

2. Antileishmanial activity of the violacein extracted from *Chromobacterium violaceum* / L.L. Leon [et al.] // Journal of Antimicrobial Chemotherapy. – 2001. – Vol. 48, No 3. – P. 449–450.

3. Molecular mechanism of violacein-mediated human leukemia cell death / C.V. Ferreira [et al.] // Blood. – 2004. – Vol. 104, No 5. – P. 1459–1464.

4. Violacein, an indole-derived purple-colored natural pigment produced by *Janthinobacterium lividum*, inhibits the growth of head and neck carcinoma cell lines both *in vitro* and *in vivo*. / L. Masuelli [et al.] // Tumour Biology. – 2016. – Vol. 37, No 3. – P. 3705–3717.

CHARACTERIZATION AND IDENTIFICATION OF *JANTHINOBACTERIUM LIVIDUM*, PRODUCED VIOLET PIGMENT

N.V. Sovgir¹, E.Y. Hetko¹, H.A. Bareika², A.V. Sidarenka^{1,2}

¹*Belarusian State University, Minsk, Belarus*

²*Institute of Microbiology, National Academy of Sciences of Belarus,
Minsk, Belarus*

sovgirnv@gmail.com

Morphological, cultural and physiological-biochemical properties of two bacterial strains producing intracellular violet pigment, presumably violacein, were characterized. Based on phenotypic features, analysis of cell protein profiles by MALDI-TOF mass spectrometry, 16S rRNA gene sequencing, isolated bacteria were identified as *Janthinobacterium lividum*. It was shown that tested strains differ from the type strain their ability to grow under anaerobic conditions and fermentative type of glucose metabolism. The differences of analyzed cultures in the level of intracellular pigment production, proteolytic and chitinolytic activities were established.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ ШТАММОВ ЛЕЙКОНОСТОКОВ, ПЕРСПЕКТИВНЫХ ДЛЯ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В ЗАКВАСКАХ

Ю.С. Тарашкевич

*РУП «Институт мясо-молочной промышленности», Минск, Беларусь
julia10095@mail.ru*

Бактерии рода *Leuconostoc* – представители ароматообразующих микроорганизмов. Лейконостоки представляют интерес для сыроделия, так

как обладают более выраженной газообразующей способностью в молоке и сырах по сравнению с лактококками. Наиболее часто в сыре встречаются *Leuconostoc mesenteroides* подвид *cremoris* и *Leuconostoc lactis* [1].

Основная проблема идентификации представителей рода *Leuconostoc* состоит в том, что данные микроорганизмы часто могут быть ошибочно идентифицированы как энтерококки или лактобактерии. Поэтому в развитых коллекциях используется полифазный подход, который заключается в объединении всех возможных данных как фенотипического, так и генетического характера, с целью получения достоверной идентификации. Высокая идентичность нуклеотидной последовательности 16S рРНК гена, по сравнению с другими рРНК генами, позволяет использовать его как стандартный генетический маркер для идентификации и таксономической классификации бактерии рода *Leuconostoc* [2, 3].

Объектами исследований являлись шесть штаммов лейконостоков из Республиканской коллекции промышленных штаммов заквасочных культур и их бактериофагов РУП «Институт мясо-молочной промышленности», которые были идентифицированы на основании физиолого-биохимических тестов: 410 МН-ODG, 413 МН-ODG, 418 МН-ODG, 426 МН-ODG, 427 МН-ODG, 430 МН-OD.

С использованием пар праймеров 27f/rD1 были синтезированы фрагменты около 1500 п.о., которые экстрагировали из геля с целью дальнейшего использования в качестве матриц для секвенирования. Определены нуклеотидные последовательности гена 16S рРНК всех исследованных штаммов протяженностью около 700–800 нуклеотидов, что было достаточно для проведения BLAST-поиска.

Все исследуемые штаммы оказались наиболее близки к двум подвидам вида *Leuconostocmesenteroides*: *Leuconostocmesenteroidessubsp. mesenteroides* и *Leuconostocmesenteroidessubsp. dextranicum*.

Максимальный уровень сходства нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК с подвидами *Leuconostocmesenteroides* наблюдался у штаммов 410 МН-ODG, 413 МН-ODG и 426 МН-ODG и достигал 98–99 %. У штамма 427 МН-ODG уровень сходства с типовыми штаммами составил 96 %, а у штаммов 418 МН-ODG и 430 МН-ODG – 94 и 93 % соответственно.

Таким образом, сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей генов 16S рРНК исследуемых штаммов с

референтными штаммами лейконостоков из GenBank позволил выявить высокий уровень гомологии исследуемых штаммов с представителями рода *Leuconostoc*, что подтверждает их видовую принадлежность, составленную на основании традиционных физиолого-биохимических тестов и позволяет отнести их к виду *Leuconostocmesenteroides*.

1. ГОСТ 10444.11-89 Продукты пищевые. Методы определения молочнокислых микроорганизмов. Дата введения 01.01.1991.

2. Fatma, С.Н. Isolation and identification of *Leuconostocmesenteroides* producing bacteriocin isolated from Algerian raw camel milk / С.Н. Fatma, Z. Benmechernene // African Journal of Microbiology Research. – 2013. – Vol. 7, No 23. – P. 2961–2969.

3. Cordana R. Dimic. Characteristics of the *Leuconostocmesenteroides* subsp. *mesenteroides* strains from fresh vegetables // BIBLID. – 2006. – Vol. 37. – P. 3–11.

GENETIC IDENTIFICATION OF *LEUCONOSTOC*, PROMISING FOR USE IN STARTER CULTURES

Y.S. Tarashkevich

Institute for Meat and Dairy Industry, Minsk, Belarus

julia10095@mail.ru

Six strains of *Leuconostoc* promising for use in the composition of starter cultures were identified. A comparative analysis of the nucleotide sequences of the 16S rRNA genes of the studied strains with referent strains of *Leuconostoc* from GenBank was carried out. A high level of homology of the studied strains was found with representatives of the genus *Leuconostoc*. The species affiliation of the studied strains was confirmed on the basis of traditional physiological and biochemical tests. Identification results allow the studied cultures to be classified as *Leuconostoc mesenteroides*.
