

УДК 579

**ГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ МЕТАБОЛИЗМА МЕТАНОЛА И МЕТИЛАМИНА ТИПОВЫХ ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ РОДА HANSSCHLEGELIA****Н.В. Агафонова***Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, ФИЦ Пушчинский научный центр биологических исследований РАН, Пушкино, Россия*

Бактерии рода *Hansschlegelia* являются аэробными метилотрофами, т. к. используют в качестве источников углерода и энергии различные  $C_1$ -соединения (метанол, метиламин, формальдегид и др.). Представители рода встречаются в различных местах обитания (филлосфера и ризосфера растений, с/х и загрязненные почвы), являются фитосимбионтами, а также деструкторами некоторых гербицидов. Недавно были секвенированы геномы всех типовых представителей данного рода: *H. plantiphila* S<sub>1</sub><sup>T</sup> (номер в NCBI GenBank BSFI000000000), *H. zhihuaiae* S 113<sup>T</sup> (RYFI000000000), *H. beijingensis* PG04<sup>T</sup> (JACIDR000000000) и *H. quercus* Dub<sup>T</sup> (SIUB000000000).

**Цель работы** – геномный анализ метаболизма метанола и метиламина у типовых представителей рода *Hansschlegelia*. Поиск и аннотацию генов проводили с использованием сервера RAST v. 2.0, с последующей проверкой в результате сравнения предсказанных генов с базами данных NCBI GenBank.

Согласно результатам геномного анализа штаммы окисляют метанол до формальдегида двумя различными метанолдегидрогеназами (МДГ). В геномах всех типовых штаммов обнаружен кластер генов *mxa*, состоящий из 13 генов (*mxaHFJGIRSACKLDE*), кодирующих классическую PQQ-зависимую МДГ. Кроме того, обнаружены множественные гены, кодирующие лантаноид-содержащую МДГ *ХохF*-типа. Геном *H. plantiphila* S<sub>1</sub><sup>T</sup> содержит кластеры генов *хоxFJG*, *хоxFJ* и две копии генов *хоxF*; в геноме *H. quercus* Dub<sup>T</sup> – кластер *хоxFJ* и ген *хоxF*; *H. beijingensis* PG04<sup>T</sup> и *H. zhihuaiae* S113<sup>T</sup> содержат только кластер *хоxFJ*. Все типовые штаммы имеют генетические детерминанты ключевых ферментов изоцитратлиазо-отрицательного варианта (*icl*–) серинового пути  $C_1$ -метаболизма: оксипируватредуктазы (*hpr*) и серин-глиоксилатаминотрансферазы (*sga*), при этом отсутствует ген *асеА*, кодирующий изоцитратлиазу.

Циклическая регенерация глиоксилата типовыми штаммами осуществляется по этилмалонатному пути (геномы содержат гены *croR*, *crr*, *pssAB*, *ibd2*, *meaAB*, *mcmAB* и *erm*), вкпе с реакциями цикла Кребса (*sdhABCD*, *fumA*, *sucCD*) и биосинтеза полигидроксиалканоатов (*phaABR*). Обнаружены гены изоцитрат- и  $\alpha$ -кетоглутаратдегидрогеназы, свидетельствующие о том, что цикл Кребса замкнут. По всей вероятности, рибулозомонофосфатный и рибулозобисфосфатный пути не участвуют в первичной  $C_1$ -ассимиляции у этих штаммов, т. к. гены, кодирующие ключевые ферменты этих путей (*hps*, *гексулозофосфатсинтаза*; *cbbL*, *рибулозобисфосфаткарбоксилаза*), не найдены.

Для ассимиляции  $NH_4^+$  все штаммы используют глутаматный цикл, о чем свидетельствует наличие генов, кодирующих ферменты глутаминсинтетазу (*glnA*) и  $\alpha$ - и  $\beta$ -субъединицы глутаматсинтазы (*gltBD*), а также восстановительное аминирование  $\alpha$ -кетоглутарата (*gdh*).

Анализ геномов типовых представителей рода позволяет предположить, что все штаммы, вероятно, способны осуществлять утилизацию метиламина по *N*-метилглутаматному пути, поскольку выявлен кластер генов, кодирующий три специфических фермента (*mgdABCD*, *N*-метилглутаматдегидрогеназа; *mgsABC*, *N*-метилглутаматсинтаза; *gmaS*,  $\gamma$ -глутамилметиламидсинтетаза) этого пути. В геномах типовых штаммов не удалось обнаружить ген *mauA*, кодирующий малую субъединицу метиламиндегидрогеназы, катализирующей реакцию прямого окисления метиламина в формальдегид.

Таким образом, проведенный анализ геномов выявил основные пути метаболизма метанола и метиламина: показано, что типовые представители рода *Hansschlegelia* реализует *icl*– вариант серинового пути  $C_1$ -метаболизма, а метиламин утилизируют посредством *N*-метилглутаматного пути.