

продуцентом этого биосовместимого и биodeградебельного пластика при выращивании на дешевом непищевом сырье-метаноле.

Работа поддержана Госзаданием Минобр. науки РФ № 6.749.2014/к.

РАЗВИТИЕ СИСТЕМЫ КЛАССИФИКАЦИИ И МЕТОДОВ ИДЕНТИФИКАЦИИ БАКТЕРИЙ НА УРОВНЕ ВИДА (НА ПРИМЕРЕ РОДА *RATHAYIBACTER*)

**Присяжная Н.В.¹, Стародумова И.П.^{1,2}, Тарлачков С.В.^{1,3}, Автух А.Н.¹,
Дорофеева Л.В.¹, Евтушенко Л.И.¹**

¹ФГБУН Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрябина РАН, Всероссийская коллекция микроорганизмов, ²ФГБОУ ВПО Пушкинский государственный естественно-научный институт, ³Филиал Института биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН, Пушкино, Россия

tennoko@rambler.ru

Темпы изучения микробного разнообразия и обнаружение массивов новых видов определяют актуальность развития системы классификации и эффективных методов идентификации микроорганизмов, особенно, на уровне близких видов.

Род *Rathayibacter* (сем. *Microbacteriaceae*) включает 6 видов (сходство генов 16S рРНК до 99.5%). Виды рода (*rathayi*, *iranicus*, *tritici*, *toxicus*) известны как фитопатогены злаковых растений. Представители *Rathayibacter* обнаружены в микробиомах здоровых растений, животных и человека, а также в почве и других природных местообитаниях.

Результаты сравнительного изучения 26 штаммов *Rathayibacter* из фонда ВКМ с применением МАЛДИ масс-спектрометрии показали, что большинство культур образуют общие группы с типовыми штаммами известных видов. Ряд штаммов занимают несколько обособленное положение. Результаты в целом согласуются с данными анализа генов 16S рРНК.

Для уточнения видовой принадлежности штаммов и порогового значения уровня сходства МАЛДИ-спектров для видов *Rathayibacter*, были проанализированы «housekeeping» гены (*gyrB*, *recA*, *rpoB*, *ppk*) и проведена ДНК-ДНК гибридизация. Установлено, что два штамма, обособляющиеся по МАЛДИ-спектрам – ВКМ Ас-2121 и ВКМ Ас-2596 [ассоцианты атипичных для *Rathayibacter* растений – *Androsace* sp. (проломник) и *Tanacetum* sp. (пижма)], являются представителями двух новых видов. Два других [ВКМ Ас-2597 и ВКМ Ас-2630 из *Acroptilon repens* (горчак)] относятся к *R. caricis* (высокое сходство «housekeeping» генов; уровень ДНК-ДНК гибридизации >70%). С учетом отличий ассоциантов *A. repens* от типового штамма *R. caricis* по МАЛДИ спектрам и другим таксономическим признакам, эти штаммы отнесены к новому подвиду *R. caricis*.

В числе важных результатов работы – создание инструментария для экспресс-идентификации штаммов рода *Rathayibacter* и выявления представителей новых видов и подвидов – что актуально как для фундаментальных исследований (эволюция, экология, биогеография), так и практических задач (фитосанитарный контроль, эколобиотехнология, защита интеллектуальной собственности). Создана референтная база данных МАЛДИ масс-спектров штаммов *Rathayibacter*, слабо представленных в коммерческой базе данных Bruker Daltonics. Обнаружены новые хемотаксономические маркеры рода (компоненты МАЛДИ масс-спектров 3954, 4428 и 6458 *m/z*). Сконструированы праймеры для амплификации «housekeeping» генов представителей рода, позволяющие уточнить таксономический статус штаммов, для которых МАЛДИ масс-спектрометрия дает неоднозначные результаты.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 14-04-31825.