

Новый вид аэробных метилотрофных бактерий рода *Starkeya* из активных илов

Чемодурова А.А., Капаруллина Е.Н., Доронина Н.В.

ФИЦ «Пушинский научный центр биологических исследований РАН»,
Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН;
chemodurova.alina@mail.ru

Аэробные метилотрофные бактерии (метилотрофы) - физиологическая группа микроорганизмов, обладающая уникальной способностью использовать метан (метанотрофы) и его окисленные и замещенные производные в качестве источников углерода и энергии.

Метилотрофы характеризуются большим функциональным разнообразием и приобретают все большую экологическую значимость, поскольку на фоне глобального кризиса состояния окружающей среды увеличивается число местообитаний с высоким содержанием токсичных и канцерогенных C_1 -соединений.

Цель нашей работы - физиолого-биохимическая и таксономическая характеристика трех новых метилотрофных изолятов - штаммов 3С, 1А и 8Р, выделенных из разных проб активных илов очистных сооружений г. Москвы.

Исследуемые изоляты представлены аэробными, грамотрицательными, неподвижными, неспорообразующими палочками, размножающимися бинарным делением (рис.1).

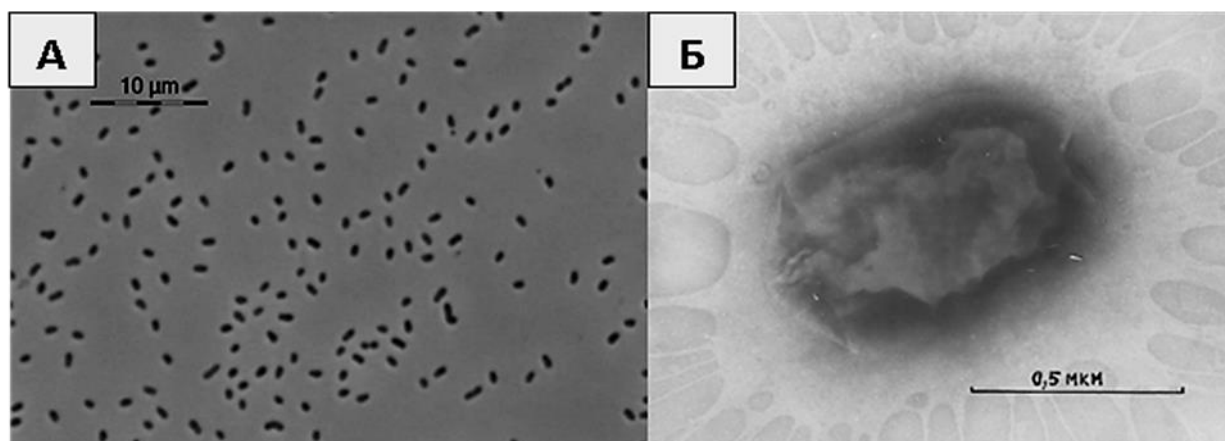


Рис. 1. Морфология клеток штамма 3С^T. А – фазовый контраст (длина масштабной метки 10 мкм). Б – негативный контраст (длина масштабной метки 0,5 мкм).

Растут при 17-42 °С (оптимально 25-30 °С) и при pH 6.0-8.5 (оптимально 6.8-7.5). Все три штамма используют метанол, формиат и широкий спектр полиуглеродных субстратов. Окисляют метанол через формальдегид и формиат соответствующими дегидрогеназами до CO₂, который ассимилируют рибулозобисфосфатным путем (имеют активности рибулозобисфосфаткарбоксилазы и фосфорибулокиназы). В жирнокислотном составе клеток преобладают C_{18:1ω7c} и C_{19:0}. Основной убихинон-Q₁₀. Содержание ГЦ пар в ДНК составляет 68.2 (штамм 3С), 67.6 (штамм 1А), 68.5 (штамм 8Р) мол.% (Тпл). Согласно результатам филогенетического анализа, основанного на сравнении нуклеотидных последовательностей генов 16S рРНК, штаммы имеют высокий уровень сходства между собой (99.9-100%) и близки к известным представителям рода *Starkeya* - *S.novella* DSM 506^T (98.8%) и *S.koreensis* KCTC 12212^T (99.2%). ДНК-ДНК гибридизация выявила высокий уровень гомологии изолятов между собой (80-97%), однако уровень ДНК-ДНК гомологии штамма 3С^T с *S.novella* DSM 506^T и *S.koreensis* KCTC 12212^T составил только 50±2 %. На

основании полученных данных штаммы 3С, 1А, 8Р классифицированы как представители нового вида рода *Starkeya*, для которого предложено название *Starkeya moskoviensis* sp.nov., типовой штамм 3С^T (=VKM В-3218^T=KCTC 62336^T) (рис. 2).

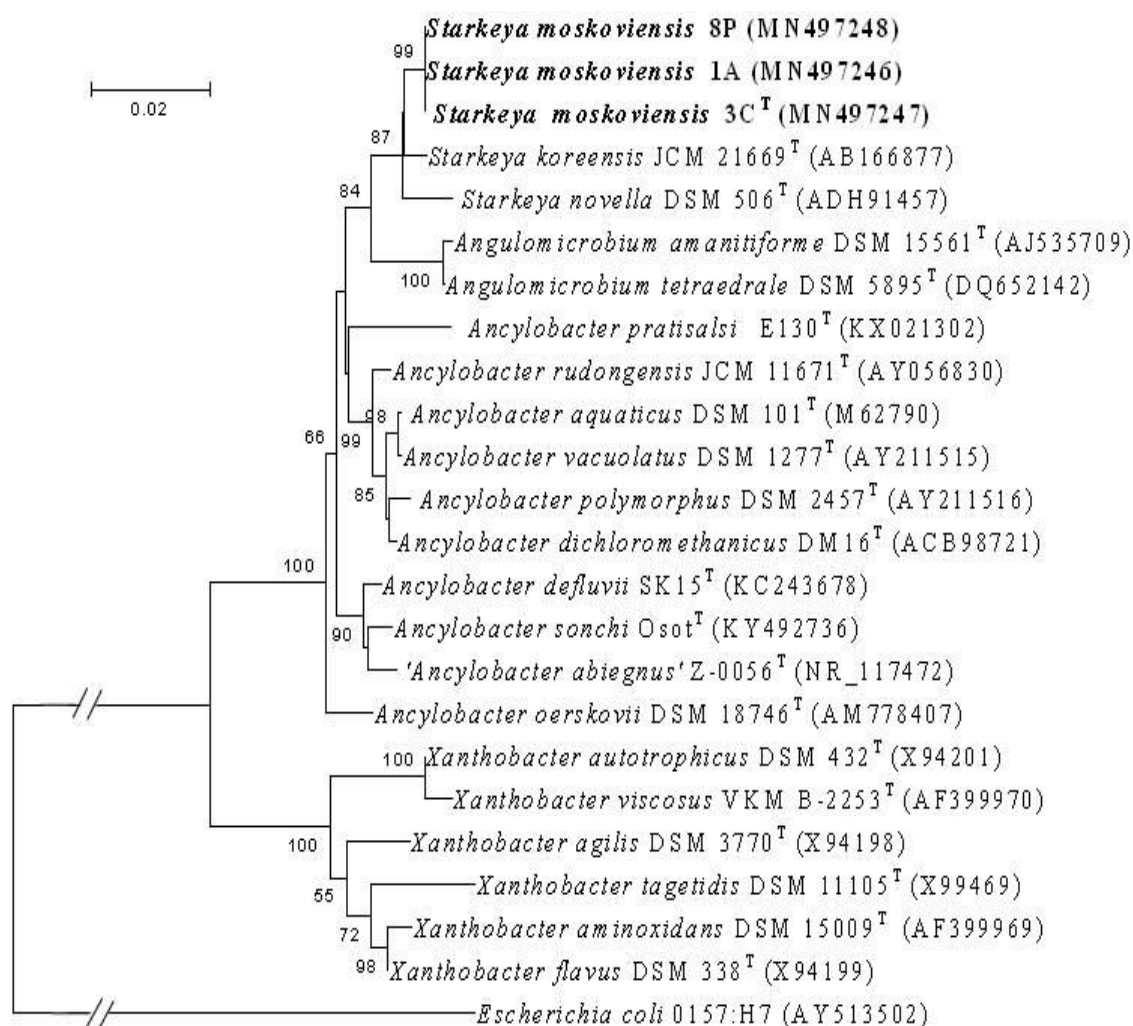


Рис. 2. Филогенетическое положение штаммов 3С^T, 1А и 8Р, основанное на результатах сравнительного анализа нуклеотидных последовательностей генов 16S рРНК. Масштаб соответствует 2 нуклеотидным заменам на каждые 100 нуклеотидов (эволюционное расстояние). Использован метод "neighbor-joining". Корень определен включением последовательности *Escherichia coli* 0157: H7 (AY513502) в качестве внешней группы.

Геном *Starkeya moskoviensis* 3С^T (VMBP00000000) состоит из 4179879 п.н., 3888 генов, 3791 белок-кодирующих генов и имеет ряд отличий от генома *Starkeya novella* DSM 506^T. Средняя идентичность нуклеотидов гомологичных генов (ANI) и ДНК-ДНК гомология *in silico* (dDDH) штамма 3С^T и *S. novella* DSM 506^T составили 85.2% и 28.3%, соответственно.

Род *Starkeya* относится к классу *Alphaproteobacteria* семейства *Xanthobacteraceae*. Представители рода *Starkeya* (валидно описаны только два вида) являются строго аэробными, грамотрицательными, факультативно - метилотрофными бактериями, играющими важную роль в деградации ряда соединений

Таким образом, род *Starkeya*, представленный до настоящего времени только двумя видами- *S. koreensis* KCTC 12212^T и *S. novella* DSM 506^T, пополнился новым представителем - *Starkeya moskoviensis* sp.nov.