

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ  
ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
«ПСКОВСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

# **3-Й РОССИЙСКИЙ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЙ КОНГРЕСС**

г. Псков,  
26 сентября – 1 октября 2021 г.

Материалы конгресса

Псков  
2021

УДК 579  
ББК 28.4  
Т665

*Редколлегия:*

Бонч-Осмоловская Е. А., Ильина Н. А., Пименов Н. В.

*Составители:*

Пименов Н. В., Бонч-Осмоловская Е. А., Ильина Н. А., Антал Т. К.,  
Серова О. А., Фролов В. В., Бугеро Н. В.

Т665      **3-й Российский микробиологический конгресс** (г. Псков, 26 сентября – 1 октября 2021 г.) : материалы конгресса / редкол.: Бонч-Осмоловская Е. А., Ильина Н. А., Пименов Н. В.; сост.: Пименов Н. В., Бонч-Осмоловская Е. А., Ильина Н. А., Антал Т. К., Серова О. А., Фролов В. В., Бугеро Н. В. – Псков : ООО «Конкорд», 2021. – 290 с.  
ISBN 978-5-6046553-7-5

В сборнике представлены тезисы устных и постерных сообщений, представленных на 3-ем Российском микробиологическом конгрессе. Цель Конгресса – широкий обмен информацией в области микробиологии и смежных дисциплин. Рассматривается филогенетическое и метаболическое разнообразие микроорганизмов, их распространение, генетические, биохимические и структурно-функциональные особенности, новые методы исследования микроорганизмов, биотехнологические и медицинские разработки. Изучение микробного разнообразия и его ресурсов, микробного метаболизма и его генетических детерминат является основой для генерации новых фундаментальных знаний в области биологии и создания принципиально новых технологий.

УДК 579  
ББК 28.4

ISBN 978-5-6046553-7-5

© Коллектив авторов, 2021  
© Псковский государственный университет, 2021  
© ООО «Конкорд», 2021

пробирками» с уже отобранными пробами на Землю для проведения лабораторных исследований осуществляется при возвращении сменяемого экипажа.

### 3. Результаты и обсуждение

В процессе многолетней эксплуатации Международной космической станции регулярно проводились исследования количественного содержания и видового состава микроорганизмов, формирующихся в обитаемых отсеках. Всего в среде обитания орбитального комплекса в процессе работы более 60 основных экспедиций было обнаружено около 80 видов микроорганизмов, из них 45 видов бактерий и 35 видов грибов.

За период 60 выбранных экспедиций были отобраны 980 пробы воздуха. В 756 пробах были обнаружены бактерии. За этот же период были отобраны 1264 пробы с поверхностей интерьера и оборудования. Из них в 952 пробах были обнаружены бактерии. В 353 пробах отмечено содержание бактерий до  $10 \times 10^4$  колониеобразующих единиц (КОЕ) на  $100 \text{ см}^2$ , в 15 пробах – до  $1,0 \times 10^5$  КОЕ и в 16 пробах – до  $1,0 \times 10^6$  КОЕ.

### 4. Заключение

В результате бортовых экспериментов, выполненных на Международной космической станции в период работы 60 основных экспедиций, из среды обитания было выделено и идентифицировано 80 видов микроорганизмов, среди которых присутствовали как условно патогенные бактерии и грибы, так и организмы-технофилы, способные вызывать биоповреждения полимерных материалов и биокоррозию металлов.

## УРАЦИЛ-ДНК-ГЛИКОЗИЛАЗА ОРТОПОКСВИРУСОВ КАК МИШЕНЬ ДЛЯ ПРОТИВОВИРУСНОЙ ТЕРАПИИ

Дятлова Е. А. \*, Жарков Д. О.

Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, Новосибирск

\* jannie.lapt@gmail.com

Вирусный ДНК-геном, наравне с геномом клеточных организмов, подвергается воздействию повреждающих агентов, при этом образуется широкий спектр повреждений ДНК. В основном вирусы используют для репарации своего генома ферменты клетки-хозяина, однако некоторые вирусы с большим ДНК-геномом кодируют собственные ферменты репарации. Например, мимивирусы, ВИЧ, герпесвирусы и поксвирусы кодируют урацил-ДНК-*N*-гликозилазу (UNG) – фермент, который распознает и удаляет урацил из ДНК. Помимо функции удаления урацила, UNG поксвирусов (D4) принимает участие в репликативном комплексе вирусной полимеразы, формируя ее фактор процессивности. Т. к. для ДНК-гликозилаз показано, что в процессе поиска мишеней они способны с высокой эффективностью осуществлять одномерную диффузию вдоль цепи ДНК, в основе работы D4 как фактора процессивности может лежать собственная процессивность фермента. Известно, что поксвирусы, нокаутные по гену D4, не способны к репликации, что делает UNG хорошей мишенью для противовирусной терапии. В данной работе была исследована процессивность UNG вируса осповакцины, а также проведен скрининг ингибиторов UNG.

Для оценки эффективности поиска мишеней UNG путем одномерной диффузии вдоль ДНК использовали метод коррелированного расщепления олигонуклеотидного субстрата, содержащего два повреждения, разработанный в ЛГБИ ИХБФМ СО РАН. По соотношению начальной скорости накопления продукта коррелированного расщепления к суммарной скорости расщепления, рассчитывалась величина  $P_{cc}$ . В распоряжении лаборатории находилась библиотека ингибиторов семейства урацил-ДНК-гликозилаз, предсказанная методом молекулярного докинга.

Эффективность коррелированного расщепления  $P_{cc}$  фермента UNG вируса осповакцины при низких концентрациях ионов была высокой ( $P_{cc} = 0,73$ ) по сравнению со значениями для урацил-ДНК-гликозилаз *E. coli* и человека. Наличие одноцепочечного разрыва или бреши между повреждениями не влияло на  $P_{cc}$ , а также при увеличении расстояния между повреждениями  $P_{cc}$  снижалась значительно медленнее, чем для его гомологов. Полученные резуль-

таты говорят о высокой процессивности вирусного UNG. Среди потенциальных ингибиторов UNG были найдены два соединения, которые в микромолярных количествах подавляли активность UNG, один из них также снижал его процессивность.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФ № 17-14-01190П.

## ГЕНОМИКА ГАЛОФИЛЬНЫХ АРХЕЙ-ЦЕЛЛЮЛОЗОЛИТКОВ

Ельченинов А. Г.<sup>1,\*</sup>, Угольников Я. А.<sup>2</sup>, Тоццаков С. В.<sup>3</sup>, Сорокин Д. Ю.<sup>1</sup>, Кубланов И. В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН, Москва

<sup>2</sup>МГУ им. М. В. Ломоносова, Москва

<sup>3</sup>НИЦ «Курчатовский институт», Москва

\*elcheninov.ag@gmail.com

Целлюлоза является одним из самых распространенных на Земле биополимеров. Несмотря на то, что целлюлоза является довольно ригидным полимером, существует достаточно много микроорганизмов, способных ее гидролизовать, среди которых широко представлены бактерии и некоторые эукариоты. При этом до недавнего времени почти ничего не было известно о представителях домена *Archaea*, в частности галофильных археях, способных использовать целлюлозу в качестве единственного источника углерода и энергии. Недавно нами было опубликовано несколько работ, описывающих новых представителей *Halobacteria*, растущих на целлюлозе. Тем не менее, данное свойство галоархей остается подтвержденным пока лишь микробиологическими и отчасти биохимическими методами.

Целями данной работы являются оценка способности всех известных галоархей расти на целлюлозе и *in silico* реконструкция путей разложения целлюлозы у галофильных архей методами сравнительной геномики.

Нами были секвенированы геномы 7 штаммов культивируемых галоархей-целлюлозолитиков из групп AArce1 (растущие при значении pH от 9,5) и HArce1 (растущие при нейтральном pH), принадлежащих к порядкам *Natrialbales* (AArce1, AArce2, AArce5, AArce7) и *Halobacteriales* (HArce1, HArce2, HArce3). В данных геномах, а также в 146 высококачественных геномах культивируемых представителей *Halobacteria* были обнаружены гены CAZymes и проанализирована их принадлежность к известным семействам CAZymes. Основываясь на сигнатурных наборах гликозидаз, было предложено выделение 13 геномов (включая все семь штаммов AArce1/HArce1) в группу целлюлозолитиков. Для штаммов групп AArce1/HArce1 нами были реконструированы пути гидролиза целлюлозы и катаболизма ее мономера – глюкозы. Центральным метаболизмом сахаров был представлен гликолизом и полуфосфорилирующим КДФГ-путем. Также в геномах этих штаммов были выявлены гены, кодирующие портеры (суперсемейство 2.A) и ABC-транспортеры (суперсемейство 3.A), гомологичные транспортерам углеводов.

В данной работе мы определили распространенность ферментов, определяющих полисахаридолитический потенциал *Halobacteria*, выделив в группу целлюлозолитиков 13 представителей (включая штаммы AArce1/HArce1), для которых были реконструированы пути метаболизма целлюлозы.

Работа была поддержана грантом РФФ № 20-14-00250.

## ХАРАКТЕРИСТИКА GO-СИСТЕМЫ *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* КАК ПОТЕНЦИАЛЬНОЙ МИШЕНИ ДЛЯ КОМБИНИРОВАННОЙ АНТИБИОТИКОТЕРАПИИ

Ендуткин А. В.<sup>1,\*</sup>, Жарков Д. О.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, Новосибирск, aend@niboch.nsc.ru

<sup>2</sup>Новосибирский национальный исследовательский государственный университет, Новосибирск, dzharkov@niboch.nsc.ru

\* aend@niboch.nsc.ru

*Научное издание*

# 3-Й РОССИЙСКИЙ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЙ КОНГРЕСС

г. Псков,  
26 сентября – 1 октября 2021 г.

Материалы конгресса

Технический редактор: Н. А. Васильева  
Компьютерная верстка: Н. А. Васильева

---

Подписано в печать 23.09.2021. Формат 60×90/8. Гарнитура FreeSetC.  
Тираж 300 экз. Заказ № 5970. Усл. п. л. 36,25.

Макет подготовлен к печати  
редакционно-издательским отделом Псковского государственного университета  
и ООО «Конкорд»

Адрес типографии:  
180000, Россия, г. Псков, ул. Л. Толстого, д. 4<sup>а</sup>, корп. 3<sup>а</sup>  
Псковский государственный университет