

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

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.^{1,*}, Угольников Я. А.², Тоццаков С. В.³, Сорокин Д. Ю.¹, Кубланов И. В.¹

¹ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН, Москва

²МГУ им. М. В. Ломоносова, Москва

³НИЦ «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.^{1,*}, Жарков Д. О.²

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

²Новосибирский национальный исследовательский государственный университет, Новосибирск, dzharkov@niboch.nsc.ru

* aend@niboch.nsc.ru

Введение: Устойчивость патогенов к антибиотикам — одна из самых острых проблем современного здравоохранения. Для ее преодоления и предотвращения часто используется комбинированная терапия, в которой сочетаются средства разных классов действия. Системы антиоксидантной защиты и репарации окислительных повреждений у бактерий рассматриваются как многообещающие мишени для повышения чувствительности к антибиотикам. В рамках работы предполагалось оценить функции GO-системы, ответственной за репарацию окислительных повреждений ДНК, из микроорганизма *Staphylococcus aureus*, и ее перспективность в качестве мишени для комбинированной антибиотикотерапии.

Материалы и методы: кДНК соответствующих белков SauFpg1, SauFpg2 и SauMutY, входящих в предполагаемую GO-систему *S. aureus*, с оптимизированными кодонами для экспрессии в *E. coli* были получены путем тотального генного синтеза, клонированы в вектор pET-22b и выделены после наработки в штамме *E. coli* Rosetta 2 (DE3). Субстратная специфичность белков исследована в условиях стационарной кинетики и с помощью метода борогидридной сшивки. Производные штамма *E. coli* CC104, дефицитные по генам GO-системы, были трансформированы экспрессионными плазмидами, несущими вставки ДНК-гликозилаз GO-системы *S. aureus* и исследованы на возможность фенотипической комплементации.

Результаты и обсуждение: Показано, что белки SauFpg1 и SauFpg2 преимущественно удаляют из ДНК остатки 8-оксогуанина (охоG) и несколько менее эффективно — окисленные пиримидины. Как SauFpg1, так и SauFpg2 преимущественно расщепляют ДНК, содержащую повреждения напротив C, и с наименьшей эффективностью — в случае повреждений напротив A. Фермент SauMutY одинаково эффективно удалял A из пар с G и охоG. Это хорошо согласуется с функционированием аналогичных ферментов в охарактеризованных GO-системах других бактерий. Нокаут гена *fpg* *E. coli* сопровождался повышением чувствительности бактерий к β-лактамным антибиотикам цефалоспоринового ряда — цефтриаксону и цефотаксиму, а гетерологичная экспрессия генов *fpg1* и *fpg2* *S. aureus* снижала чувствительность в нокаутных штаммах. Чувствительность возрастала еще больше при дополнительном окислительном стрессе, вызванном перекисью водорода.

Выводы: В совокупности полученные результаты свидетельствуют о перспективности фармакологического подавления активности фермента Fpg для сенсibilизации бактерий к действию цефалоспоринов.

ПОЛОЖИТЕЛЬНОЕ ВЛИЯНИЕ МУТАНТНОЙ АДЕНИЛАТЦИКЛАЗЫ (суаА^{K432Q}) НА РОСТ *E. COLI* НА ЭТАНОЛЕ

Еремина Н. С.*, Стойнова Н. В., Ямпольская Т. А.

Научно-исследовательский институт «Аджиномото-Генетика», Москва

*Natalya_Eremina@agri.ru

В настоящее время этанол является одним из перспективных видов промышленного сырья, однако широко используемый в биотехнологии микроорганизм *E. coli* не способен его утилизировать. Ранее был сконструирован способный расти на этаноле штамм MG1655 P_{ltac}-adhE*-m2 с усиленной экспрессией устойчивой к кислороду мутантной алкогольдегидрогеназы (AdhE, EC:1.1.1.1.), (1). На его основе методом адаптивной эволюции был получен штамм FEt, демонстрирующий увеличенную в 1,4 раза скорость роста на этаноле (2). Данная работа посвящена анализу генетических механизмов, обеспечивающих указанный фенотип штамма FEt.

В штамме FEt методом Nimble Gen CGS («comparative genomic sequencing») было обнаружено 8 генов, содержащих значимые мутации. Наиболее существенной оказалась *суаА*^{K432Q} в гене, кодирующем аденилатциклазу; фермент синтезирует в клетке сАМР, являющийся кофактором транскрипционного регулятора катаболитной репрессии CRP.

Полная инактивация *суаА* в штамме MG1655 P_{ltac}-adhE*-m2 приводит к утрате способности расти на этаноле; в то же время, введение *суаА*^{K432Q} ускоряет рост на этаноле в 1,3 раза, но не влияет на скорость роста на глюкозе. Мутация *суаА*^{K432Q} активизирует скорость роста клеток

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^а, корп. 3^а
Псковский государственный университет