

ОБЗОРЫ

АКТИНОМИЦЕТЫ *RHODOCOCCUS RUBER* – КЛЮЧЕВЫЕ И УНИВЕРСАЛЬНЫЕ БИООКИСЛИТЕЛИ ГАЗООБРАЗНЫХ АЛКАНОВ C₂–C₄

© 2025 г. И. Б. Ившина^{a, b, *}, М. С. Куюкина^{a, b}, А. В. Криворучко^{a, b}, Е. А. Тюмина^{a, b}

^aИнститут экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН –

филиал Пермского федерального исследовательского центра УрО РАН, Пермь, 614081, Россия

^bПермский государственный национальный исследовательский университет, Пермь, 614990, Россия

*e-mail: ivshina@iegm.ru

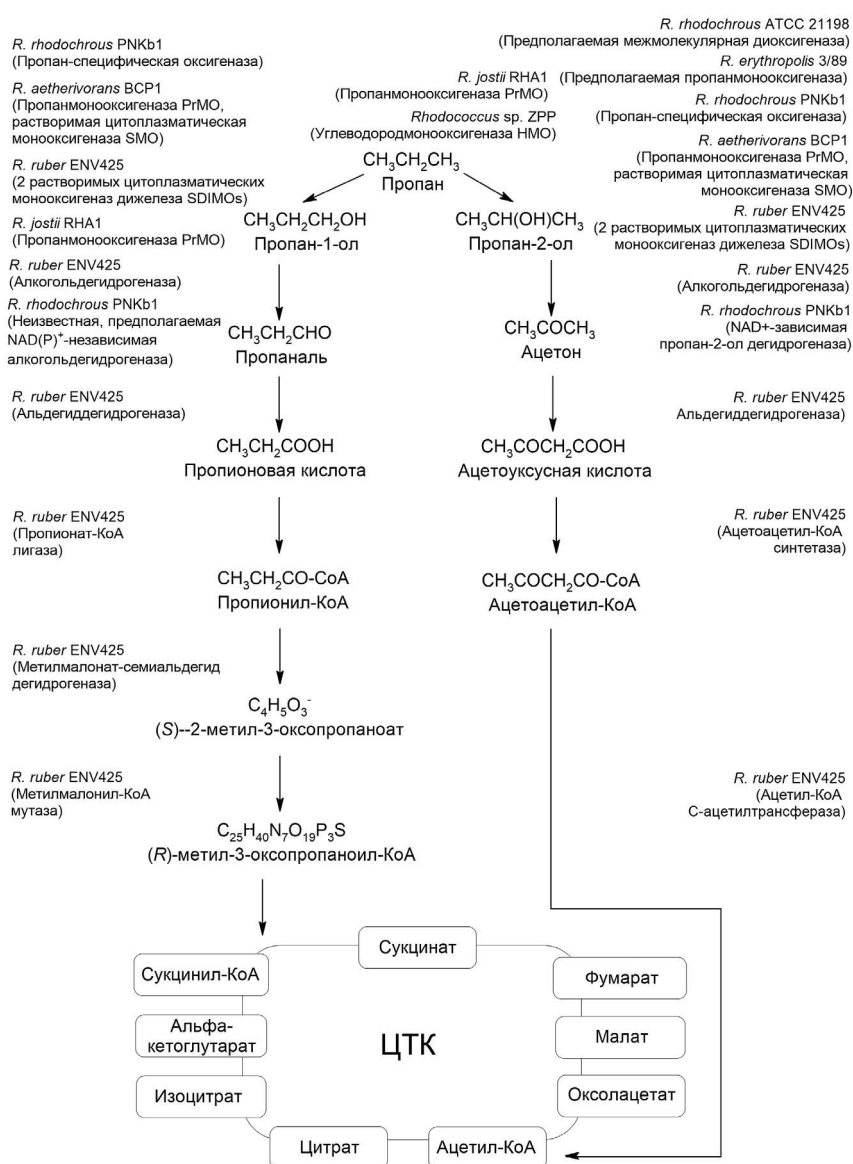


Рис. S1. Пути окисления пропана у родококков. Указаны только штаммы, у которых идентифицированы ферменты, участвующие в определенном этапе метаболизма пропана (Куликова, Безбородов, 2001; Ashraf, Murrell, 1990, 1992; Sharp et al., 2007; Cappelletti et al., 2015; Tupa et al., 2018b; Zou et al., 2021; Ferrari et al., 2024). ЦТК – цикл трикарбоновых кислот.

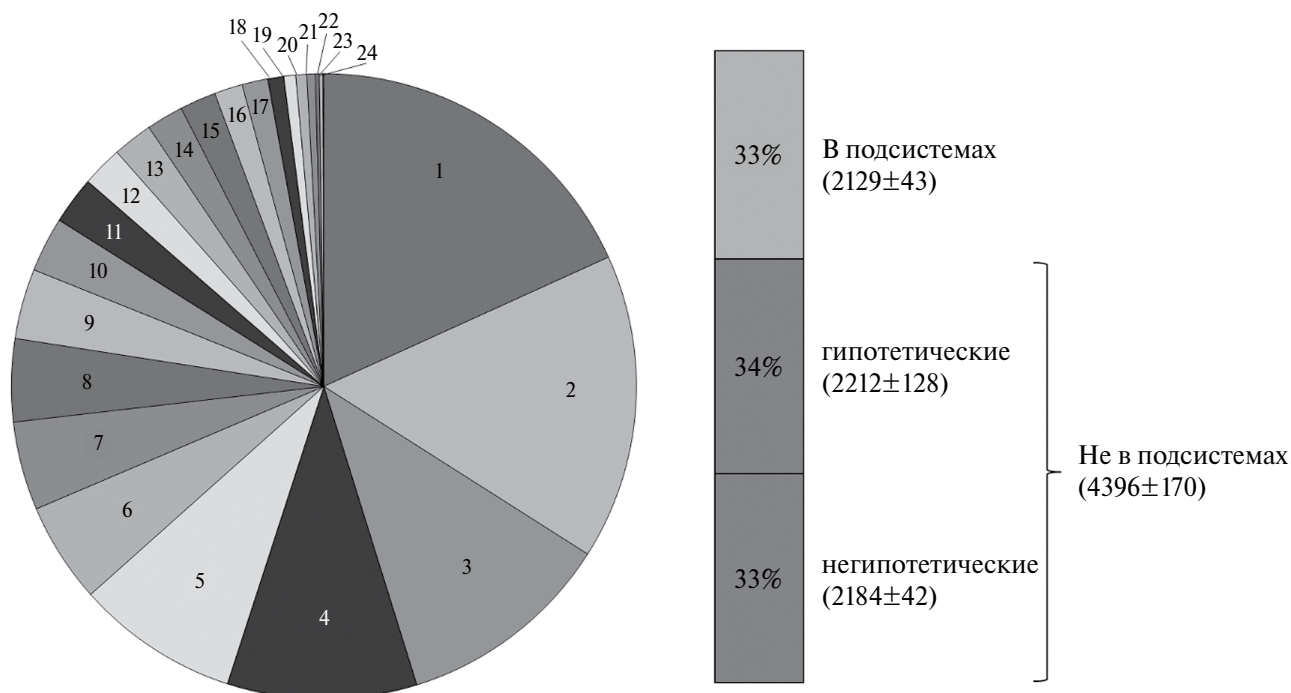


Рис. S2. Распределение генов по подсистемам у представителей *R. ruber*. Подсистемы: 1 – аминокислоты и их производные (388 ± 10); 2 – углеводы (336 ± 8); 3 – жирные кислоты, липиды и изопреноиды (238 ± 6); 4 – кофакторы, витамины, простетические группы, пигменты (209 ± 3); 5 – метаболизм белков (179 ± 8); 6 – дыхание (110 ± 4); 7 – метаболизм ароматических соединений (98 ± 4); 8 – метаболизм ДНК (91 ± 5); 9 – нуклеозиды и нуклеотиды (77 ± 2); 10 – вирулентность, патогенез и защита (60 ± 4); 11 – другое (53 ± 1); 12 – мембранный транспорт (45 ± 1); 13 – ответ на стресс (44 ± 4); 14 – метаболизм РНК (41 ± 2); 15 – клеточная стенка и капсула (40 ± 4); 16 – метаболизм фосфора (31 ± 2); 17 – метаболизм азота (28 ± 1); 18 – регуляция и клеточные сигналы (18 ± 1); 19 – метаболизм серы (13 ± 1); 20 – метаболизм и усвоение железа (12 ± 0); 21 – метаболизм фосфора (9 ± 0); 22 – фаги, профаги, транспозоны, плазмиды (4 ± 4); 23 – вторичный метаболизм (4 ± 0); 24 – дормантность и споруляция (1 ± 0) (в скобках указано количество генов как среднее \pm стандартное отклонение для 11 геномов). Для расчетов использованы геномы следующих штаммов *R. ruber* из Региональной профилированной коллекции алканотрофных микроорганизмов (акроним ИЭГМ, УНУ/ЦКП 73559/480868, WFCC # 285, WDCM # 768, <http://www.iegmc01.ru/>): *R. ruber* ИЭГМ 231 (DDBJ/ENA/GenBank acc. no. CCSD01000001-CCSD01000115), ИЭГМ 333 (DDBJ/ENA/GenBank acc. no. JASHLC010000001-JASHLC010000147), ИЭГМ 346 (DDBJ/ENA/GenBank acc. no. JAJNCM010000001-JAJNCM010000121), ИЭГМ 439 (DDBJ/ENA/GenBank acc. no. JAPWIU010000001-JAPWIU010000135), ИЭГМ 442 (DDBJ/ENA/GenBank acc. no. JAPWIV010000001-JAPWIV010000114), ИЭГМ 476 (DDBJ/ENA/GenBank acc. no. JAPWIW010000001-JAPWIW010000127), ИЭГМ 560 (DDBJ/ENA/GenBank acc. no. JASHLB010000001-JASHLB010000163), ИЭГМ 1121 (DDBJ/ENA/GenBank acc. no. JASHLF010000001-JASHLF010000239), ИЭГМ 1156 (DDBJ/ENA/GenBank acc. no. JASHLE010000001-JASHLE010000075), ИЭГМ 1211 (DDBJ/ENA/GenBank acc. no. JASHLD010000001-JASHLD010000144) и ИЭГМ 1263 (DDBJ/ENA/GenBank acc. no. JAWLJY010000001-JAWLJY010000093). Нуклеотидные последовательности собранных в контиги геномов (draft genomes) загружали из базы данных NCBI, аннотацию генов получали с помощью программы RAST, диаграмму строили в программе SEED Viewer version 2.0 (Aziz et al., 2008; Overbeek et al., 2014; Brettin et al., 2015).