

CLAVIBACTER MICHIGANENSIS SUBSP. SALSOLUS SUBSP. NOV. ИЗ МИКРОБИОМА SALSOLA SP. (СОЛЯНКА), ПУСТЫНЯ КЫЗЫЛ-КУМ

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

¹ФГБУН Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина 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

iri-starodumova@yandex.ru

Актинобактерии рода *Clavibacter* Davis et al. 1984 (сем. *Microbacteriaceae*) – аэробные, неспорообразующие, неправильные палочки, содержащие пептидогликан Б-типа и преобладающий менахинон МК-9 в дыхательной цепочке. В настоящее время в составе рода описан единственный вид – *Clavibacter michiganensis*, включающий шесть подвидов (*michiganensis*, *insidiosus*, *nebraskensis*, *phaseoli*, *sepedonicus*, *tessellarius*), которые имеют высокий уровень сходства 16S рРНК генов (99.4–99.9%). Все подвиды известны как возбудители сосудистых заболеваний сельскохозяйственных культур (томата, люцерны, кукурузы, фасоли, картофеля, пшеницы). Подвиды *michiganensis*, *insidiosus* и *sepedonicus* являются карантинными объектами во многих странах мира.

Изученный нами штамм ВКМ Ас-1371, сохраняемый в ВКМ, выделен из надземной части растения без видимых симптомов заболевания (*Salsola* sp., солянка, Узбекистан). Штамм имеет высокое сходство с типовыми штаммами подвидов *C. michiganensis* по генам 16S рРНК (99.1–99.4%), но отличается от них по компонентам МАЛДИ масс-спектров, составу сахаров клеточной стенки и ряду физиолого-биохимических признаков. На основе мультилокусного анализа генов β -субъединицы ДНК-гиразы (*gyrB*), рекомбиназы А (*recA*) и β -субъединицы РНК-полимеразы (*rpoB*), найденных в отсеквенированном нами геноме ВКМ Ас-1371 и доступных из GenBank (для типовых штаммов подвидов), установлено, что изученный штамм занимает обособленное филогенетическое положение. Уровни его сходства с подвидами по генам *gyrB* (93.1–95.0%), *recA* (94.2–95.5%) и *rpoB* (97.9–99.0%) не превышают сходства между известными подвидами *Clavibacter* (94.5–97.6%, 94.8–98.6% и 98.1–99.2%).

В геноме ВКМ Ас-1371 мы не обнаружили гомологичных последовательностей для генов, кодирующих детерминанты патогенности (целлюлазу и различные протеазы) у патогенных штаммов *C. michiganensis* – *celA*, *pat-1* (локализованных на плаزمиде рСМ1 и рСМ2), *chpC* и *ppaA* (расположенных в регионе *chp/tom* хромосомы).

Полученные данные позволяют заключить, что изученный штамм является представителем нового (непатогенного) подвида *C. michiganensis* согласно существующей в настоящее время системе классификации. Однако таксономические исследования последних лет, включая анализ полных геномов, свидетельствуют о том, что статус подвидов *C. michiganensis* соответствует рангу видов. Соответственно, штамм ВКМ Ас-1371 может быть описан в качестве нового вида рода *Clavibacter*. Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 14-04-31825.

ИНГИБИТОРЫ ОБРАЗОВАНИЯ БИОПЛЕНОК БАКТЕРИЯМИ *VACILLUS* *SUBTILIS* НА ОСНОВЕ ТИОПРОИЗВОДНЫХ 2(5Н)-ФУРАНОНА

**Тризна Е.Ю., Хакимуллина Э.Н., Байдамшина Д.Р., Курбангалиева А.Р.,
Каюмов А.Р.**

ФГАОУ ВПО Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, Россия

trizna91@mail.ru

Грамположительные бактерии вызывают широкий спектр инфекционных заболеваний, в том числе и внутрибольничные инфекции. В настоящее время показано, что большинство бактерий существуют в природе в виде специфически организованных биопленок. Биопленки представляют собой тесно адгезированное к субстрату сообщество дифференцированных микробных клеток, заключенных в полисахаридный матрикс (EPS). В составе биопленки бактерии становятся устойчивыми к антибиотикам и иммунной системе организма человека,