	63
<b>ГИДРОЛИТИЧЕСКАЯ АКТИВНОСТЬ НОВОГО ТЕРМОФИЛЬНОГО ПЛАНКТОМИЦЕТА <i>TEPIDISPHAERA MUCOSA</i></b>	
А. Г.Ельченинов, О. Л.Ковалева, С. В.Тошаков, Е. А.Бонч-Осмоловская, И. В.Кубланов <sup>1</sup> .....	65

## МЕТАГЕНОМНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ ПОДЗЕМНОЙ БИОСФЕРЫ ЗАПАДНОЙ СИБИРИ

В. В. Кадников<sup>1</sup>, Ю. А. Франк<sup>2</sup>, А. В. Марданов<sup>1</sup>, О. В. Карначук<sup>2</sup>, Н. В. Равин<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Институт биоинженерии, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва

<sup>2</sup> Кафедра физиологии растений и биотехнологии, Томский Государственный  
Университет, Томск

Экстремофильные (обитающие в экстремальных условиях среды), в первую очередь, термофильные, микроорганизмы активно исследуются последние два десятилетия. Они представляют интерес как для фундаментальных исследований, поскольку большинство термофилов представляют эволюционно древние формы жизни, встречающиеся в уникальных экосистемах, так и в качестве биотехнологически-значимых объектов. Одной из наименее изученных экологических ниш является подземная биосфера, где повышение температуры пород и пластовых вод с ростом глубины создает условия для развития термофильных микробных сообществ.

Микроорганизмы подземной биосферы составляют значительную часть биомассы на нашей планете, но знания об этих микроорганизмах остаются очень ограниченными. Некоторые подземные местообитания были изолированы от внешней среды десятки миллионов лет и содержат ограниченный набор субстратов, которые могут поддерживать рост микроорганизмов. Также микроорганизмы подземной биосферы характеризуются чрезвычайно низкими скоростями метаболизма и временем удвоения, которые по некоторым оценкам могут составлять сотни и тысячи лет.

Целью работы является исследование биоразнообразия, возможных биогеохимических функций и биотехнологического потенциала термофильных микроорганизмов, обитающих в глубинных подземных водах Западной Сибири (Томская область), в результате секвенирования и анализа метагеномов микробных сообществ. Мы исследовали микробное сообщество подземных термальных вод, вытекающих с глубины 2775 метров в нефтепоисковой скважине ЗР Парабельского района, и сообщество микроорганизмов термальных вод в нефтепоисковой скважине 1Р в пос. Белый Яр. Для характеристики сообществ было проведено два эксперимента — идентификация микроорганизмов с помощью пиросеквенирования переменных фрагментов генов 16S рибосомной РНК и секвенирование полного метагенома. Определены

физико-химические характеристики соответствующих экологических ниш — температура и химический состав термальных вод, состав и изотопный состав растворенных газов.

В результате пиросеквенирования переменных фрагментов гена 16S рРНК было установлено, что наибольшую долю (~ 80 %) в сообществе термальных вод скважины ЗР Парабельского района составляли бактерии филума Firmicutes, относящиеся к родам *Desulfoviregula* (~ 53 %), *Desulfotomaculum* (~ 12 %) и *Thermacetogenium* (~ 8 %). Гидрогенотрофные метаногены рода *Methanothermobacter* представляли архейную часть сообщества. Анализ последовательностей функциональных генов в метагеноме позволил отнести их к определенным микроорганизмам и предсказать вероятные функции этих генов.

В результате сравнения геномной последовательности *Desulfotomaculum kuznetsovii* с референсной последовательностью генома другого штамма этого вида (DSM6115, выделен из термального источника в Абхазии), показано, что около 85 % генома *D. kuznetsovii* DSM6115 покрывается последовательностями метагенома, причем на совпадающих участках уровень идентичности нуклеотидных последовательностей превышает 99,9 %. Участки генома штамма DSM6115, которые отсутствуют в штамме *D. kuznetsovii* из подземных вод, относятся к трем типам генетических элементов. Во-первых, это сравнительно короткие (длиной не более нескольких т.п.н.) мобильные элементы и их производные, специфические для штамма DSM6115. Во-вторых, несколько штаммоспецифических участков представлены интегрированными в геном профагами. Наконец, штаммоспецифическими являются CRISPR локусы, последовательности спейсеров которого у штаммов DSM6115 и штамма из подземных вод отличаются.

Сравнение нуклеотидных последовательностей участков геномов, имеющих у обеих штаммов, выявило 27,2 тыс. точечных отличий между ними. В ряде работ, посвященных анализу генетических различий между популяциями микроорганизмов, эволюционировавших от общего предка в географически изолированных экосистемах, например, в работе Reno et al., 2009 (Proc. Natl Acad Sci USA, 106, 8605-8610) в которой сравнивались геномы нескольких штаммов термофильных архей *Sulfolobus*, скорость накопления мутаций оценивается в  $4.7 \times 10^{-9}$  замен на сайт в год. Если использовать эту оценку скорости накопления мутаций для сравнения геномов двух анализируемых штаммов *D. kuznetsovii*, то время с момента их дивергенции можно оценить примерно в 1.6 млн. лет.

Исследуемые штаммы *D. kuznetsovii* обнаружены в двух географически изолированных экосистемах подземных термальных вод — Кавказа и Западной Сибири. Предполагается, что подземные термальные воды Западной Сибири являются замкнутой,

не обменивающейся с поверхностными водами, экосистемой с момента ее образования в десятки-сотни миллионов лет назад. Сравнение двух штаммов на геномном уровне указывает либо на существование более поздней связи между этими экосистемами, либо на существенно более низкие частоты накопления нуклеотидных замен в геномах микроорганизмов подземной биосферы.

Доминирующий в сообществе микроорганизм, *Desulfoviregula thermocuniculi*, по последовательности гена 16S рРНК на 100 % идентичен штамму *Desulfoviregula thermocuniculi* DSM16036, выделенному в 2007 г. в горячем источнике в Японии. Сравнение нуклеотидных последовательностей участков геномов, имеющих у обеих штаммах, выявило 21,8 тыс. точечных отличий между ними, что соответствует времени дивергенции в 1,5 млн. лет.

Представители *Desulfoviregula* и *Desulfotomaculum* составляют более 90 % всего микробного сообщества и являются сульфатредукторами. Это подтверждает факт наличия двух полных наборов генов, кодирующих ключевые ферменты сульфат-редукции (Arg и Dsr гены). Еще один набор *dsr* генов с более низкой кратностью прочтения, вероятно, соответствует одной из «некультивируемых» линий филума *Firmicutes*. Проведенный анализ метагеномных данных показывает, что *Desulfoviregula* и *Desulfotomaculum* обладают возможностями для хемолитотрофного метаболизма, основанного на гидрогенотрофной сульфатредукции. Также были идентифицированы гены ключевых ферментов гликолиза, ЦТК и других путей метаболизма

На основании анализа состава микроорганизмов и набора присутствующих в метагеноме генов можно сделать вывод о том, что сообщество термальных вод скважины ЗР характеризуется преимущественно хемолитоавтотрофным метаболизмом, в основе которого лежат процессы окисления водорода, сопряженные с восстановлением сульфата. Гидролиз поступающих извне высокополимерных соединений может осуществляться минорными компонентами сообщества, — бактериями *Thermacetogenium* и другими не сульфатредуцирующими фирмикутами, а также бактериями других групп, например, *Ignavibacteriae*, *Planctomycetes* и *Chloroflexi*, обнаруженными при анализе состава сообщества по переменным фрагментам генов 16S рРНК.

Метагеномный анализ второй скважины, 1Р, выявил отличающееся от Парабельской скважины и более разнообразное микробное сообщество. Только 30 % последовательностей 16S РНК были отнесены к известным видам микроорганизмам. В числе основных групп микроорганизмов были обнаружены *Firmicutes*, *Deltaproteobacteria*, *Chloroflexi*, *Nitrospira* и несколько некультивируемых линий бактерий.

Работа поддержана грантом РФФИ 14-14-01016.