

## Важнейшие результаты Института клеточного и внутриклеточного симбиоза УрО РАН за 2019 год

Институт клеточного и внутриклеточного симбиоза УрО РАН за 2019 г. проводил свою научную и организационную деятельность в соответствии с Уставом по основным направлениям научной деятельности Института:

- изучение механизмов клеточного и внутриклеточного симбиоза и их регуляция факторами различного генеза;

- создание новых медико-лабораторных технологий на основе изучения механизмов взаимодействия микро- и макроорганизмов и разработка научных основ микроэкологического мониторинга объектов внешней среды.

За 2019 год в ИКВС УрО РАН исследования проводились по 4 зарегистрированным темам, по 2 проектам Комплексной программы Уральского отделения Российской академии наук, по 4 проектам РФФИ.

При выполнении указанных научных тем и проектов получены следующие важнейшие результаты:

Методом высокопроизводительного single cell секвенирования ампликонов гена 16S рРНК определен состав микробиома в клетках инфузорий родов *Paramecium* и *Stentor*. Установлено, что микробиомы, ассоциированные с клетками инфузорий, существенно отличались по таксономическому составу и богатству от сообществ свободноживущих бактерий. Кроме того, микробиомы инфузорий разных родов и географической локализации характеризовались выраженными различиями. В микробиомах инфузорий родов *Paramecium* и *Stentor* выявлены бактерии, являющиеся комменсалами или оппортунистами человека, включая *Alcaligenes*, *Bacillus*, *Bacteroides*, *Bergeyella*, *Capnocytophaga*, *Corynebacterium*, *Enterococcus*, *Haemophilus*, *Lautropia*, *Mycobacterium*, *Neisseria*, *Porphyromonas*, *Prevotella*, *Propionibacterium*, *Pseudomonas*, *Rothia*, *Stenotrophomonas*, *Streptococcus* и *Veillonella*. Полученные данные подтверждают гипотезу о том, что свободноживущие инфузории вовлекают в ассоциации потенциально патогенных бактерий и выполняют роль их природного резервуара.

Проведено исследование микробиоты зубного налёта методом секвенирования 16S рДНК у детей с бронхиальной астмой с кариесом и без кариеса. У детей с кариесом отмечено достоверно более высокое содержание

микроорганизмов класса Negativicutes, порядка Selenomonadales, семейства Veillonellaceae, рода *Veillonella*. Относительное обилие рода *Neisseria* было достоверно выше у детей без кариеса. Вместе с тем, в ротовой полости детей обеих групп выявлены кариесогенные микроорганизмы *Streptococcus*, *Neisseria*, *Veillonella*, *Prevotella*, *Haemophilus*, *Kingella*, *Porphyromonas*, которые также являются патогенами респираторного тракта и при взаимодействии с иммунной системой могут играть роль в патогенезе астмы.

Из реки Тузлукколь (Оренбургская обл., соленость 22‰) и оз. Горькое (Челябинская обл., соленость 10‰) выделена культура центрохелидного солнечника принадлежащего новому роду и новому виду *Pinjata ruminata* Gerasimova et Zlatogursky 2019. Методом сканирующей электронной микроскопии охарактеризованы особенности строения покровных элементов, формирующих два слоя тангенциально-ориентированных кремниевых чешуек с различной морфологией. По результатам секвенирования ДНК выявлены особенности вторичной структуры 18S рРНК, формирующей пять специфических регионов PIN 2, 6, 7, 10 и 12, и имеющих филогенетическое родство с представителями недавно описанного семейства Yogsothothidae. Обнаружение всех представителей семейства Yogsothothidae в морских или солоноватоводных биотопах позволило выдвинуть гипотезу о галофилии данного семейства.

На основе межмикробного распознавания «свой-чужой» разработан способ определения биосовместимости штаммов с использованием адаптационных критериев микросимбионтов. Оценка биосовместимости микросимбионтов в сочетании с определением антагонистической активности микроорганизмов составляет основу отбора пробиотических штаммов для формирования новых композиций. Получены опытные образцы двух симбиотических композиций пробиотиков, конкурирующих по эффективности с рядом коммерческих биопрепаратов.

Обоснована возможность использования метода флуоресцентной гибридизации in situ (FISH) для диагностики острого пиелонефрита, что позволяет дифференцировать серозную и гнойную стадии данного заболевания, с возможностью обнаружения и одновременной идентификации микроорганизмов (в соответствии с используемыми ДНК-зондами). Показано, что разработанная технология FISH эффективна для оценки степени тяжести больных сепсисом.