

ГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ НОВОГО МЕТИЛОТРОФА 'METHYLOLIGELLA MARIS' GL2

Н.В. Агафонова, Е.Н. Капаруллина, Н.В. Доронина

Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, ФИЦ Пушчинский научный центр
биологических исследований РАН, Пушкино, Россия

Аэробные метилотрофные бактерии – одна из экологически и биотехнологически важных групп микроорганизмов. Известно, что метанол является естественным продуктом метаболизма растений, а также образуется *in situ* в океанах во время роста и разложения фитопланктона и в результате микробной ферментации водорослей. Недавно из морской воды (о. Лусон, Филиппины) нами выделен новый представитель рода *Methyloligella* – '*Methyloligella maris*' GL2 (VKM B-3381).

Цель работы – поиск генов окисления метанола и метиламина в геноме исследуемого штамма (номер в NCBI GenBank CP054476), а также генов, ответственных за синтез биотехнологически значимых метаболитов. Поиск и аннотацию генов проводили с использованием сервера RAST v. 2.0, с последующей проверкой в результате сравнения предсказанных генов с базами данных NCBI.

Исследуемый штамм является умеренно галофильными облигатным метилотрофом, использующим метанол и / или метиламин в качестве единственного источника углерода и энергии. Геном штамма GL2 содержит две метанолдегидрогеназы (МДГ), катализирующие окисление метанола. Структурные компоненты Ca^{2+} -зависимой МДГ с пирролохинолинхиноном (PQQ) в активном центре и белки, необходимые для ее каталитической функции, кодируются кластером из 13 генов (*mxaHFJGIRSACKLDE*) (HT051_11865–11805). Показано также наличие генов, кодирующих альтернативную ХохF-МДГ, содержащую вместо кальция лантаноид в активном центре: *xohFJG* (HT051_03055-NT051_03065), *xohFJ* (HT051_11775-NT051_11780) и отдельные гены *xohF* (HT051_05195, HT051_05200). Штамм GL2 реализует изоцитратлиазотрицательный вариант серинового пути C_1 -метаболизма, показано наличие генов, кодирующих ферменты серин-глиоксилатаминотрансферазу (*sga*, HT051_02810) и гидроксипируватредуктазу (*hpr*, HT051_02815), отсутствие гена *aceA*, кодирующего изоцитратлиазу. Не обнаружены гены, кодирующие ключевые ферменты рибулозо-монофосфатного (*hps*, гексулозофосфатсинтаза) и рибулозо-бисфосфатного (*cbbL*, большая субъединица рибулозо-бисфосфаткарбоксилазы) путей C_1 -метаболизма, также не найден ген (*tauA*), кодирующий малую субъединицу метиламиндегидрогеназы (отвечает за прямое окисление метиламина до формальдегида). Вероятно, утилизация метиламина происходит через *N*-метилглутаматный (NMG) путь, который включает ферменты: γ -глутамилметиламидсинтазу (*gmaS*, HT051_11880), *N*-метилглутаматсинтазу (*mgsABC*, HT051_11885–11895). При этом NMG-дегидрогеназа, катализирующая окислительное разложение *N*-метилглутамата до глутамата и формальдегида, представлена саркозиноксидазоподобным опероном (*soxBDAG*, HT051_12205–12220). Наличие кластера генов *ectABC* (HT051_00285-NT051_00295), ответственного за биосинтез биопротектора эктоина, хорошо коррелирует с солеустойчивостью штамма (до 9 % NaCl в среде). Кроме того, показано наличие генов синтеза полигидроксibuтирата: *phaA* (HT051_02680), *phaB* (HT051_02685), *phaC* (HT051_09005) и регулятора PhaR (HT051_02675), что согласуется с данными о синтезе высокомолекулярного ПГБ известными представителями рода *Methyloligella* (*M. halotolerans* C2^T и *M. solikamskensis* SK12^T) (Doronina et al., 2013).

Таким образом, проведенный геномный анализ выявил гены, кодирующие ферменты первичного окисления метанола и метиламина, а также генов, ответственных за синтез биотехнологически значимых метаболитов – универсального биопротектора эктоина и биodeградебельного полимера полигидроксibuтирата.

Секция 5. Клеточная и генетическая инженерия
