

ДОПОЛНИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫЕ СТАТЬИ

АНАЛИЗ ГЕНОМА И РЕКОНСТРУКЦИЯ МЕТАБОЛИЧЕСКИХ ПУТЕЙ
ДЕГРАДАЦИИ АМИНОКИСЛОТ И БЕТАИНА
У ГАЛОАЛКАЛОФИЛЬНОЙ БАКТЕРИИ *ANOXYNATRONUM SIBIRICUM*

© 2024 г. Е. Н. Деткова^а, Ю. В. Болтянская^а, Н. В. Пименов^а,
А. В. Марданов^б, В. В. Кевбрин^{а, *}

^аИнститут микробиологии им. С.Н. Виноградского, ФИЦ “Фундаментальные основы биотехнологии” РАН,
Москва, 119071, Россия

^бИнститут биоинженерии им. К.Г. Скрябина, ФИЦ “Фундаментальные основы биотехнологии” РАН,
Москва, 119071, Россия

*e-mail: kevbrin@inmi.ru

Таблица S1. Протестированные алкалофильные микроорганизмы из коллекции лаборатории реликтовых микробных сообществ

Микроорганизмы	Отношение к O ₂	Рост на бетаине	Рост на ДЭ с бетаином
<i>Acetivibrio (Clostridium) alkalicellulosi</i> Z-7026 ^T	А	—	—
<i>Alkali flexus imshenetskii</i> Z-7010 ^T	А	—	—
<i>Alkaliphilus peptidifermentans</i> Z-7036 ^T	А	—	+
<i>Amphibacillus tropicus</i> Z-7792 ^T	ФА	—	—
<i>Anaerobacillus alkalilacustris</i> Z-0521 ^T	А	—	—
<i>Anoxynatronum sibiricum</i> Z-7981 ^T	А	—	+
<i>Billgrandia (Halomonas) kenyensis</i> AIR-2 ^T	ФА	—	—
<i>Desulfonatronovibrio hydrogenovorans</i> Z-1307	А	—	—
<i>Desulfonatronovibrio hydrogenovorans</i> Z-7952	А	—	—
<i>Desulfonatronum cooperativum</i> Z-7999 ^T	А	—	—
<i>Desulfonatronum lacustre</i> Z-7951 ^T	А	—	—
<i>Desulfonatronum thiodismutans</i> MLF1 ^T	А	—	—
<i>Halanaerobium polyolivorans</i> Z-7514 ^T	А	—	—
<i>Halomonas campisalis</i> Z-7398-2	ФА	—	—
<i>Halomonas mongoliensis</i> Z-7009 ^T	ФА	—	—
<i>Halonatronum saccharophilum</i> Z-7986 ^T	А	—	—
<i>Natronincola ferrireducens</i> Z-0511 ^T	А	—	—
<i>Natronincola peptidivorans</i> Z-7031 ^T	А	—	+
<i>Pelagirhabdus (Amphibacillus) fermentum</i> Z-7984 ^T	ФА	—	—
<i>Proteinivorax tanatarense</i> Z-910 ^T	А	—	—
<i>Tindallia californiensis</i> APO ^T	А	—	—
<i>Tindallia magadiensis</i> Z-7934 ^T	А	—	—
<i>Tindallia magadiensis</i> Z-608	А	—	—

Примечания. А — облигатный анаэроб, ФА — факультативный анаэроб, ДЭ — дрожжевой экстракт.

Таблица S2. Гены и ферменты, вовлеченные в метаболизм аминокислот *A. sibiricum* Z-7981^T. Названия ферментов взяты из базы данных Brenda (www.brenda-enzymes.org)

Аминокислота	Ген	Фермент	
		EC	Название
Thr, Ser	<i>ilvA</i>	4.3.1.19	threonine ammonia lyase
	<i>por</i>	1.2.7.1	pyruvate synthase
	<i>pduX</i>	2.7.1.177	L-threonine kinase
	<i>cobD</i>	4.1.1.81	threonine phosphate decarboxylase
	<i>tdh</i>	1.1.1.103	L-threonine 3-dehydrogenase
	<i>kbl</i>	2.3.1.29	glycine C-acetyltransferase
	<i>glyA</i>	2.1.2.1	glycine hydroxymethyltransferase
	<i>ltaE</i>	4.1.2.48	low-specificity L-threonine aldolase
	<i>aor</i>	1.2.7.5	aldehyde ferredoxin oxidoreductase
	<i>sdaA</i>	4.3.1.17	L-serine ammonia lyase, α and β subunits
	<i>dsdA</i>	4.3.1.18	D-serine ammonia lyase
	<i>pflA</i>	1.97.1.4	formate C-acetyltransferase activating enzyme
	<i>pflD</i>	2.3.1.54	formate C-acetyltransferase
	<i>por</i>	1.2.7.1	pyruvate synthase
	<i>hylCBA–fdhF2</i>	1.17.1.11	formate dehydrogenase (NAD ⁺ , ferredoxin)
	<i>pta</i>	2.3.1.8	phosphate acetyltransferase
	<i>ackA</i>	2.7.2.1	acetate kinase
Glu	<i>murI</i>	5.1.1.3	glutamate racemase
	<i>rocG</i>	1.4.1.2	glutamate dehydrogenase
	<i>gdhA</i>	1.4.1.4	glutamate dehydrogenase (NADP ⁺)
	<i>korDABC</i>	1.2.7.3	2-oxoglutarate/2-oxoacid ferredoxin oxidoreductase
	<i>mcmA1</i>	5.4.99.2	methylmalonyl-CoA mutase
	<i>epi</i>	5.1.99.1	methylmalonyl-CoA epimerase
	<i>mmdA</i>	7.2.4.3	(S)-methylmalonyl-CoA decarboxylase (sodium-transporting)
	<i>pct</i>	2.8.3.1	propionate CoA transferase
	<i>sucD</i>	1.2.1.76	succinate semialdehyde dehydrogenase (acylating)
	<i>abfH</i>	1.1.1.61	4-hydroxybutyrate dehydrogenase
	<i>abfT</i>	2.8.3.-	4-hydroxybutyrate CoA transferase
	<i>abfD</i>	4.2.1.120	4-hydroxybutanoyl-CoA dehydratase
	<i>EtfAB-Bcd</i>	—	Ferredoxin-dependent electron bifurcating complex
	<i>ptb</i>	2.3.1.19	phosphate butyryltransferase
	<i>buk</i>	2.7.2.7	butyrate kinase
	<i>crt</i>	4.2.1.17	enoyl-CoA hydratase
	<i>paaH</i>	1.1.1.157	3-hydroxybutyryl-CoA dehydrogenase
	<i>atoB</i>	2.3.1.9	acetyl-CoA C-acetyltransferase
	<i>pta</i>	2.3.1.8	phosphate acetyltransferase
	<i>ackA</i>	2.7.2.1	acetate kinase
Asp	<i>maeB</i>	1.1.1.40	malate dehydrogenase (oxaloacetate-decarboxylating) (NADP ⁺)
	<i>puc</i>	6.4.1.1	pyruvate carboxylase
	<i>por</i>	1.2.7.1	pyruvate synthase
	<i>gltA</i>	2.3.3.1	citrate (Si)-synthase
	<i>acnA</i>	4.2.1.3	aconitate hydratase
	<i>IDH3</i>	1.1.1.41	isocitrate dehydrogenase (NAD ⁺)
	<i>korDABC</i>	1.2.7.3	2-oxoglutarate/2-oxoacid ferredoxin oxidoreductase

Окончание таблицы S2

Аминокислота	Ген	Фермент	
		EC	Название
	<i>aarC</i>	2.8.3.18	succinyl-CoA:acetate CoA-transferase
	<i>nadB</i>	1.4.3.16	L-aspartate oxidase
	<i>fumC</i>	4.2.1.2	fumarate hydratase
	<i>aspA</i>	4.3.1.1	aspartate ammonia lyase
	<i>aspB</i>	2.6.1.1	aspartate transaminase
	<i>racD</i>	5.1.1.13	aspartate racemase
Lys	<i>kamA</i>	5.4.3.2	lysine 2,3-aminomutase
	<i>kamDE</i>	5.4.3.3	lysine 5,6-aminomutase
	<i>kdd</i>	1.4.1.11	L-erythro-3,5-diaminohexanoate dehydrogenase
	<i>kce</i>	2.3.1.247	3-keto-5-amino hexanoate cleavage enzyme
	<i>kal</i>	4.3.1.14	3-aminobutyryl-CoA ammonia lyase
	EtfAB-Bcd	—	Ferredoxin-dependent electron bifurcating complex
	<i>atoAD</i>	2.8.3.9	butyrate-acetoacetate CoA transferase
	<i>atoB</i>	2.3.1.9	acetyl-CoA C-acetyltransferase
	<i>pta</i>	2.3.1.8	phosphate acetyltransferase
Arg	<i>ackA</i>	2.7.2.1	acetate kinase
	<i>rocF</i>	3.5.3.1	arginase
	<i>OTC</i>	2.1.3.3	ornithine carbamoyltransferase
	<i>argG</i>	6.3.4.5	argininosuccinate synthase
	<i>argH</i>	4.3.2.1	argininosuccinate lyase
Ala, Ile, Leu, Met, Phe, Val	<i>carAB</i>	6.3.5.5	carbamoyl-phosphate synthase (glutamine-hydrolysing)
	<i>ilvE</i>	2.6.1.42	branched-chain amino acid transaminase
	<i>tyrB</i>	2.6.1.57	aromatic amino acid transaminase
	OFOR	—	2-oxoacid: ferredoxin oxidoreductase family
	<i>trxB</i>	1.8.1.9	thioredoxin disulfide reductase
	<i>grdIH</i>	1.21.4.4	betaine reductase
	<i>rocG</i>	1.4.1.2	glutamate dehydrogenase
	<i>gdhA</i>	1.4.1.4	glutamate dehydrogenase (NADP ⁺)