

## НУМЕРИЧНИЙ АНАЛІЗ ЕЛЕКТРОФОРЕТИЧНИХ СПЕКТРІВ ПОВЕРХНЕВИХ БІЛКІВ НЕПАТОГЕННИХ ВИДІВ КОРИНЕБАКТЕРІЙ

У статті охарактеризовано білкові профілі поверхневих біополімерів клітин штамів *Corynebacterium flavescens* УКМ Ас-611<sup>T</sup> і *Corynebacterium terpenotabidum* УКМ Ас-610<sup>T</sup> та проведено їхнє порівняння з представниками інших видів непатогенних коринебактерій. На основі нумеричного аналізу білкових електрофореграм побудовано таксономічну дендрограму досліджених видів *Corynebacterium*. Узгодженість проведеного групування коринебактерій за електрофоретичними спектрами поверхневих білків з їхньою видовою належністю свідчить про можливість використання цієї ознаки для ідентифікації непатогенних коринебактерій.

**Ключові слова:** непатогенні коринебактерії, поверхневі білки, електрофоретичні білкові профілі, нумеричний аналіз, коефіцієнт подібності.

### Вступ

Встановлення систематичного положення більшості мікроорганізмів, зокрема коринебактерій, неможливе без застосування поліфазної таксономії, яка базується на використанні генотипної, фенотипної та філогенетичної інформації про організми [1–3]. При цьому водночас із дослідженням молекулярно-генетичних ознак вивчають морфологію, ультраструктуру, фізіолого-біохімічні, хемотаксономічні, антигенні та інші властивості мікроорганізмів. У таксономічних дослідженнях різних груп бактерій успішно використовують дані щодо складу клітинних білків, визначеного методом електрофорезу у поліакриламідному гелі у присутності додецилсульфату натрію (SDS) з подальшим нумеричним аналізом електрофореграм [4–6]. Застосування нумеричного аналізу дає змогу групувати найподібніші між собою штами бактерій та здійснювати розподіл видів у межах роду з урахуванням ступеня їхньої спорідненості за білковими спектрами. Це, своєю чергою, дає змогу з високим ступенем вірогідності вибудовувати «ланцюг» родинних взаємозв'язків між штамами, оскільки групування бактерій за електрофоретичними білковими профілями, як правило, збігається з результатами ДНК-гібридизації та досліджень філогенетичних ознак [7–10].

У проведених раніше дослідженнях [11] було охарактеризовано білкові профілі представників видів *Corynebacterium glutamicum*, *Corynebacterium ammoniagenes*, *Corynebacterium vitaeruminis*, *Corynebacterium variabile* та *Corynebacterium* sp. (*Brevibacterium stationis*) УКМ Ас-719, який за сучасною класифікацією віднесений до виду *Corynebacterium stationis* [12].

Метою цієї роботи було дослідження електрофоретичних спектрів поверхневих білків представників видів *Corynebacterium flavescens* і *Corynebacterium terpenotabidum* та визначення на основі нумеричного аналізу ступеня спорідненості за згаданою ознакою цих та інших видів непатогенних коринебактерій.

### Матеріали та методи

Об'єктами досліджень були штами непатогенних видів коринебактерій – *Corynebacterium flavescens* УКМ Ас-611<sup>T</sup> (<sup>T</sup>-типичний для виду штама), *Corynebacterium terpenotabidum* УКМ Ас-610<sup>T</sup>, *Corynebacterium glutamicum* (УКМ Ас-673, УКМ Ас-674, УКМ Ас-675, УКМ Ас-714, УКМ Ас-715, УКМ Ас-733), *Corynebacterium ammoniagenes* УКМ Ас-732<sup>T</sup>, *Corynebacterium vitaeruminis* УКМ Ас-718<sup>T</sup>, *Corynebacterium variabile* (УКМ Ас-716 і УКМ Ас-717<sup>T</sup>) та *Corynebacterium stationis* УКМ Ас-719<sup>T</sup>, які підтримуються в Українській колекції мікроорганізмів (УКМ). Для порівняння було залучено штама *Brevibacterium linens* УКМ Ас-728 як представник типового виду роду *Brevibacterium*.

Препарати поверхневих білків клітин коринебактерій одержували екстракцією з інтактних клітин добових культур 1 % розчином SDS («Serva», Німеччина) у 0,15 М розчині NaCl, рН 4,5, як описано раніше [13]. Вміст білків у препаратах визначали методом Лоурі, вуглеводів – антроновим методом [14]. Електрофорез зразків проводили у системі ПААГ-SDS («Sigma», США) за Laemmli із застосуванням 14 % гелів, як описано у праці [11]. Для візуалізації електрофореграм застосовували фарбування гелів кумасі блакитним R-250 («Serva», Німеччина). Для

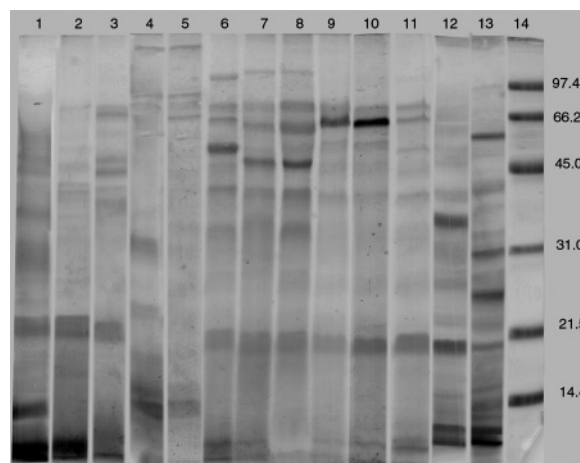
визначення молекулярних мас ( $M_m$ ) використовували комерційний набір маркерних білків LMW («Bio-Rad», США): фосфорилаза *B* (97,4 кДа), альбумін (66,2 кДа), овальбумін (45,0 кДа), карбонатангідраза (31,0 кДа), інгібітор трипсину (21,5 кДа), лізоцим (14,4 кДа). Розрахунок молекулярних мас білків після сканування гелів проводили за допомогою спеціальної комп'ютерної програми TotalLab v1.10. Останню адаптовано для подальшого використання одержаних даних у створених нами програмах розрахунку коефіцієнта подібності (КП) препаратів за складом білків (так званий Dice Coefficient) і кластерного аналізу. На підставі проведеного аналізу було побудовано дендрограми спорідненості досліджених штамів за електрофоретичними білковими спектрами із застосуванням методу незважених парних середніх (unweighted pair-group method using arithmetic averages, UPGMA) [6; 15; 16].

### Результати та обговорення

Відомо, що за сучасною класифікацією до роду *Corynebacterium* поряд із переважаючою кількістю (близько 60) видів так званого медичного походження, серед яких є представники нормальної мікрофлори та патогенні для людини і тварин види, належать «немедичні» (сапрофітні) види – *C. ammoniagenes*, *C. callunae*, *C. casei*, *C. efficiens*, *C. flavescens*, *C. glutamicum*, *C. mooreparkense*, *C. terpenotabidum*, *C. stationis*, *C. variable* і *C. vitaeruminis*, ізольовані з ґрунту, стічних вод, молочних продуктів та інших джерел. У попередніх дослідженнях показано, що білкові профілі видів *C. glutamicum*, *C. ammoniagenes*, *C. vitaeruminis*, *C. variable* та *C. stationis* характеризувалися видоспецифічним спектром максимально представлених у зразках (мажорних) білків і мали значну кількість спільних мінорних компонентів [11; 13]. Для встановлення можливості ширшого застосування результатів дослідження білкових спектрів у таксономії роду *Corynebacterium* необхідним є вивчення цієї характеристики у якомога більшої кількості штамів різних видів коринібактерій. З огляду на це, ми вважали доцільним долучити у дослідження типові штами видів *C. flavescens* УКМ Ас-611<sup>T</sup> і *C. terpenotabidum* УКМ Ас-610<sup>T</sup> та визначити спорідненість за спектрами поверхневих білків цих штамів із представниками інших видів коринібактерій немедичного походження.

Аналіз білкових електрофореграм *C. flavescens* УКМ Ас-611<sup>T</sup> засвідчив, що цей штам характеризувався наявністю незначної кількості мажорних білків (рис. 1). У препаратах виявлено 4 таких білки з  $M_m$  39,0; 23,0; 14,4 і 13,5 кДа, а також (у значно меншій кількості) білки з  $M_m$  143,0; 66,0; 55,0; 52,0; 50,0; 44,0; 42,0; 35,0; 33,0;

31,0; 29,0; 26,0; 25,0; 19,5; 19,0; 18,5; 18,0; 17,0; і 16,5 кДа. При вивченні білкового спектру штаму *C. terpenotabidum* УКМ Ас-610<sup>T</sup> ідентифіковано 5 мажорних білків із  $M_m$  60,0; 33,0; 28,0; 14,4 і 13,5 кДа та протеїни з  $M_m$  153,0; 143,0; 105,0; 55,0; 52,0; 44,0; 42,0; 40,0; 36,0; 35,0; 34,0; 30,0; 25,0; 23,0; 22,0; 21,0; 19,5; 18,5; 16,5 і 15,5 кДа, віднесені до мінорних компонентів.



**Рис. 1.** Електрофоретичні спектри поверхневих білків колекційних штамів коринібактерій: 1 – *C. stationis* УКМ Ас-719<sup>T</sup>, 2 – *C. ammoniagenes* УКМ Ас-732<sup>T</sup>, 3 – *C. vitaeruminis* УКМ Ас-718<sup>T</sup>, 4 – *C. variable* УКМ Ас-717<sup>T</sup>, 5 – *C. variable* УКМ Ас-716, 6 – *C. glutamicum* УКМ Ас-733, 7 – *C. glutamicum* УКМ Ас-714, 8 – *C. glutamicum* УКМ Ас-715, 9 – *C. glutamicum* УКМ Ас-673, 10 – *C. glutamicum* УКМ Ас-УКМ Ас-675, 11 – *C. glutamicum* УКМ Ас-674, 12 – *C. terpenotabidum* УКМ Ас-610<sup>T</sup>, 13 – *C. flavescens* УКМ Ас-611<sup>T</sup>, 14 – маркерні білки

Порівняльний аналіз білкових спектрів штамів *C. flavescens* УКМ Ас-611<sup>T</sup> і *C. terpenotabidum* УКМ Ас-610<sup>T</sup> дав змогу з'ясувати, що, незважаючи на наявність значної кількості спільних білків, за білковими профілями ці штами відрізнялися не лише один від одного (рис. 1), а й від інших представників раніше досліджених видів непатогенних *Corynebacterium*. Характерною особливістю білкових профілів обох штамів (УКМ Ас-611<sup>T</sup> і УКМ Ас-610<sup>T</sup>) порівняно з іншими видами непатогенних коринібактерій була наявність максимальної кількості компонентів у зоні гелю, у якій локалізовані біополімери з  $M_m$  43,0 кДа та менше, і практична відсутність високомолекулярних білків.

Як ми вже згадували, вивчення складу індивідуальних білків бактерій, як правило, поєднують із нумеричним аналізом отриманих електрофоретичних білкових профілів. Для обробки даних та визначення коефіцієнтів групової подібності мікроорганізмів за певними біологічними ознаками використовують спеціалізоване програмне забезпечення (наприклад, TotalLab, GelPro Analyzer, GelPrepar та ін.), серед яких найбільш широким використанням є Biomage Whole Band analyzer

Таблиця 1. Коефіцієнти подібності непатогенних коринебактерій за білковими спектрами

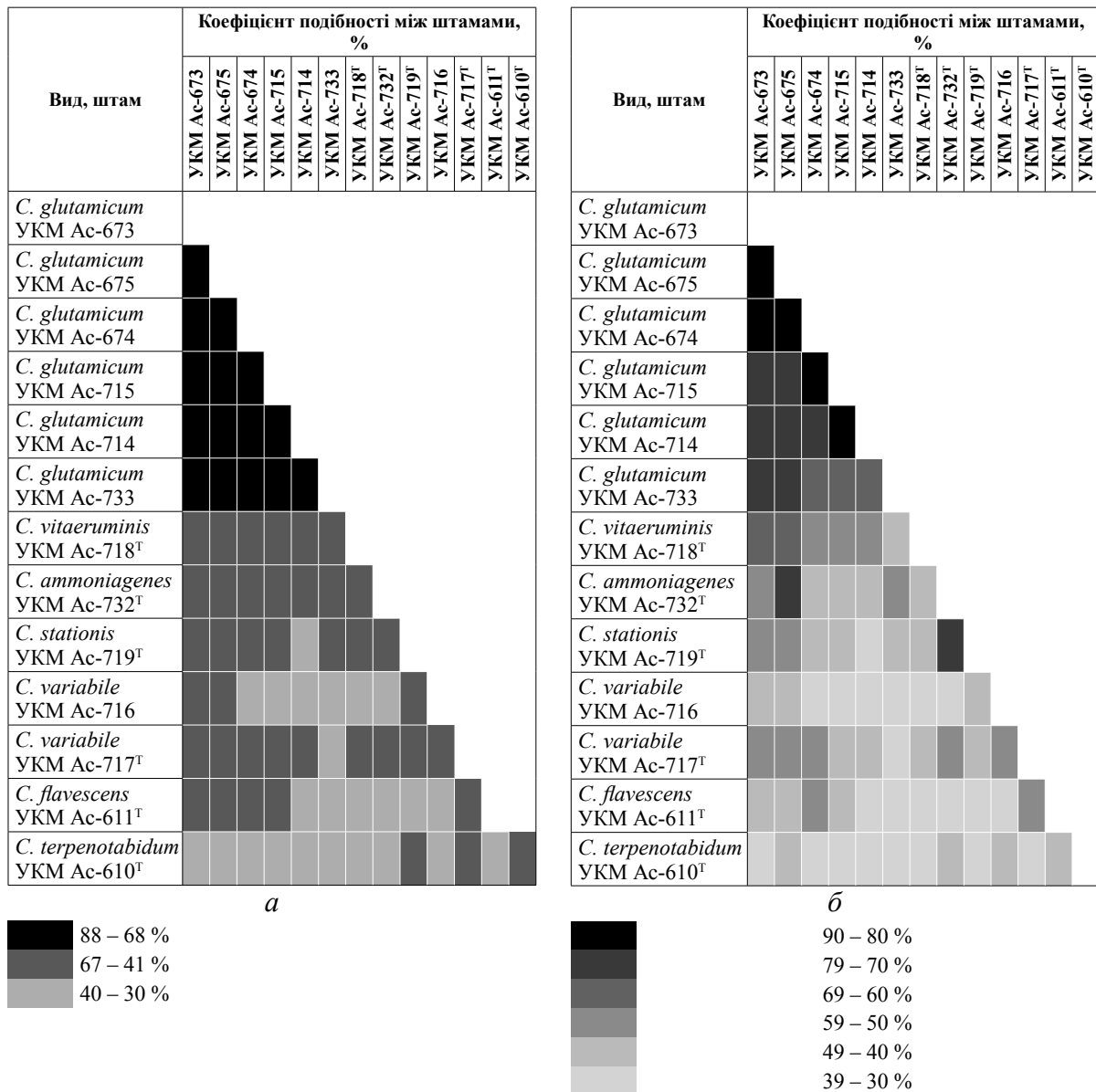
Вид, штамп	Коефіцієнт подібності між штамми, %												
	УКМ Ac-673	УКМ Ac-675	УКМ Ac-674	УКМ Ac-715	УКМ Ac-714	УКМ Ac-733	УКМ Ac-718 <sup>T</sup>	УКМ Ac-732 <sup>T</sup>	УКМ Ac-719 <sup>T</sup>	УКМ Ac-716	УКМ Ac-717 <sup>T</sup>	УКМ Ac-611 <sup>T</sup>	УКМ Ac-610 <sup>T</sup>
<i>C. glutamicum</i> УКМ Ac-673													
<i>C. glutamicum</i> УКМ Ac-675	88,4												
<i>C. glutamicum</i> УКМ Ac-674	87,8	81,0											
<i>C. glutamicum</i> УКМ Ac-715	78,9	71,8	81,1										
<i>C. glutamicum</i> УКМ Ac-714	73,7	71,8	75,7	88,2									
<i>C. glutamicum</i> УКМ Ac-733	71,8	70,0	68,4	68,6	68,6								
<i>C. vitaeruminis</i> УКМ Ac-718 <sup>T</sup>	62,9	64,7	58,8	58,1	51,6	43,8							
<i>C. ammoniagenes</i> УКМ Ac-732 <sup>T</sup>	53,7	61,9	45,0	48,6	48,6	52,6	47,1						
<i>C. stationis</i> УКМ Ac-719 <sup>T</sup>	50,0	53,7	41,0	44,4	38,9	48,6	42,4	61,5					
<i>C. variabile</i> УКМ Ac-716	42,6	45,8	34,8	32,6	32,6	36,4	35,0	30,4	44,4				
<i>C. variabile</i> УКМ Ac-717 <sup>T</sup>	53,1	56,0	50,0	44,4	44,4	39,1	42,9	50,0	42,6	50,0			
<i>C. flavescens</i> УКМ Ac-611 <sup>T</sup>	48,8	47,6	50,0	48,6	37,8	31,6	35,3	30,0	30,8	30,1	54,2		
<i>C. terpenotabidum</i> УКМ Ac-610 <sup>T</sup>	31,8	40,0	27,9	35,0	35,0	30,4	37,8	41,9	33,3	49,0	39,2	46,5	

(поширена у США) чи GelCompare (застосовується переважно у Європі). Основною метою застосування згаданого програмного забезпечення є мінімізація суб'єктивного впливу дослідника під час оцінки електрофоретичних профілів, а також значне прискорення і полегшення розрахунків. Сучасне програмне забезпечення дає змогу здійснити нормалізацію профілю, видалення фону (який може бути зумовлений перебиттям піків), корегування на викривлення гелів тощо. Після цього таблиця з молекулярними масами білків може бути використана для підрахунку коефіцієнтів їхньої подібності [6]. Залежно від рівня технічного забезпечення лабораторій за допомогою згаданих програм здійснюють розрахунок подібності електрофоретичних профілів бактерій із врахуванням інтенсивності забарвлення індивідуальних білкових смуг (наприклад, «correlation coefficient» чи «simple matching coefficient»), або лише констатують наявність цих смуг у зразках (Dice coefficient) [6; 8; 17].

На підставі результатів вивчення складу індивідуальних білків *C. flavescens* УКМ Ac-611<sup>T</sup> і *C. terpenotabidum* УКМ Ac-610<sup>T</sup> розраховано коефіцієнти подібності електрофоретичних профілів цих культур та проведено їхнє порівняння із представниками інших видів непатогенних ко-

ринебактерій (табл. 1). Встановлено, що КП досліджених штамів за білковими спектрами, який дозволяє визначити ступінь спорідненості видів коринебактерій у межах роду, для штамів одного виду становив > 68 %, для філогенетично близьких видів – 65–51 % і для віддалених – < 50 %.

За умови аналізу значного масиву даних для встановлення рівня подібності досліджених об'єктів та наочної ілюстрації одержаних результатів, як правило, застосовують графічні методи зображення. Одним із таких методів є диференційно заштрихована матриця подібності [6]. Вважають, що такий спосіб представлення експериментальних даних має спростувати інтерпретацію одержаних результатів й полегшувати їхнє сприйняття. У роботі для побудови диференційно заштрихованих матриць подібності досліджених штамів застосовували визначені нами для видів роду *Corynebacterium* діапазони подібності значень КП (табл. 1 та рис. 2, а) або інтервали подібності, які використовують інші автори (рис. 2, б) [6]. У створених матрицях подібності кожен діапазон значень заштриховували таким чином, аби щільність забарвлення корелятивно відображала вищі значення КП. Проте такий підхід значною мірою залежить від довільно обраних дослідниками інтервалів



**Рис. 2.** Результати групування досліджених штамів непатогенних коринебактерій у диференційно заштрихованій матриці подібності залежно від діапазону та інтервалу розподілу значень КП: А – діапазон значень КП, визначений для непатогенних видів роду *Corynebacterium*; Б – діапазон значень КП, обраний за літературними джерелами. Щільність штриховки корелятивно відображає зменшення КП

діапазону подібності значень КП, тому не дозволяє однозначно трактувати результати під час групування мікроорганізмів за дослідженими ознаками.

Більш прийнятною для аналізу електрофоретичних спектрів білків, на наш погляд, є побудова таксономічних дендрограм із застосуванням «критерію середнього зв'язку». Результати, представлені у вигляді таких дендрограм, показують не лише рівень подібності між окремими штамми, а й між групами (кластерами) досліджених мікроорганізмів.

На підставі проведених нами розрахунків коефіцієнтів подібності за електрофоретичними

білковими профілями було побудовано дендрограму спорідненості штамів непатогенних коринебактерій (рис. 3). Аналіз отриманих результатів засвідчив, що при  $KP \geq 48\%$  досліджені коринебактерії розподілилися на 5 відокремлених груп, кожна з яких об'єднувала різну кількість штамів.

Першу групу утворювали усі штами виду *C. glutamicum* (УКМ Ас-673, УКМ Ас-674 і УКМ Ас-675, УКМ Ас-714, УКМ Ас-715, УКМ Ас-733), для яких встановлено найвищий внутрішньовидовий показник КП (68,4–88,4 %). До другої групи зараховано штами *C. ammoniagenes* УКМ Ас-732<sup>Т</sup> та *C. stationis* УКМ Ас-719<sup>Т</sup>, по-

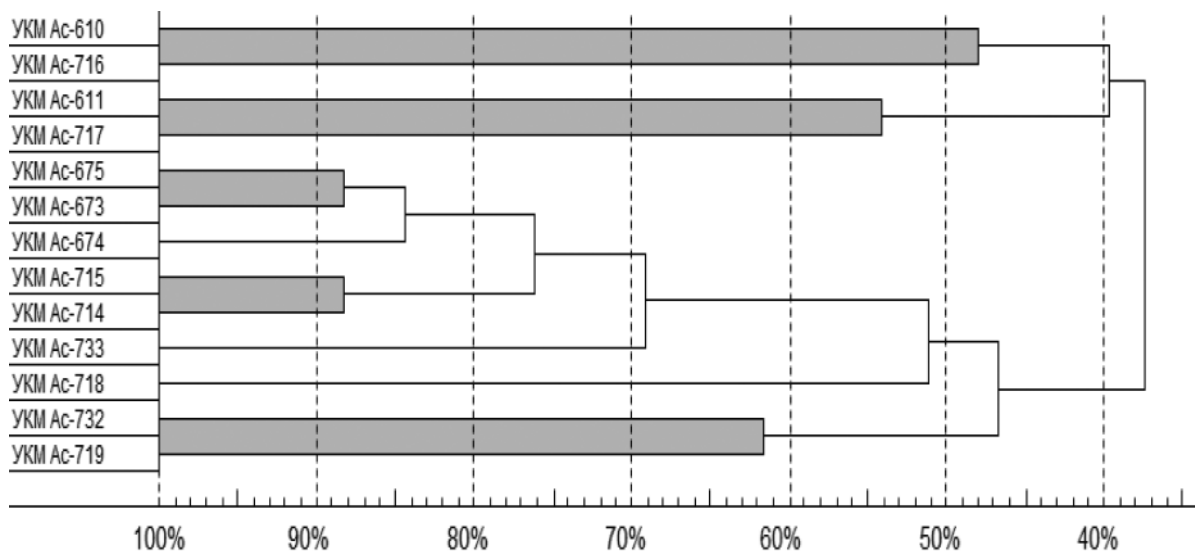


Рис. 3. Таксономічна дендрограма видів непатогенних коринебактерій, побудована на основі нумеричного аналізу електрофоретичних спектрів поверхневих білків клітин

казник КП для яких становив 61,5 %. Встановлена значна подібність цих штамів за спектрами поверхневих білків узгоджується із наведеними у літературі результатами аналізу їхніх філогенетичних характеристик [12]. До складу третьої групи входили штами *C. flavescens* УКМ Ас-611<sup>T</sup> і *C. variabile* УКМ Ас-717<sup>T</sup>, рівень подібності між якими становив 54,2 % (рис. 4). Четверта група, сформована на рівні подібності 51,0 %, представлена одним штамом *C. vitaeruminis* УКМ Ас-718<sup>T</sup>. Відокремленість *C. vitaeruminis* від інших непатогенних видів роду *Corynebacterium* підтверджується також результатами молекулярно-генетичних досліджень інших авторів [18, 19]. У наших дослідженнях зазначений штам за електрофоретичними спектрами білків виявляв найбільшу подібність зі штамми виду *C. glutamicum* (рис. 1 та 3). П'ята група містила штам *C. variabile* УКМ Ас-716 і типовий штам виду *C. terpenotabidum* УКМ Ас-610<sup>T</sup>, рівень подібності між якими становив 48,0 % (рис. 3). Отримане нами групування вказаних штамів за білковими спектрами підтверджується даними аналізу 16S рРНК [18; 20]. Слід зазначити, що обидва досліджені колекційні штами *C. variabile*, ізольовані з молочних продуктів, виявилися достатньо віддаленими між собою за спектрами поверхневих білків. Типовий штам *C. variabile* УКМ Ас-717<sup>T</sup>, описаний раніше як *Arthrobacter variabilis*, близький до штаму *C. flavescens* УКМ Ас-611<sup>T</sup>, що входить до складу мікрофлори поверхні «дозріваючих» сирів, натомість *C. variabile* УКМ Ас-716, який за старою класифікацією ідентифіковано як *Caseobacter polymorphus*, виявляв найвищий ступінь спорідненості до ви-

діленого з ґрунту типового штаму виду *C. terpenotabidum* УКМ Ас-610<sup>T</sup>. Для пояснення цього явища необхідно провести додаткове детальніше дослідження складу поверхневих біополімерів клітин та інших біологічних характеристик вказаних штамів *C. variabile*.

Визначений середній рівень подібності між різними видами непатогенних коринебактерій за електрофоретичними спектрами білків не перевищував 65 %, що узгоджується із наведеними у літературі даними для представників інших родів актинобактерій, зокрема, видів *Rhodococcus* [7] і *Brevibacterium* [10]. Дуже низький (10 %) рівень подібності між білковими спектрами штамів *Corynebacterium* і представником типового виду роду *Brevibacterium* – *B. linens* УКМ Ас-728 засвідчує достатньо високу родову специфічність зазначеної ознаки для коринебактерій.

### Висновки

Таким чином, унаслідок проведених досліджень встановлено, що розподіл непатогенних коринебактерій за спектрами поверхневих білків на окремі кластери відповідав їхній сучасній класифікації за іншими фенотипними ознаками, а об'єднання більшості штамів у певні групи, як правило, збігалось з даними молекулярно-генетичних досліджень інших авторів [18–20] і проведеним нами раніше групуванням цих штамів за антигенними властивостями [21; 22]. Одержані результати засвідчують, що метод порівняння електрофоретичних білкових профілів може бути використаний у комплексі ознак для видової діагностики коринебактерій.

## Література

- Смирнов В. В. Украинская коллекция микроорганизмов : сохранение биоразнообразия, таксономические исследования, ресурсы биотехнологии / В. В. Смирнов, Е. А. Киприанова // Бюл. Ин-ту сільськ. мікробіології УААН. – 2000. – № 6. – С. 4–7.
- Genomic diversity and phylogenetic relationship among lipid-requiring diphtheroids from humans and characterization of *Corynebacterium macginleyi* sp. nov. / P. Riegel, R. Ruimy, D. De Briel et. al. // Int. J. Syst. Bacteriol. – 1995. – Vol. 45, № 1. – P. 128–133.
- Stackebrandt E. Proposal for a new hierarchic classification system, Actinobacteria classis nov. / E. Stackebrandt, F. A. Rainey, N. L. Ward-Rainey // Int. J. Syst. Bacteriol. – 1997. – Vol. 47, № 2. – P. 479–491.
- Carlson R. R. Taxonomy of *Corynebacterium* plant pathogens, including a new pathogen of wheat, based on polyacrylamide gel electrophoresis of cellular protein / Carlson R. R., Vidaver A. K. // Int. J. System. Bacteriol. – 1982. – Vol. 32, № 3. – P. 315–326.
- Costas M. Classification, identification, and typing of bacteria by the analysis of their one-dimensional polyacrylamide gel electrophoretic protein patterns // Advances an electrophoresis / [Ed. A. Chambrach, M. J. Dunn, B. J. Radola]. – Weinheim : VCH Verlagsgesellschaft, 1992. – Vol. 5. – P. 351–408.
- Vauterin L. Protein electrophoresis and classification // Handbook of new bacterial systematics / L. Vauterin, J. Swings, K. Kersters [Ed. M. Goodfellow, A. G. O'Donnell]. – London : Acad. Press, 1993. – P. 251–280.
- Ившина И. Б. Бактерии рода *Rhodococcus* (иммунодиагностика, детекция, биоразнообразие) : автореф. дис. на соиск. ученой степени д-ра биол. наук / И. Б. Ившина. – Пермь, 1997. – 98 с.
- Dicks L. M. T. Relatedness of *Leuconostoc* species of the *Leuconostoc sensu stricto* line of descent, *Leuconostoc oenos* and *Weissella paramesenteroides* revealed by numerical analysis of total soluble cell protein patterns / L. M. T. Dicks // System. Appl. Microbiol. – 1995. – Vol. 18. – P. 99–102.
- Jackman P. J. H. Classification of *Corynebacterium* species from axillary skin by numerical analysis of electrophoretic protein patterns / P. J. H. Jackman // J. Med. Microbiol. – 1982. – Vol. 15. – P. 485–492.
- Kampfer P. Differentiation of *Brevibacterium* species by electrophoretic protein patterns / P. Kampfer // System. Appl. Microbiol. – 1994. – Vol. 17, № 4. – P. 533–535.
- Електрофоретичні спектри білків клітинної стінки як критерій для ідентифікації та класифікації непатогенних коринебактерій / Л. О. Михальський, І. М. Фуртат, Ф. П. Дем'яненко, А. А. Костючик // Укр. біохім. журн. – 2001. – Т. 73, № 3. – С. 6–70.
- Assignment of *Brevibacterium stationis* (ZoBell and Upham 1944) Breed 1953 to the genus *Corynebacterium*, as *Corynebacterium stationis* comb. nov., and emended description of the genus *Corynebacterium* to include isolates that can alkalinize citrate / K. A. Bernard, D. Wiebe, T. Burdz et al. // Int. J. Syst. Evol. Microbiol. – 2010. – Vol. 60, № 4. – P. 874–879.
- Фуртат І. М. Склад поверхневих білків клітинної стінки та антигенні властивості непатогенних коринебактерій : автореф. дис. на здобуття ступеня канд. біол. наук / Фуртат І. М. – К., 2001. – 24 с.
- Захарова И. Я. Методы изучения микробных полисахаридов / И. Я. Захарова, Л. В. Косенко. – К. : Наук. думка, 1982. – С. 37.
- Jackman P. J. H. Bacterial taxonomy based on electrophoretic whole-cell protein patterns. Chemical methods in bacterial systematics / P. J. H. Jackman // Soc. Appl. Bacteriol. – 1985. – Vol. 5, № 6. – P. 115–127.
- Jackman P. J. H. Microbial systematics based on electrophoretic whole-cell protein patterns. In: Methods in microbiology / P. J. H. Jackman. – London : Acad. Press, 1987. – Vol. 19. – P. 210–225.
- Bordetella hinzii* sp. nov., isolated from poultry and humans / P. Vandamme, J. Hommez, M. Vancanneyt et al. // Int. J. System. Bacteriol. – 1995. – Vol. 45, № 1. – P. 37–45.
- Corynebacterium mooreparkense* sp. nov. and *Corynebacterium casei* sp. nov., isolated from the surface of a smear-ripened cheese / N. M. Brennan, R. Brown, M. Goodfellow et al. // Int. J. System. Bacteriol. – 2001. – Vol. 51. – P. 843–852.
- Phylogenetic analysis of the genus *Corynebacterium* based on 16S rRNA gene sequences / C. Pascual, P. A. Lawson, J. A. E. Farrow et al. // Int. J. Syst. Bacteriol. – 1995. – Vol. 45, № 4. – P. 724–728.
- Corynebacterium terpenotabidum* sp. nov., a bacterium capable of degrading squalene / M. Takeuchi, T. Sakane, T. Nihira et al. // Int. J. System. Bacteriol. – 1995. – Vol. 49. – P. 223–229.
- Михальський Л. О. Антигенна спорідненість *Corynebacterium flavescens* та *Corynebacterium terpenotabidum* з іншими видами непатогенних коринебактерій / Л. О. Михальський, І. М. Фуртат, Т. М. Ногіна // Наукові записки НАУКМА. – 2001. – Т. 19. – С. 22–26.
- Серологічна спорідненість деяких видів непатогенних коринебактерій / І. М. Фуртат, Т. М. Ногіна, Л. О. Михальський, О. А. Веденська // Мікробіол. журн. – 2002. – Т. 64, № 1. – С. 66–76.

I. Furtat, T. Nogina, L. Mykhalsky

## NUMERIC ANALYSIS OF ELECTROPHORETIC SPECTRA OF SURFACE PROTEINS OF NON-PATHOGENIC CORYNEBACTERIA

*In this paper it were characterized the protein profiles of cell surface biopolymers of *Corynebacterium flavescens* UCM Ac-611<sup>T</sup> and *Corynebacterium terpenotabidum* UCM Ac-610<sup>T</sup> strains and compared them with other species of non-pathogenic corynebacteria. On the base of the numeric analysis of protein elektroforegram the taxonomic dendrogram of the investigated *Corynebacterium* species was built. The consistency of the grouping of corynebacteria based on the electrophoretic spectra of surface proteins with their species belonging, indicate about the possibility to use of this feature for the identification of non-pathogenic corynebacteria.*

**Keywords:** non-pathogenic corynebacteria, surface proteins, electrophoretic protein spectra, numeric analysis, dice coefficient.

Матеріал надійшов 10.06.2012