

УДК 579

ГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ МЕТАБОЛИЗМА МЕТАНОЛА И МЕТИЛАМИНА НОВОГО МЕТИЛОТРОФА 'ANCYLOBACTER RADICIS' VT**Н.В. Агафонова***Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрябина РАН, ФИЦ Пушчинский научный центр биологических исследований РАН, Пушкино, Россия*

Бактерии рода *Ancylobacter* являются хемоорганотрофными бактериями, встречаются в различных местах обитания (водная среда, донные отложения, растения), многие представители являются метилотрофами, т. к. используют в качестве источников углерода и энергии различные C₁-соединения (метанол, метиламин, формальдегид и др.). Недавно был секвенирован геном (номер NCBI GenBank JAHNCQH000000000) нового метилотрофного представителя рода *Ancylobacter*, '*Ancylobacter radialis*' VT (VKM B-3255), выделенного нами из корней лапчатки (*Potentilla* sp.).

Цель работы – геномный анализ метаболизма метанола и метиламина у исследуемого штамма. Поиск и аннотацию генов проводили с использованием сервера RAST v. 2.0, с последующей проверкой в результате сравнения предсказанных генов с базами данных NCBI.

Как и другие известные представители рода *Ancylobacter*, штамм VT является факультативным метилотрофом, использует метанол и метиламин, а также ряд полиуглеродных соединений в качестве источников углерода и энергии. Метанол окисляет до формальдегида двумя разными метанолдегидрогеназами (МДГ): идентифицирован полный оперон, кодирующий классическую МДГ (*mxaHFJGIRSACKLDE*, KIP89_04550–04490), и 2 копии гена *хоxF* (KIP89_13095, KIP89_18225), кодирующие лантанонид-содержащий тип ХоxF-МДГ. Выявлены гены, кодирующие ферменты окисления формальдегида (*fae*, KIP89_12980–13000) и формиата (KIP89_10005–10025, KIP89_11770–11785), в т. ч. НАД⁺-зависимая формиантдегидрогеназа (KIP89_11675). Штамм VT реализует рибулозобисфосфатный (РБФ) путь C₁-метаболизма, в геноме обнаружены гены всех ферментов цикла Кальвин-Бенсон-Бассем: фосфорибулокиназа (KIP89_02405), рибулозобисфосфаткарбоксилаза (*cbbLM*, KIP89_02385–02390), фосфоглицераткиназа (KIP89_18865), глицеральдегид-3-фосфат дегидрогеназа (KIP89_18870), триозофосфатизомераза (KIP89_04270), фруктозобисфосфатальдолаза (KIP89_18860), фруктозо-1,6-бисфосфатаза (KIP89_12205), транскетолаза (KIP89_02400, KIP89_18875, KIP89_11680), рибулозобисфосфат-3-эпимераза (KIP89_02375, KIP89_01470), рибулозо-5-фосфатизомераза (KIP89_13510). Кроме того, анализ генома выявил, что в метаболизме углеводов участвуют три пути: гликолитический, пентозофосфатный и Энтнера-Дудорова, поскольку найдены гены альдолаз фруктозо-1,6-бисфосфата (KIP89_02410) и 2-кето-3-дезоксиглюкозо-6-фосфоглюконата (KIP89_19215), а также дегидрогеназ глюкозо-6-фосфата (KIP89_02615) и 6-фосфоглюконата (KIP89_09985, KIP89_01850, KIP89_17830). Показано наличие генов изоцитратдегидрогеназы (KIP89_01360), а также α-кетоглутаратдегидрогеназы (KIP89_02115), что свидетельствует о замкнутом цикле Кребса. Обнаружены также гены ферментов глиоксилатного шунта: изоцитратлиаза (KIP89_13590), малатсинтаза (KIP89_17460) и ФЕП-карбоксилаза (KIP89_16035).

Поскольку не обнаружен ключевой ген прямого окисления метиламина, кодирующего фермент метиламиндегидрогеназу (*mauA*), по-видимому, использование этого субстрата осуществляется через N-метилглутаматный (НМГ) путь. Выявлены кластеры генов, кодирующие ферменты НМГ-пути: N-метилглутаматдегидрогеназа (*mgdABCD*, KIP89_19175–19190), N-метилглутаматсинтаза (*mgsABC*, KIP89_11245–11255) и γ-глутамилметиламидсинтаза (*gmaS*, KIP89_11260).

Таким образом, проведенный анализ генома выявил основные пути метаболизма метанола и метиламина: показано, что штамм VT способен к автотрофной метилотрофии, реализует РБФ-путь C₁-метаболизма, а метиламин утилизирует посредством N-метилглутаматного пути.