ШТАММ ИМЕЕТ ЗНАЧЕНИЕ: ВЫБРАННЫЕ КОМБИНАЦИИ — КЛЮЧ К УСПЕШНЫМ РЕШЕНИЯМ

К. БОСТВИРОННУА, д-р вет. медицины, компания Chr. Hansen, Дания; **Р. КОДЭЙК**, д-р наук

Первые бактерии были обнаружены и описаны Антони ван Левенгуком в 1676 г., когда он опубликовал свои наблюдения в серии писем в Королевское общество.

Сегодня, спустя столетия, насчитывается около 1 трлн видов микроорганизмов на Земле — огромная популяция с большими различиями между собой. Если сравнить количество бактерий со всеми видами растений и животных (вместе около 10 млн), то можно заключить, что мы живем исключительно в бактериальном мире. Мы повсюду окружены бактериями.

У людей и животных интересные взаимоотношения с бактериями. С одной стороны, мы полагаемся на них, поскольку они помогают нам усваивать в ЖКТ клетчатку, которую наш организм не в состоянии переварить самостоятельно. Во взаимоотношениях с микроорганизмами здесь явная выгода для нас. С другой стороны, мы опасаемся микробов, поскольку некоторые виды микроорганизмов могут быть патогенными и вызывать различные заболевания. Все зависит от вида и штамма микроорганизмов. Штамм все-таки имеет значение.

Микробы, как и любой другой вид живых микроорганизмов, классифицированы. В таблице представлены все ступени классификации бактерий (слева) и человека (справа).

В классификации человека ступени заканчиваются на уровне вида *Homo sapiens*. Однако аналогичная классификация у бактерий доходит до *Bacillus subtilis* , тогда как у микробов она намного больше, чем у людей на уровне вида. Предоставление микробам специального кода штамма позволяет определить, к какому из *Bacillus subtilis* данный вид бактерий относится. Штаммы микробов и их характеристики значительно отличаются друг от друга на уровне вида.

В пределах *Bacillus subtilis* могут существовать тысячи различных штаммов, которые можно рассматривать как совокупность индивидуальностей. Следовательно, тогда колония штаммов похожа на популяцию клонов одного и того же человека.

Штамм является подтипом вида микробов с уникальной генетической идентичностью, а также с отличительными морфологическими, биохимическими и поведенческими особенностями. Например, бактериальный вид *Bacillus subtilis* состоит из более чем 1000 штаммов, которые зарегистрированы в международных банках штаммов. Для сравнения: 250 разновидностей крупного рогатого скота, 190 пород собак и 65 кроссов кур в совокупности не близки по разнообразию к *Bacillus subtilis* в пределах одного вида. Приведем несколько примеров, чтобы выделить некоторые различия, обнаруженные в *Bacillus subtilis*.

Ступени классификации бактерий и человека

Научная классификация	*Bacillus subtilis*	*Homo sapiens*
Домен	Bacteria	Animalia
Тип	Firmicutes	Chordata
Класс	Bacillus	Mammalia
Порядок	Baciliales	Primates
Семейство	Bacillaceae	Hominidae
Род	Bacillus	Homo
Вид	***Bacillus subtilis***	***Homo sapiens***

ПЕРВЫЙ ПРИМЕР: выработка ферментов *Bacillus subtilis*

Целлюлаза и ксиланаза — ферменты, необходимые для расщепления соответственно целлюлозы и гемицеллюлозы. Их активность изменяется в различных штаммах *Bacillus*. На рисунке 1а показан уровень целлюлазы и ксиланазы, продуцируемых четырьмя штаммами *Bacillus subtilis*, отличающихся кодом их штамма (Larsen с соавт., 2014).

Штаммы *Bacillus* значительно различаются в группе *Bacillus subtilis* и обладают различной целлюлазной и ксиланазной активностями (рис. 1б). Это означает, что не все штаммы *Bacillus subtilis* будут иметь одинаковый эффект при добавлении пробиотиков в рацион животных.

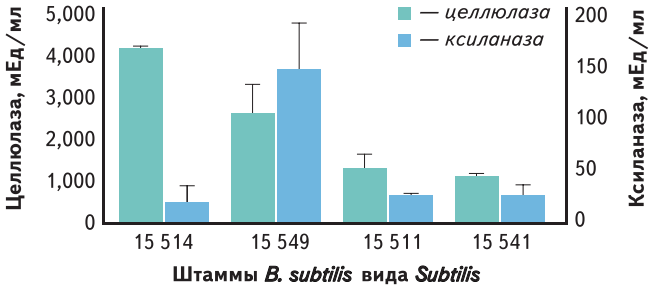


Рис. 1а. Уровень целлюлазы и ксиланазы, продуцируемых четырьмя штаммами Bacillus subtilis

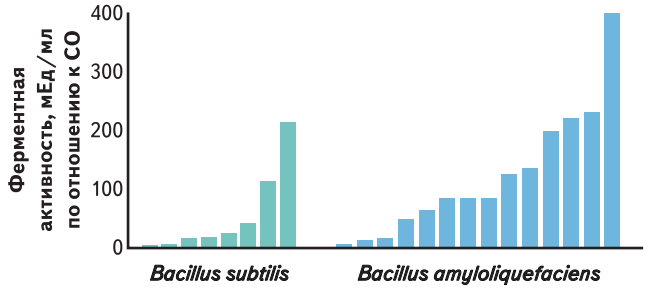


Рис. 1б. Ксиланазная активность штаммов Bacillus subtilis и Bacillus amyloliquefaciens

ВТОРОЙ ПРИМЕР: высокое генетическое разнообразие в пределах *Bacillus subtilis*

В одной категории или функции гены одного и того же штамма или вида идентифицируются как расходящиеся, если их экспрессия приведет к различным результатам.

Количество генов, связанных с различными группами категорий, и уровни общей дивергенции в конкретном штамме, определяющем разнообразие, можно оценить с помощью генотипирования. На рисунке 2 представлены 17 различных штаммов *Bacillus subtilis* (Earl с соавт., 2017) для понимания уровня генетического сходства для определенной функции. Были идентифицированы признаки, имеющие решающее значение для выживания штамма, такие как производство клеточных стенок, обмен веществ, прорастание и др. Мы видим довольно большое разнообразие генетической дивергенции для большинства функций — расхождения составляют от 16% при метаболизме аминокислот до 66% при антимикробной выработке пептидов.

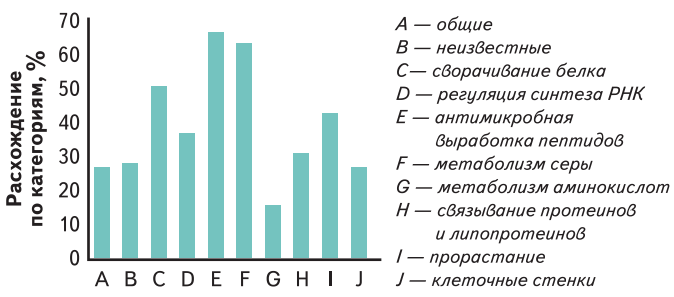
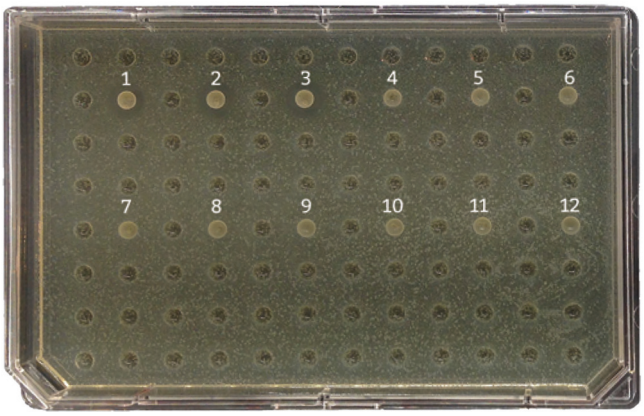


Рис. 2. Уровень генетической дивергенции между 17 штаммами Bacillus subtilis

ТРЕТИЙ ПРИМЕР: ингибирующая активность патогена

Для выявления ингибирующих эффектов в отношении сальмонеллы Гейдельберга в Дании был проведен тест на ингибирование патогенов *in vitro* (EXP-18-AH5439). Сальмонелла Гейдельберга была высеяна на агаре, а штаммы *Bacillus* привиты. Зоны подавления были измерены. Ингибирующая активность различных штаммов *Bacillus subtilis* в отношении патогенных бактерий сальмонеллы Гейдельберга сильно варьируется. Одни из штаммов *Bacillus* не повлияли на торможение сальмонеллы, другие повлияли.

На рисунке 3 визуализирован эффект ингибирования патогена некоторыми штаммами *Bacillus* из банка штаммов компании Chr. Hansen по отношению к другим штаммам *Bacillus*, представленным на рынке. Продукты разводили в пептонном солевом разбавителе. Суспензии продукта были добавлены в специальные пластины «ежики».



1, 2, 3 — ингибирование, 4–12 — отсутствие ингибирования

Рис. 3. Ингибирование сальмонеллы Гейдельберга с помощью разных штаммов Bacillus

Оценка генетического разнообразия бактерий имеет решающее значение для идентификации штамма. Выбор и дифференцирование штаммов — основа успеха, так как все штаммы обладают уникальными свойствами. Когда для целевого применения правильно выбраны подходящие штаммы, они могут стать эффективным решением для противодействия основным проблемам в области питания и здоровья.

Справиться с проблемой может не один-единственный штамм. Однако всегда встает вопрос о выборе соответствующих штаммов или их комбинаций для достижения поставленной цели. Компания Chr. Hansen отобрала лучшие штаммы *Bacillus* для производства своих препаратов для птицеводства. Сочетание этих штаммов явилось наиболее эффективным. Они отличаются сильным ингибированием патогенов и способностью продуцировать ферменты. Штаммы имеют значение. Выбранные комбинации штаммов — ключ к успешному решению, от которого могут выиграть специалисты по птицеводству. ■