

DOI: 10.25205/978-5-4437-1691-6-80

ПОСТРОЕНИЕ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОГО ДЕРЕВА БАКТЕРИИ *BREVIBACILLUS FORMOSUS* DSM 9885 И ПЕРСПЕКТИВЫ ЕЕ ПРИМЕНЕНИЯ В БИОТЕХНОЛОГИИ

CONSTRUCTION OF A PHYLOGENETIC TREE OF THE BACTERIUM *BREVIBACILLUS FORMOSUS* DSM 9885 AND PROSPECTS FOR ITS APPLICATION IN BIOTECHNOLOGY

А. А. Кузьмицкая, С. В. Калёнов

Российский химико-технологический университет им. Д.И. Менделеева, Москва

A. A. Kuzmitskaya, S. V. Kalyonov

Mendeleev University of Chemical Technology of Russia, Moscow

✉ kuzmichwolf@gmail.com

Аннотация

Бактерии рода *Brevibacillus* (семейство *Paenibacillaceae*) представляют большой интерес для специалистов в области микробиологии и биотехнологии, так как обладают значительным потенциалом применения в качестве средств биологической защиты растений, средств для биоремедиации почв, а также в качестве эффективных инструментов для гетерологической экспрессии генов. В данной работе было построено филогенетическое дерево бактерии *Brevibacillus formosus* DSM 9885, выделенной из образцов почвенных отложений.

Abstract

Bacteria of the genus *Brevibacillus* (family *Paenibacillaceae*) are of great interest to specialists in the field of microbiology and biotechnology, as they have significant potential for use as biological plant protection agents, soil bioremediation agents, and as effective tools for heterologous gene expression. In this work a phylogenetic tree of the bacterium *Brevibacillus formosus* DSM 9885, isolated from soil sediment samples, has been built.

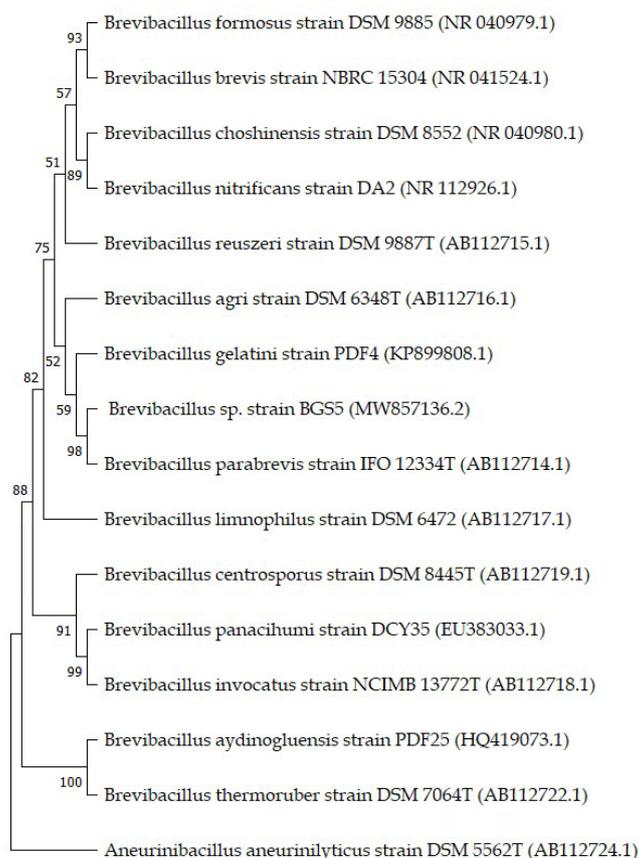
В ходе скрининга образцов почвенных отложений была выделена культура грамположительных аэробных палочковидных бактерий, образующих бежевые, плоские колонии, способная к росту на твердом питательном субстрате, содержащем агар-агар в качестве основного источника углерода. По результатам секвенирования фрагментов гена 16S рПНК выделенная культура была идентифицирована как *Brevibacillus formosus* DSM 9885.

Штаммы *B. formosus* обладают большим ферментативным потенциалом для применения в различных сферах биотехнологии. Например, штамм *B. formosus* BISR-1, выделенный из почв Великой индийской пустыни, может продуцировать гипертермостабильную хитиназу, период полураспада которой составляет свыше 5 ч при температуре 100 °С и которая обладает активностью против различных фитопатогенных грибов [1].

Методом *Neighbor-joining* (методом объединения соседей) было построено филогенетическое дерево (см. рисунок), реконструированное на основе множественного выравнивания последовательностей гена 16S рПНК, показывающее положение *Brevibacillus formosus* DSM 9885 среди родственных таксонов (*Aneurinibacillus aneurinilyticus* выбран в качестве аут-группы).

Сестринским таксоном для *Brevibacillus formosus* DSM 9885 является *Brevibacillus brevis* NBRC 15304 (см. рисунок). Известно, что эти штаммы бактерий оказывают значительный ингибирующий эффект на развитие мицелия и прорастание спор гриба *Alternaria alternata* (возбудителя заболевания бурой пятнистости листьев картофеля). Согласно опубликованным данным, наибольшего снижения уровня заболеваемости среди картофеля возможно достичь, если опрыскивать растения препаратом, объединяющим оба бактериальных штамма. То есть применение штаммов *B. formosus* DSM 9885 и *B. brevis* NBRC 15304 можно рассматривать в качестве потенциального инструмента для снижения негативного воздействия *A. alternata*, вызывающего бурую пятнистость листьев картофеля [2].

Бактерии *Brevibacillus formosus* DSM 9885 обладают генами, участвующими в ответе на экологический стресс различного происхождения, и способны адаптироваться к меняющимся условиям внешней среды, что обуславливает необходимость их дальнейшего изучения.



Филогенетическое дерево, построенное методом NJ на основе последовательностей гена 16S рРНК бактерий рода *Brevibacillus*; числа возле узлов обозначают процент надежности топологии, полученный в результате бутстреп-анализа (из 1000 бутстреп-повторов)

Литература

1. Meena S. et al. Production and purification of a hyperthermostable chitinase from *Brevibacillus formosus* BISR-1 isolated from the Great Indian Desert soils // *Extremophiles*. 2014. Vol. 18. P. 451–462.
2. Ahmed A. I. S. Biological control of potato brown leaf spot disease caused by *Alternaria alternata* using *Brevibacillus formosus* strain DSM 9885 and *Brevibacillus brevis* strain NBRC 15304 // *J. Plant Pathol. Microbiol.* 2017. Vol. 8, No. 6. P. 1–8.