

УДК 579 : 873 : 579.222.2

ХАРАКТЕРИСТИКА БАКТЕРИЙ СЕМЕЙСТВА *MICROCOCSCACEAE*, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ РАЗНЫХ БИОТОПОВ РАЙОНА СОЛЕРАЗРАБОТОК (ПЕРМСКИЙ КРАЙ)

© 2018 О.В. Ястребова¹, Е.С. Корсакова^{1,2}, Е.Г. Плотникова^{1,2}

¹Институт экологии и генетики микроорганизмов Уральского отделения
Российской академии наук – филиал ПФИЦ УрО РАН, г. Пермь

²Пермский государственный национальный исследовательский университет

Статья поступила в редакцию 12.07.2018

Собраны и проанализированы данные о бактериях семейства *Micrococcaceae*, выделенных из района солеразработок Верхнекамского месторождения калийно-магниевых солей (г. Березники, г. Соликамск, Пермский край). Показано, что исследуемые штаммы характеризуются большим видовым разнообразием и близкородственны родам *Arthrobacter* (видам *A. crystallopoietes*, *A. pityocampae*, *A. pascens*), *Glutamicibacter* (*G. nicotiana*, *G. halophytocola*, *G. arilaitensis*) и *Pseudoarthrobacter* (*P. oxydans*). Исследуемые штаммы обладают широкой субстратной специфичностью, способны к деструкции моно(поли)ароматических углеводов, фталатов (*орто*-фталата, дибutilфталата). Данные штаммы являются галотолерантными, растут в полноценной среде в присутствии до 11% NaCl и в минеральной среде на *орто*-фталате/нафталине – в присутствии 6-9% соли. У 5 штаммов выявлены плазмиды большого размера (около 300 – 460 т.п.н.). Бактерии семейства *Micrococcaceae* (родов *Arthrobacter*, *Glutamicibacter*, *Pseudoarthrobacter*), выделенные из района солеразработок, являются перспективными для разработки новых биологических методов очистки загрязненных/засоленных объектов окружающей среды.

Ключевые слова: *Micrococcaceae*, ген 16S рРНК, *орто*-фталевая кислота, дибutilфталат.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ и Министерства науки и образования Пермского края в рамках научного проекта № 16-44-590968 p_a.

ВВЕДЕНИЕ

Одними из наиболее распространенных химических веществ, поступающих в окружающую среду в результате промышленной деятельности человека, являются соединения класса фталатов – соли и эфиры *орто*-фталевой кислоты (*орто*-ФК). В значительных количествах данные соединения обнаружены в районах работы предприятий горнодобывающей промышленности, в частности, на территории солеразработок Верхнекамского месторождения калийно-магниевых солей (г. Березники, г. Соликамск,

Пермский край). В связи с использованием фталат-содержащих реагентов в процессе обогащения и переработки калийных руд, высокие концентрации фталатов зафиксированы в отходах калийного производства (галитовых отходах, глинисто-солевых шламах, избыточных рассолах) [1, 2]. Широкое применение в различных отраслях химических промышленности имеют такие производные фталевой кислоты, как диметилфталат (ДМФ) и дибutilфталат (ДБФ), обладающие высокой растворяющей способностью и используемые с целью повышения эластичности и морозостойкости полимеров. Молекулы фталатов химически не связаны с полимерными цепями и поэтому легко выделяются в окружающую среду, попадая в организм человека через пищу, кожу или при вдыхании. Данные соединения признаны потенциально опасными для здоровья человека и животных [3, 17].

Среди микроорганизмов, осуществляющих аэробную деструкцию фталатов, обнаружены бактерии различных филумов, в том числе представители родов *Micrococcus*, *Paenarthrobacter*, *Pseudoarthrobacter*, *Arthrobacter* (семейство *Micrococcaceae*) [13-15, 18]. Организация генов, отвечающих за деградацию фталевой кислоты, была описана у штаммов *Arthrobacter* sp. 68b и *Arthrobacter keyseri* 12B. Для данных штаммов, а

Ястребова Ольга Викторовна, кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии и биотехнологии. E-mail: olyastr@mail.ru

Корсакова Екатерина Сергеевна, кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии и биотехнологии; доцент кафедры ботаники и генетики растений. E-mail: korsakovaekaterina08@gmail.com

Плотникова Елена Генриховна, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии и биотехнологии; профессор кафедры ботаники и генетики растений. E-mail: peg_el@mail.ru

также штамма *Arthrobacter* sp. WY, описан метаболический путь деструкции орто-ФК через образование протокатеховой кислоты до основных продуктов жизнедеятельности клетки [12, 14, 19]. Однако к настоящему времени недостаточно изученной остается способность артробактерий к деструкции ксенобиотиков, в том числе фталатов в условиях повышенного засоления среды.

Цель настоящей работы – характеристика бактерий семейства *Micrococcaceae*, выделенных из района промышленных разработок Верхнекамского месторождения солей (Пермский край), способных к деструкции фталатов.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Объекты исследования. Из рабочей коллекции микроорганизмов Лаборатории молекулярной микробиологии и биотехнологии «Института экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН» отобрано 14 штамм бактерий, идентифицированных ранее как представители рода *Arthrobacter*. Исследуемые штаммы были выделены из образцов техногенно-минеральных образований, грунта и донных отложений (таблица 1), загрязненных отходами химических и соледобывающего производств (г. Березники, г. Соликамск, Пермский край).

Среды и условия культивирования. Для роста бактерий использовали минеральную среду Раймонда (MCP) следующего состава (г/л): NH_4NO_3 – 2,0; $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ – 2,0; KH_2PO_4 – 2,0; Na_2HPO_4 – 3,0; $\text{CaCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$ – 0,01; Na_2CO_3 – 0,1; дополненную 1% раствором $\text{MnSO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$ – 2 мл/л и 1% раствором $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ – 1 мл/л [10], с добавлением хлорида натрия (0 – 11%). В качестве субстратов использовали орто-ФК, ДБФ, нафталин, гентизат, салицилат, фенантрен, бифенил и бензойную кислоту в концентрации 1 г/л. Для приготовления богатой среды Раймонда (BCP) в MCP добавляли 5 г/л триптона и 2,5 г/л дрожжевого экстракта в качестве ростовых субстратов. Культивирование микроорганизмов в жидких средах проводили при 28°C на термостатируемой качалке при 100 об/мин.

Для получения агаризованных сред агар («Helicon», Россия) добавляли до конечной концентрации 15 г/л. Культивирование микроорганизмов осуществляли в термостате при 28°C.

Наличие плазмидной ДНК выявляли методом пульс-электрофореза с использованием прибора CHEF DR II («Bio-Rad Laboratories», США). Бактерии выращивали в 10 мл BCP без внесения NaCl, или в 10 мл MCP, содержащей 10 мг/мл NaCl и один из углеводов (орто-ФК (1 г/л), до $\text{OP}_{600}=1,0$). Клетки осаждали центрифугированием (9000 об/мин, 3 мин) и отмывали дважды в TE-буфере (10мМ трис/HCl, pH 7,6;

1 мМ ЭДТА, pH 8,0). Агарозные блоки готовили согласно рекомендациям производителя («Bio-Rad Laboratories», США). Блоки обрабатывали лизоцимом (1 мг/мл) при 37°C в течение 5-16 ч, протеиназой К (1 мг/мл) – при 50°C в течение 12-18 ч, нуклеазой S1 (5 ед. на агарозный блок) – при 37°C, 3,5 ч. Электрофорез образцов осуществляли в 1%-ном агарозном геле (Pulsed Field Certified Agarose, «Bio-Rad Laboratories», США) в 0,5 TBE-буфере при 14°C, 6 В/см, время пульсации от 60 с до 120 с в течение 24 ч. Гель окрашивали бромистым этидием (0,5 мг/л, 10 мин) и фотографировали в ультрафиолете с использованием системы гель-документации («Bio-Rad Laboratories», США). Размер внехромосомальной ДНК оценивали в сравнении с электрофоретической подвижностью маркера молекулярных масс «DNA Size Markers – Yeast Chromosomal» («Bio-Rad Laboratories», США).

Филогенетический анализ полученных нуклеотидных последовательностей 16S рДНК проводили с использованием программ CLUSTAL W (<http://www.ebi.ac.uk/clustalw>), Sequence Scanner v 2.0. Поиск гомологичных последовательностей осуществляли при использовании баз данных GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) и EzTaxon (<http://www.eztaxon.org>). Построение филогенетического дерева проводили с помощью программы MEGA7 с использованием метода «neighbor joining» [16].

РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Штаммы бактерий, отобранные для исследований, ранее были идентифицированы как представители рода *Arthrobacter* (сем. *Micrococcaceae*) [4, 6, 8]. В 2016 году виды рода *Arthrobacter* были реклассифицированы в отдельные 6 родов семейства *Micrococcaceae* [12]. В таблице 1 приведены новые названия исследуемых штаммов, представленные тремя родами *Arthrobacter*, *Glutamicibacter* и *Pseudoarthrobacter* семейства *Micrococcaceae*.

На дендрограмме (рис. 1), показывающей филогенетические отношения исследуемых бактерий, четко видно, что штаммы разделяются на четыре кластера, имеющих отдельные ветви. Штаммы SMB11, SMB145, DF14, SF27 и B905 группируются с типовым штаммом вида *A. crystallopoietes*, штамм M56-102 – с типовым штаммом вида *A. pityocampae*. Остальные штаммы, объединенные в два отдельно расположенных кластера, составляют группы, филогенетически близкие к штаммам родов *Glutamicibacter* и *Pseudoarthrobacter*.

Исследуемые бактерии были выделены из загрязненных почв, шламов и донных отложений, характеризующихся высоким содержанием хлорида натрия и наличием органических пол-

Таблица 1. Результаты филогенетического анализа (ген 16S рРНК) бактерий

Источник выделения	Штамм	Типовой штамм ближайшего родственного вида и номер в базе данных GenBank	Сходство генов 16S рРНК, %	Ссылка
Почва, глубина 5-10 см, на расстоянии 500 м от солеотвала БКПРУ-1	SMB11 (ВКМ Ac-2552)	<i>Arthrobacter crystallopoietes</i> DSM 20117 ^T (X80738)	99,7	[6]
	SMB145 (ВКМ Ac-2551)	<i>Arthrobacter crystallopoietes</i> DSM 20117 ^T (X80738)	99,7	
	SF27 (ВКМ Ac-2063)	<i>Arthrobacter crystallopoietes</i> DSM 20117 ^T (X80738)	99,85	
Донные отложения, р. Зырянка, вблизи солеотвала БКПРУ-1	DF14 (ВКМ Ac-2064)	<i>Arthrobacter crystallopoietes</i> DSM 20117 ^T (X80738)	99,89	
Почва/грунт на расстоянии 3 м от солеотвала БКПРУ-1	B905 (ВКМ Ac-2550)	<i>Arthrobacter crystallopoietes</i> DSM 20117 ^T (X80738)	99,7	
Донные отложения промышленных стоков, «Промканал»	PD13	<i>Arthrobacter pascens</i> DSM20545 ^T (X80740)	99,65	[5]
Ризосферная почва мятлика лугового (<i>Poa pratensis</i>), у солеотвала СКПРУ-1	M56-102	<i>Arthrobacter pityocampae</i> Trp2 ^T (EU855749)	99	[4]
Почва, на расстоянии 5 м от солеотвала БКПРУ-1	SN17 (ВКМ Ac-2065)	<i>Glutamicibacter arilaitensis</i> Re117 ^T (NR_074608)	100	[6]
Ризосферная почва бескильницы расставленной (<i>Puccinellia distans</i>), 4 м от рассолосборника, солеотвал СКПРУ-2	BR3-22(1)	<i>Glutamicibacter halophytocola</i> KLBMP ^T (JX993762)	99	[9]
ТМО2, шламохранилище, глубина 0,2 м, БКПРУ-2	BO25	<i>Glutamicibacter nicotianae</i> DSM 20123 ^T (NR_026190)	99,1	[8]
Ризосферная почва бескильницы расставленной (<i>Puccinellia distans</i>), 4 м от рассолосборника, солеотвал СКПРУ-2	BR4- 2	<i>Glutamicibacter nicotianae</i> DSM 20123 ^T (NR_026190)	99	[9]
ТМО, шламохранилище, глубина 0,5 м, БКПРУ-2	BO19	<i>Pseudoarthrobacter oxydans</i> DSM 20119 ^T (X83408)	100	[8]
ТМО2, шламохранилище, глубина 0,4 м, БКПРУ-2	BO34-1	<i>Pseudoarthrobacter oxydans</i> DSM 20119 ^T (X83408)	100	[8]

Примечание: БКПРУ-1 - Березниковское калийное промышленное рудоуправление №1; СКПРУ-2 – Соликамское калийное промышленное рудоуправление №2; ТМО - техногенно-минеральное образование

лютантов, в частности фталатов [1]. Установлено, что штаммы обладали широкой субстратной специфичностью и были способны к росту на моно- и поли ароматических углеводородах (нафталин, гентизат, салицилат, фенантрен, бифенил и бензойная кислота) при культивировании в присутствии 3% NaCl.

Все штаммы использовали *орто*-ФК, а восемь штаммов - ДБФ в качестве единственного источника углерода и энергии (табл. 2). Кроме того, штаммы способны к росту на протокатеховой кислоте (ПКК) – основном метаболите разложения *орто*-ФК. На основании полученных результатов можно предположить, что утилизация ДБФ

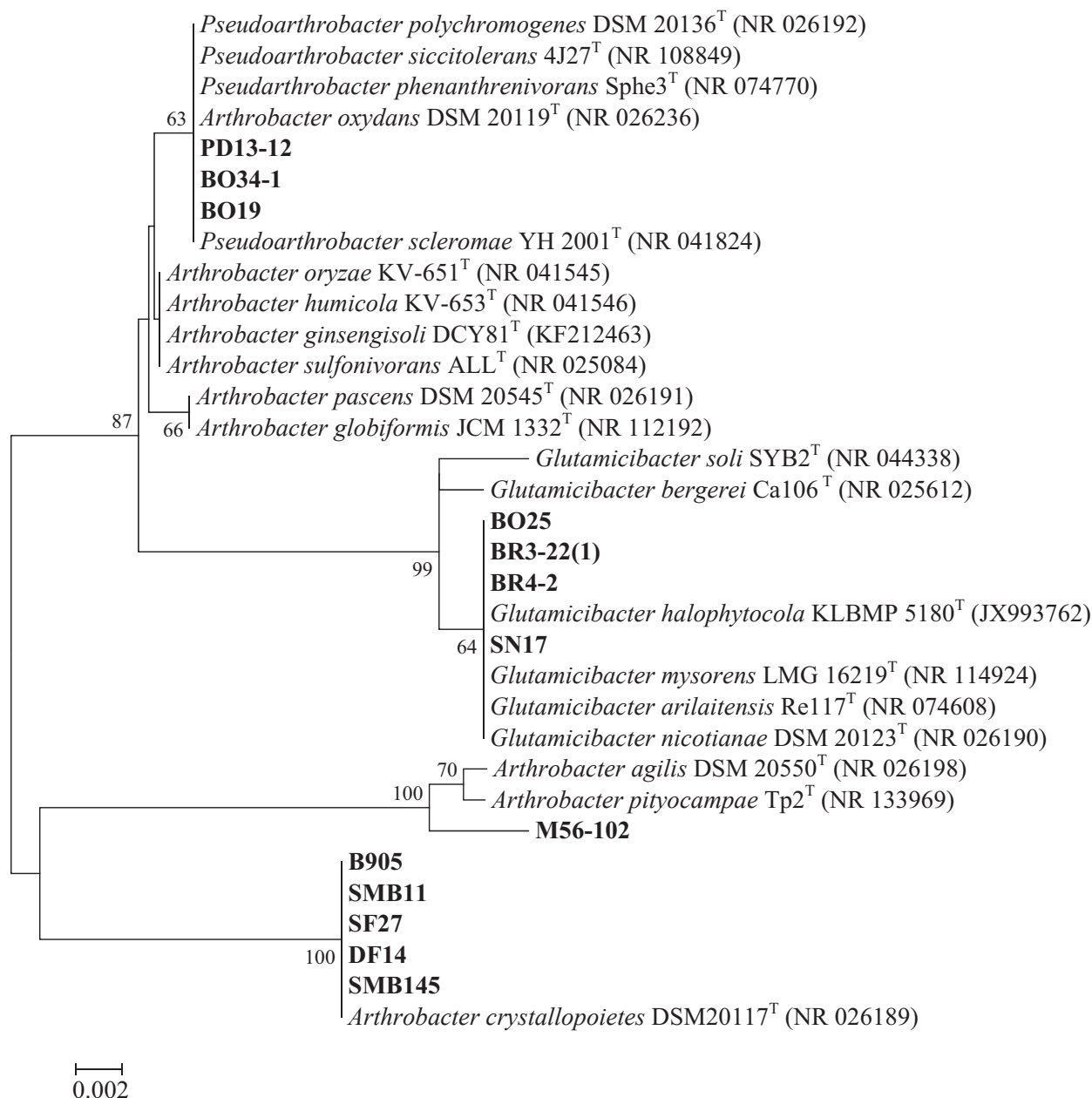


Рис. 1. Дендрограмма сходства нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК, показывающее филогенетические отношения между исследуемыми штаммами и типовыми штаммами родов *Arthrobacter*, *Glutamicibacter* и *Pseudoarthrobacter* (семейство *Micrococcaceae*).

В скобках указаны номера в GenBank

исследуемыми штаммами осуществляется через стадии образования *орто*-ФК и ПКК до основных продуктов жизнедеятельности микробной клетки, как показано на примере ранее описанных бактерий-деструкторов фталатов [17, 19].

Исследуемые бактерии способны к росту как в среде без добавления NaCl, так и при повышенном засолении среды (табл. 3). Все штаммы росли на полноценной среде при содержании 9% NaCl, а большинство штаммов – при 11% NaCl. На минеральной среде с *орто*-ФК и/или нафталином в качестве субстратов все штаммы росли при концентрации 6% NaCl в среде культивирования. Три штамма (табл. 3) были способны к росту на ароматических субстратах при

9% NaCl. Согласно полученным данным исследуемые штаммы относятся к умеренно галотолерантным микроорганизмам по классификации Д. Кашнера [7].

В результате исследования на наличие экстрахромосомной ДНК в клетках пяти штаммов, выращенных на МСР с *орто*-ФК в качестве субстрата, обнаружены плазмиды большого размера. У штаммов SF27 и SMB11 выявлены плазмиды размером ~340 т.п.н., у штаммов DF14, BO34-1 и BR4-2 – плазмиды молекулярной массой ~460, ~300 и ~325 т.п.н., соответственно. В литературе описана плазмидная локализация генов деструкции *орто*-ФК для штамма *Arthrobacter keyseri* 12B [14].

Таблица 2. Рост бактерий на различных ароматических субстратах

Штамм	Субстрат								
	орто-ФК	ДФФ*	ПКК**	Генти-зат	Фенан-трен	Бифе-нил	Сали-цилат	Бензоат	Нафта-лин
SF27	++	++	++	±	++	–	+	–	+
DF14	+	+	++	+	++	–	±	+	+
B905	±	±	++	–	±	–	–	–	+
SMB11	±	+	++	+	±	–	+	+	+
SMB145	±	+	++	+	–	–	+	+	+
PD13	++	++	++	–	–	+	±	±	±
SN17	++	+	++	±	–	±	±	±	+
BO25	+	±	++	–	–	+	+	+	±
BR3-22(1)	±	±	++	–	–	–	–	±	–
BR4-2	+	+	++	–	–	–	–	–	–
BO34-1	++	++	++	+	–	+	+	+	±
BO19	++	+	++	+	–	+	+	++	+
M56-102	+	+	+	–	–	+	±	+	±

Примечание: «++» – хороший рост (значение OD₆₀₀ = 0,5 о.е. и выше); «+» – наличие роста (OD₆₀₀ = 0,35 – 0,5 о.е.); «±» – слабый рост (OD₆₀₀ = 0,2 – 0,35 о.е.); «–» – отсутствие роста, * – дибutilфталат; ** – протокатеховая кислота

Таблица 3. Рост бактерий в присутствии разных концентраций хлорида натрия

Штамм	Концентрация NaCl (%)							
	Богатая среда (БСР)				Минеральная среда (МСР) с орто-ФК/нафталином			
	0	6	9	11	0	6	9	
SF27	++	++	+	+	++	+	–	
DF14	++	++	++	+	+	+	–	
B905	++	+	±	–	+	±	±	
SMB11	++	++	±	±	++	+	–	
SMB145	++	++	+	±	++	++	±	
PD13	++	++	+	+	++	+	–	
SN17	++	++	+	±	++	+	–	
BO25	++	++	++	+	+	+	±	
BR3-22(1)	++	++	±	–	±	±	–	
BR4-2	++	++	++	–	+	+	–	
BO34-1	++	+	–	–	++	+	–	
BO19	++	+	±	–	++	+	–	
M56-102	++	+	±	–	+	+	–	

Примечание: «++» – хороший рост, колонии размером более 3 мм; «+» – наличие роста, колонии размером 1–2 мм; «±» – слабый рост, колонии размером менее 1 мм; «–» – отсутствие роста

ВЫВОДЫ

Таким образом, показано, что штаммы семейства *Micrococcaceae*, выделенные из района солеразработок (Пермский край), характеризуются большим видовым разнообразием. Бактерии идентифицированы как представители трех родов *Arthrobacter*, *Glutamicibacter* и *Pseudoarthrobacter*, близкородственны видам *A. crystallopoietes*, *A. pityocampae* и *A. pascens* (род *Arthrobacter*), *G. nicotianae*, *G. halophytocola*, *G. arilaitensis* (род *Glutamicibacter*)

и *Pseudoarthrobacter oxydans*. Штаммы являются галотолерантными организмами и способны утилизировать различные ароматические углеводороды, в частности, фталаты и нафталин при повышенном засолении среды (6 – 9 % NaCl). Из исследованных штаммов семейства *Micrococcaceae* наиболее широкой субстратной специфичностью характеризуются штаммы рода *Arthrobacter* (филогенетически наиболее близкие к виду *A. crystallopoietes*), способные к росту на орто-ФК, ДБФ, нафталине и фенантрене. В результате проведенного исследования

штаммов-деструкторов моно(поли)ароматических соединений, фталатов, выявлены бактерии, перспективные для разработки новых биотехнологий, направленных на детоксикацию территорий, загрязненных данными токсичными поллютантами, в том числе в условиях засоления.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Бачурин Б.А., Одинцова Т.А. Стойкие органические загрязнители в отходах горного производства // Современные экологические проблемы Севера. Апатиты: Изд-во Кольского НЦ РАН. 2006. Ч. 2. С. 7-9.
2. Бачурин Б.А., Одинцова Т.А., Первова Е.С. Эколого-геохимическая характеристика флотореагентов // Материалы II-ой Всероссийской научной виртуальной онлайн-конференции «Химическая наука: современные достижения и историческая перспектива». 2014. С. 17–22.
3. Барштейн Р.С., Кирилович В.И., Носовский Ю.Е. Пластификаторы для полимеров // Москва. «Химия». 1982. 197 с.
4. Гагарских О.Н., Корсакова Е.С. Галотолерантные бактерии рода *Arthrobacter*, выделенные из загрязненных почв и отходов соледобывающих предприятий Пермского края // Материалы VII Всероссийского Конгресса молодых биологов «Симбиоз-Россия 2014». С. 105-107.
5. Гагарских О.Н., Ястребова О.В. Характеристика галотолерантного штамма-деструктора фталатов *Arthrobacter* sp. PD13-12 // Материалы X Всероссийского конгресса молодых ученых-биологов «Симбиоз-Россия-2017», Казань, 2017. С 75-76.
6. Галотолерантные бактерии рода *Arthrobacter* – деструкторы полициклических ароматических углеводов / Е.Г. Плотникова, О.В. Ястребова, Л.Н. Ананьина, Л.В. Дорофеева, В.Я. Лысанская, В.А. Демаков // Экология. 2011. № 6. С. 459-466.
7. Кашнер Д. Жизнь микробов в экстремальных условиях. М.: Мир, 1981. 365 с.
8. Корсакова Е.С., Пьянкова А.А., Плотникова Е.Г. Бактерии-деструкторы стойких органических загрязнителей – эфиров фталевой кислоты, как основа для создания новых экобиотехнологий // Известия Самарского научного центра Российской академии наук. 2013. Т. 15. № 3 (5). С. 1633-1636.
9. Корсакова Е.С., Пьянкова А.А., Гагарских О.Н., Назаров А.В. Ризосферные бактерии, ассоциированные с растениями бескильницы расставленной (*Puccinellia distans* (Jacq.) Parl.), произрастающими на территории солеразработок. // Бюллетень Оренбургского научного центра УрО РАН. 2014. №3. С. 1-5.
10. Розанова Е.П., Назина Т.Н. Углеводородоокисляющие бактерии и их активность в нефтяных пластах // Микробиология 1982. 51. С. 324–348.
11. Busse H.J. Review of the taxonomy of the genus *Arthrobacter*, emendation of the genus *Arthrobacter sensu lato*, proposal to reclassify selected species of the genus *Arthrobacter* in the novel genera *Glutamicibacter gen. nov.*, *Paeniglutamicibacter gen. nov.*, *Pseudoglutamicibacter gen. nov.*, *Paenarthrobacter gen. nov.* and *Pseudarthrobacter gen. nov.*, and emended description of *Arthrobacter roseus* // International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. 2016. V.66. P. 9–37.
12. Chatterjee S., Dutta T.K. Complete degradation of butyl benzyl phthalate by a defined bacterial consortium: role of individual isolates in the assimilation pathway // Chemosphere. 2008. V. 70 (5). P. 933-941.
13. Comparative proteomic analysis of *Arthrobacter phenanthrenivorans* Sphe3 on phenanthrene, phthalate and glucose / E. Vandera, M. Samiotaki, M. Parapouli, G. Panayotou, A.I. Koukkou // J. Proteomics. 2015. V. 113. P. 73-89.
14. Eaton R.W. Plasmid-encoded phthalate catabolic pathway in *Arthrobacter keyseri* 12B // J. Bacteriol. 2001. V. 183. № 12. P. 3689–3703.
15. Hu J., Yang Q., Wang J.L. Biodegradation of di-n-butyl phthalate in sequencing batch reactor bioaugmented with *Micrococcus* sp. and the bacterial community analysis // Int. J. Environ. Sci. Technol. 2015. V. 12. P. 2819–2828.
16. Kumar S. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets // Molecular Biology and Evolution 2016 V. 33. P. 1870-1874.
17. Liang D.W., Zhang T., Fang H.P. Phthalates biodegradation in the environment // Appl. Microbiol. Biotechnol. 2008. V. 80. P. 183–198.
18. Lignolytic-consortium omics analyses reveal novel genomes and pathways involved in lignin modification and valorization / E.C. Moraes, T.M. Alvarez, G.F. Persinoti, G. Tomazetto, L.B. Brenelli, D.A.A. Paixão, G.C. Ematsu, J.A. Aricetti, C. Caldana, N. Dixon, T.D.H. Bugg, F.M. Squina // Biotechnol. Biofuels 2018. 11:75 <https://doi.org/10.1186/s13068-018-1073-4> (дата обращения 28.06.18).
19. Stanislauskienė R., Rudenkov M., Karvelis L. Analysis of phthalate degradation operon from *Arthrobacter* sp. 68b // Biologija. 2011. V. 57. № 3. P. 45–54.

**CHARACTERISTICS OF BACTERIA OF MICROCOCCACEAE FAMILY, ISOLATED
FROM DIFFERENT BIOTOPES OF SALT MINING AREA
(PERM REGION)**

© 2018 O.V. Yastrebova¹, E.S. Korsakova^{1,2}, E.G. Plotnikova^{1,2}

¹Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms, Ural Branch,
Russian Academy of Sciences, Perm, Russia

²Perm State University, Perm, Russia

The data of the conducted studies of *Micrococcaceae* family bacteria isolated from the salt mining region of Verkhnekamskoe potash deposit (Berezniki, Solikamsk, Perm krai) were collected and analyzed. It was shown that the studied strains are characterized by a large species diversity and are closely related to the genus *Arthrobacter* (species *A. srystallopoietes*, *A. pityocampae*, *A. pascens*), *Glutamicibacter* (*G. nicotianae*, *G. halophytocola*, *G. arilaitensis*) and *Pseudoarthrobacter* (*P. oxydans*). Strains of the family *Micrococcaceae* have broad substrate specificity and are capable of destroying a number of mono- and polyaromatic hydrocarbons, including *ortho*-phthalate and dibutyl phthalate. These strains were halotolerant, grew in the enriched medium in the presence of up to 11% NaCl and in the mineral medium on *ortho*-phthalate / naphthalene - in the presence of 6-9% salt. Large plasmids ranging in size from 300 to 460 kb were detected in the cells of 5 strains. Bacteria of the family *Micrococcaceae* (genera *Arthrobacter*, *Glutamicibacter*, *Pseudoarthrobacter*), isolated from the saline area, are promising for the development of new biological methods for cleaning contaminated/ saline environment.

Olga Yastrebova, Candidate of Biology, Researcher
of Laboratory of Molecular Microbiology and
Biotechnology. E-mail: olyastr@mail.ru

Ekaterina Korsakova, Candidate of Biology, Researcher of
Laboratory of Molecular Microbiology and Biotechnology.
E-mail: korsakovaekaterina08@gmail.com

Elena Plotnikova, Doctor of Biology, Leading
Researcher of Laboratory of Molecular Microbiology
and Biotechnology. E-mail: peg_el@mail.ru