

yvgS) and protein (vector containing the promoter of the gene *yheI*). The possibility of application of bacteria *B. subtilis* BD194E, containing vector with promoter of the gene *ypuA* to search for bacteria that produce antibiotics, breaking the cell wall synthesis, was demonstrated.

Поступила 30.04.2015 г.

УДК 579.8.06

А. В. СИДОРЕНКО<sup>1</sup>, М. И. ЧЕРНЯВСКАЯ<sup>1</sup>,  
Е. М. ГЛУШЕНЬ<sup>1</sup>, А. С. САМСОНОВА<sup>1</sup>, М. А. ТИТОК<sup>1</sup>,  
Г. И. НОВИК<sup>1</sup>, С. П. СИНЕОКИЙ<sup>2</sup>

## БИОДЕГРАДАТИВНЫЙ ПОТЕНЦИАЛ И ВИДОВОЙ СОСТАВ БАКТЕРИЙ ИЗ ФОНДА СПЕЦИАЛИЗИРОВАННОЙ КОЛЛЕКЦИИ МИКРООРГАНИЗМОВ – ДЕСТРУКТОРОВ КСЕНОБИОТИКОВ

<sup>1</sup>Институт микробиологии НАН Беларуси, Минск, Беларусь,  
[a\\_sidarenka@mbio.bas-net.by](mailto:a_sidarenka@mbio.bas-net.by), [collection@mbio.bas-net.by](mailto:collection@mbio.bas-net.by)

<sup>2</sup>Государственный научно-исследовательский институт генетики  
и селекции промышленных микроорганизмов, Москва, Россия

Исследованы биодеградативный потенциал и таксономическое разнообразие бактерий из фонда специализированной коллекции микроорганизмов – деструкторов ксенобиотиков. Показано, что исследуемые микроорганизмы осуществляют деградацию широкого спектра соединений различной химической структуры (углеводороды, в том числе нефть и нефтепродукты, амины, аммонийный азот, эфиры фталевой кислоты, карбоновые кислоты, жирные вещества), являющихся основными загрязнителями природных и техногенных сред, и имеют значительный потенциал для разработки эффективных технологий биоремедиации. Установлено, что коллекционные штаммы микроорганизмов-деструкторов являются представителями 13 родов, относящихся к 4 классам – *Actinobacteria* (pp. *Arthrobacter*, *Brevibacterium*, *Dietzia*, *Rhodococcus*, *Microbacterium*, *Nocardioideis*), *Bacilli* (pp. *Bacillus*, *Planococcus*), *Proteobacteria* (pp. *Acinetobacter*, *Enterobacter*, *Methylobacterium*, *Pseudomonas*), *Deinococci* (род *Deinococcus*). На основании данных анализа нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК подтверждена видовая принадлежность 38 коллекционных штаммов микроорганизмов-деструкторов ксенобиотиков, ранее идентифицированных на основании фенотипических признаков, 7 штаммов – отнесены к другим родам.

**Введение.** Развитие промышленности и транспорта, интенсификация сельского хозяйства, бесконтрольное природопользование сопровождаются загрязнением окружающей среды, накоплением в биосфере устойчивых загрязнителей антропогенного происхождения в масштабах, превышающих природную самоочищающую способность, необратимыми нарушениями баланса естественных биосферных процессов. Большинство ксенобиотиков обладает значительной стабильностью, и для их полного разложения в естественных условиях требуются столетия. Данные соединения чрезвычайно токсичны, проявляют мутагенную, канцерогенную, тератогенную активность, способны аккумулироваться живыми организмами. Поэтому в современных условиях для мирового сообщества все более актуальной и острой становится проблема охраны окружающей среды и утилизации экологически опасных поллютантов [1–5].

Наиболее перспективными способами очистки окружающей среды от ксенобиотиков признаны биологические, представляющие собой комплекс методов очистки вод, почвы и атмосферы с использованием метаболического потенциала биологических объектов, в первую очередь микроорганизмов. Преимущества микробных технологий ремедиации заключаются в их экологической безопасности, высокой эффективности в сопоставлении с физико-химическими методами, экономичности, простоте использования. Перечисленные достоинства делают идею практического применения специально подобранных микроорганизмов – деструкторов ксенобиотиков в процессах очистки техногенно загрязненных природных и производственных сред крайне привлекательной. В связи с этим проводятся обширные исследования по выделению и созданию специальных коллекций таких микроорганизмов [4–7].

Создание специализированных коллекций микроорганизмов – деструкторов ксенобиотиков, способных к деградации токсических соединений различной химической структуры, имеет большое практическое значение для обеспечения экологической безопасности экономически развитых стран и разработки новых высокоэффективных природоохранных технологий. Коллекционный

фонд микроорганизмов-деструкторов, включающий идентифицированные и охарактеризованные штаммы, – удобный объект для целенаправленного поиска культур, способных утилизировать ксенобиотики определенной химической структуры; создания и изучения штаммов с заданным биодеградативным потенциалом; разработки и производства новых микробных препаратов для защиты окружающей среды.

**Цель исследования** – изучение биодеградативного потенциала и таксономического разнообразия бактерий из фонда специализированной коллекции микроорганизмов – деструкторов ксенобиотиков, функционирующей на базе Белорусской коллекции непатогенных микроорганизмов.

**Материалы и методы.** Объектами исследований служили коллекционные штаммы микроорганизмов-деструкторов ксенобиотиков. Микроорганизмы выращивали на питательных средах следующего состава: мясопептонный агар (МПА) (г/л: пептон – 5,0; мясной экстракт – 1,5; дрожжевой экстракт – 1,5; NaCl – 5,0; агар – 20,0; pH 7,0 ± 0,2), пептонно-дрожжевой агар (ПДА) (г/л: пептон – 10,0; дрожжевой экстракт – 5,0; NaCl – 5,0; агар – 20,0; pH 7,0 ± 0,2), минеральная среда E8 (г/л: NaCl – 0,5; MgSO<sub>4</sub>·7H<sub>2</sub>O – 0,8; KН<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> – 0,7; (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> – 1,5; агар – 20,0; pH 7,0 ± 0,2), минеральная среда M9 [8]. Культивирование проводили при 28 °С в течение 24–72 ч.

Морфологические, культуральные и физиолого-биохимические признаки микроорганизмов изучали общепринятыми методами [9].

Способность утилизировать нефть, нефтепродукты, отдельные углеводороды, амины, эфиры фталевой кислоты, жирные вещества определяли по способности микроорганизмов расти на плотной минеральной среде M9 или E8 с добавлением соответствующих соединений в качестве единственного источника углерода.

Для выделения геномной ДНК использовали коммерческий набор Bacteria DNA Preparation Kit («Jena Biosciences») согласно прилагаемой инструкции. До проведения исследований образцы ДНК хранили при –20 °С.

Амплификацию нуклеотидной последовательности гена 16S рРНК проводили методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с универсальными зубактериальными праймерами 8f (5'-agagtttgatcctggctcag-3') и 1492r (5'-gggtacctgttacgactt-3') [10] на автоматическом термоциклере «Mastercycler epgradient S» («Eppendorf»), используя следующий температурно-временной профиль: 94 °С – 5 мин (1 цикл); 94 °С – 20 с, 50 °С – 20 с, 72 °С – 1,5 мин (30 циклов); 72 °С – 3 мин (1 цикл); охлаждение до 4 °С. Реакционная смесь объемом 30 мкл содержала 1 нг ДНК-матрицы, 3 мкл 10× буфера для *Taq*-полимеразы, 3 мкл смеси дНТФ (2 ммоль), по 10 пмоль каждого из праймеров, 2,5 ед. *Taq*-полимеразы. В работе использовали праймеры и реагенты производства «Праймтех» (Республика Беларусь).

Образцы ДНК и продукты ПЦР анализировали методом электрофореза в 1%-ном агарозном геле с использованием 1× трис-ацетатного буфера (ТАЕ) при напряженности электрического поля 5 В/см. В качестве стандарта для определения размера продуктов ПЦР применяли маркер молекулярной массы ДНК GeneRuler DNA Ladder 1Kb Plus («Thermo Scientific»). Анализ продуктов ПЦР и расчет длин фрагментов ДНК осуществляли с помощью системы документирования гелей и программного обеспечения INFINITY («Vilber Lourmat»). Концентрацию ДНК в ПЦР-продуктах измеряли методом флуориметрии, используя буфер, содержащий флуоресцирующий краситель ZuberGreen («Праймтех»), на флуориметре «Qubit» («Life Technologies»). Очистку продуктов ПЦР осуществляли с использованием коммерческого набора MinElute PCR Purification Kit («Qiagen») согласно инструкции производителя.

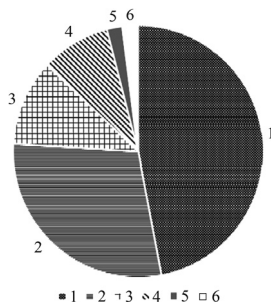
Нуклеотидную последовательность гена 16S рРНК определяли методом секвенирования с использованием набора реагентов DNA Cycle Sequencing Kit («Jena Bioscience») согласно прилагаемой инструкции. Разделение и анализ продуктов секвенирования проводили с помощью анализатора «Li-COR 4300 DNA Analyzer» («Li-COR»). Компьютерную обработку результатов секвенирования, их редактирование и предоставление в формате FASTA осуществляли, используя программу e-Seq™ Software.

Сравнительный анализ секвенированной нуклеотидной последовательности гена 16S рРНК и референтных последовательностей из базы данных GenBank выполняли с помощью программного обеспечения BLAST [11]. Принадлежность исследуемого микроорганизма к определенному виду устанавливали при уровне гомологии его нуклеотидной последовательности с референтными нуклеотидными последовательностями микроорганизмов данного вида 97% и более.

**Результаты и обсуждение.** В 2014 г. на базе Белорусской коллекции непатогенных микроорганизмов инициировано создание специализированной коллекции микроорганизмов-деструкторов ксенобиотиков. В настоящее время коллекционный фонд включает 45 непатогенных культур бактерий, выделенных методом накопительного культивирования из природных и антропогенно загрязненных источников (почва, бытовые и промышленные стоки) из различных регионов Республики Беларусь, Ирака, Ливии, Антарктиды.

Одной из наиболее важных с практической точки зрения характеристик микроорганизмов – деструкторов ксенобиотиков является спектр разлагаемых поллютантов. Изучение биодegradативного потенциала бактериальных культур из фонда специализированной коллекции показало, что 21 штамм (47%) утилизирует широкий спектр индивидуальных углеводов (гексан, нонан, гексадекан, нафталин, фенантрен, антрацен, бифенил, пирен, бензол, этилбензол, хлорбензол, толуол, ксилол) (рис. 1). При этом 18 культур (40%) способны деградировать нефть и нефтепродукты, представляющие собой сложную смесь углеводов различной молекулярной массы. Тринадцать штаммов (29%) являются деструк-

Рис. 1. Распределение бактериальных культур из фонда специализированной коллекции микроорганизмов – деструкторов ксенобиотиков по способности к деградации соединений различной химической структуры: 1 – углеводороды, 2 – амины, 3 – аммонийный азот, 4 – эфиры фталевой кислоты, 5 – карбоновые кислоты, 6 – жирные соединения



торами аминов – высокотоксичных производных аммиака, в молекуле которых один, два или три атома водорода заменены на углеводородные радикалы. Культуры, относящиеся к данной группе, разрушают амины с определенным количеством замещенных атомов водорода: первичные амины (этиламин) (4 штамма), вторичные амины (диэтиламин) (6 штаммов), третичные амины (триэтиламин) (2 штамма), гексаметилендиамин (1 штамм). Пять коллекционных культур (11%) являются деструкторами аммонийного азота, содержание которого в городских сточных водах может достигать 30–60 мг/л, в промышленных сточных водах – превышать 1000 мг/л, что представляет серьезную опасность для здоровья людей и биосферы в целом. Четыре штамма (9%) способны разлагать эфиры фталевой кислоты, 1 штамм (2%) – карбоновые кислоты, 1 штамм (2%) – жировые вещества. Следует отметить, что штамм *Pseudomonas* sp. БИМ В-897 – деструктор жировых соединений – утилизирует в качестве единственного источника углерода и энергии растительные масла и животные жиры различного происхождения.

Полученные результаты свидетельствуют, что исследуемые микроорганизмы способны деградировать широкий спектр соединений различной химической структуры, являющихся основными загрязнителями природных и техногенных сред, и обладают значительным потенциалом для разработки эффективных технологий биоремедиации и защиты окружающей среды.

Из литературы известно, что таксономический состав деградирующих ксенобиотики микроорганизмов чрезвычайно разнообразен. Среди прокариот наибольшей метаболической активностью обладают грамположительные бактерии родов *Arthrobacter*, *Nocardia*, *Rhodococcus*, *Gordonia*, *Bacillus* и грамотрицательные бактерии родов *Pseudomonas*, *Sphingomonas*, *Burkholderia*, *Alcaligenes*, *Acinetobacter*, *Flavobacterium*, метанокисляющие и нитрифицирующие бактерии [1–4].

С использованием классических микробиологических и современных молекулярно-генетических методов изучено таксономическое разнообразие бактериальных культур из фонда специализированной коллекции микроорганизмов – деструкторов ксеноби-

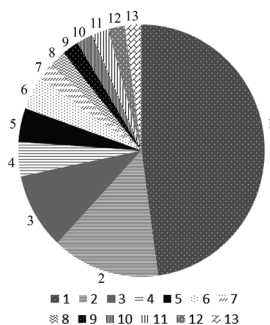
отиков. Установлена их принадлежность к таким таксономическим группам, как актинобактерии (pp. *Arthrobacter*, *Brevibacterium*, *Dietzia*, *Rhodococcus*, *Microbacterium*, *Nocardioides*), грамположительные спорообразующие бактерии (pp. *Bacillus*, *Planococcus*), протеобактерии (pp. *Acinetobacter*, *Enterobacter*, *Methylobacterium*, *Pseudomonas*), деинококки (род *Deinococcus*) (рис. 2).

Большинство исследуемых штаммов, деградирующих токсические соединения, являются представителями родов *Rhodococcus* (44%) и *Pseudomonas* (13%), что согласуется с данными литературы об их значительном метаболическом и биodeградативном потенциале в отношении широкого спектра поллютантов.

Общая доля представителей рода *Bacillus* в коллекционном фонде составляет 9%, *Arthrobacter* – 4%, *Acinetobacter* – 4%, *Brevibacterium* – 4%, *Enterobacter*, *Nocardioides*, *Dietzia*, *Deinococcus*, *Planococcus*, *Methylobacterium*, *Microbacterium* – по 2%. Среди исследуемых культур обнаружены представители родов *Deinococcus* и *Planococcus*. По данным литературы, бактерии рода *Deinococcus* относятся к группе термофильных микроорганизмов, они чрезвычайно устойчивы к неблагоприятным условиям внешней среды, выдерживают высокие дозы ультрафиолетового и  $\gamma$ -излучения. Бактерии рода *Planococcus* являются психрофильными микроорганизмами, обитающими в почве и холодных морских водах.

Показано, что коллекционные микроорганизмы – деструкторы ксенобиотиков, независимо от их таксономической принадлежности, обладают рядом схожих физиолого-биохимических свойств. Они относятся к группе мезофильных (оптимальная температура роста 28 °С) и нейтрофильных (оптимум pH 7,0 ± 0,2)

Рис. 2. Таксономическая структура специализированной коллекции микроорганизмов – деструкторов ксенобиотиков: 1 – род *Rhodococcus*, 2 – род *Pseudomonas*, 3 – род *Bacillus*, 4 – род *Arthrobacter*, 5 – род *Acinetobacter*, 6 – род *Brevibacterium*, 7 – род *Enterobacter*, 8 – род *Nocardioides*, 9 – род *Dietzia*, 10 – род *Deinococcus*, 11 – род *Planococcus*, 12 – род *Methylobacterium*, 13 – род *Microbacterium*



бактерий с окислительным типом метаболизма, являются строгими аэробами, обладают каталазной активностью, не продуцируют уреаз, амилаз, ДНКаз. Способность к синтезу других ферментов (оксидаз, липаз, протеаз) является индивидуальной характеристикой штаммов.

При сравнении результатов идентификации коллекционных штаммов микроорганизмов – деструкторов ксенобиотиков, основанной на изучении их морфологических, культуральных, физиолого-биохимических признаков и данных анализа нуклеотидной последовательности гена 16S рРНК, подтверждена таксономическая принадлежность 38 штаммов – *A. radioresistens* БИМ В-877, *Acinetobacter* sp. БИМ В-878, *Arthrobacter* sp. БИМ В-861, БИМ В-870, *Bacillus* sp. БИМ В-836, БИМ В-838, БИМ В-917, БИМ В-918, *Enterobacter* sp. БИМ В-839, *Deinococcus* sp. БИМ В-874, *Dietzia* sp. БИМ В-876, *N. simplex* БИМ В-871, *P. maitriensis* БИМ В-837, *P. putida* БИМ В-840, БИМ В-848, БИМ В-850, *Pseudomonas* sp. БИМ В-868, БИМ В-902, БИМ В-914, *R. fascians* БИМ В-872, *R. pyridinivorans* БИМ В-835, БИМ В-847, БИМ В-939, *R. wratislaviensis* БИМ В-846, *R. zopfii* БИМ В-873, *R. equi* БИМ В-900, *R. erythropolis* БИМ В-912, *R. etherivorans* БИМ В-916, *Rhodococcus* sp. БИМ В-860, БИМ В-862, БИМ В-865, БИМ В-866, БИМ В-867, БИМ В-875, БИМ В-894, БИМ В-895, БИМ В-901, БИМ В-915.

Семь штаммов – *Pseudomonas* sp. БИМ В-869, БИМ В-896, БИМ В-897, *Rhodococcus* sp. БИМ В-834, БИМ В-863, БИМ В-864, БИМ В-893 – были отнесены к другим родам (соответственно *Arthrobacter* sp., *Arthrobacter woluwensis*, *Microbacterium phyllosphaerae*, *Arthrobacter agilis*, *Brevibacterium epidermidis*, *Brevibacterium* sp., *Methylobacterium extorquens*).

Определение видовой принадлежности большинства штаммов родов *Rhodococcus*, *Arthrobacter*, *Bacillus* оказалось затруднительным из-за высокой гомологии нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК анализируемых культур с референтными последовательностями нескольких видов соответствующего рода, имеющих в международной базе данных GenBank. Так, 1 из 20 штаммов родококков был отнесен к виду *R. wratislaviensis*,



1 – *R. fascians*, 1 – *R. zopfii*, 1 – *R. equi*, 1 – *R. erythropolis*, 1 – *R. etherivorans*, 3 – *R. pyridinivorans*, остальные 11 штаммов идентифицированы как *Rhodococcus* sp. Артробактеры были отнесены к видам *Arthrobacter agilis* (1 штамм), *Arthrobacter woluwensis* (1 штамм), *Arthrobacter* sp. (2 штамма). Следует отметить, что анализируемые штаммы микроорганизмов характеризовались высокой (97–100%) гомологией нуклеотидной последовательности гена 16S рРНК не с типовыми штаммами соответствующих видов, а с некультивируемыми и культивируемыми бактериями, обнаруженными в природных источниках, загрязненных углеводородами и другими органическими токсикантами.

Полученные результаты подтверждают имеющиеся в литературе сведения о значительном таксономическом разнообразии микроорганизмов – деструкторов ксенобиотиков, разлагающих токсические органические соединения в природных экосистемах, и необходимости применения молекулярно-генетических методов для их видовой идентификации и изучения.

**Заключение.** Исследован биодеградативный потенциал и таксономическое разнообразие бактериальных культур из фонда специализированной коллекции микроорганизмов – деструкторов ксенобиотиков. Показано, что исследуемые микробные культуры могут осуществлять деградацию широкого спектра соединений различной химической структуры (углеводороды, в том числе нефть и нефтепродукты, амины, аммонийный азот, эфиры фталевой кислоты, карбоновые кислоты, жировые вещества) – основных загрязнителей природных и техногенных сред, а также имеют значительный потенциал для разработки эффективных технологий биоремедиации. Установлено, что коллекционные штаммы микроорганизмов-деструкторов являются представителями 13 родов, относящихся к 4 классам – *Actinobacteria* (pp. *Arthrobacter*, *Brevibacterium*, *Dietzia*, *Rhodococcus*, *Microbacterium*, *Nocardioides*), *Bacilli* (pp. *Bacillus*, *Planococcus*), *Proteobacteria* (pp. *Acinetobacter*, *Enterobacter*, *Methylobacterium*, *Pseudomonas*), *Deinococci* (род *Deinococcus*). На основании данных анализа нуклеотидной последовательности гена 16S рРНК подтверждена видовая принадлежность 38 коллекционных штаммов, ранее идентифицированных

на основании фенотипических признаков, 7 штаммов были отнесены к другим родам.

Работа выполнена в рамках задания 1.11 «Создание специализированной коллекции микроорганизмов-деструкторов ксенобиотиков» МЦП ЕврАзЭС (2011–2015 гг.) и при финансовой поддержке Министерства образования и науки Российской Федерации (ГК 14. М04.12.0001).

## Литература

1. Экология микроорганизмов / А. И. Нетрусов [и др.] / под ред. А. И. Нетрусова. – 2-е изд. – М.: Изд-во Юрайт, 2013. – 268 с.
2. Microbial transformation of xenobiotics for environmental bioremediation / S. Sinha [et al.] // Afr. J. Biotechnol. – 2009. – Vol. 8, № 22. – P. 6016–6027.
3. Назина, Т. Н. Биологическое и метаболическое биоразнообразие микроорганизмов нефтяных месторождений / Т. Н. Назина, С. С. Беляев // Труды Ин-та микробиологии им. С. Н. Виноградского / отв. ред. В. Ф. Гальченко. – Вып. 12: Юбилейный сборник к 70-летию института. – М.: Наука, 2004. – 423 с.
4. Корсакова, Е. С. Бактерии-деструкторы стойких органических загрязнителей – эфиров фталевой кислоты как основа для создания новых экобиотехнологий / Е. С. Корсакова, А. А. Пьянкова, Е. Г. Плотнокова // Изв. Самар. науч. центра РАН. – 2013. – Т. 15, № 3. – С. 1633–1636.
5. Тимергазина, И. Ф. К проблеме биологического окисления нефти и нефтепродуктов углеводородокисляющими микроорганизмами / И. Ф. Тимергазина, Л. С. Переходова // Нефтегазовая геология. Теория и практика. – 2012. – Т. 7, № 1. – С. 1–27.
6. Ившина, И. Б. Специализированный центр микробиологических ресурсов на Урале: становление, проблемы, реализация потенциала, оценка перспектив / И. Б. Ившина // Микробное разнообразие: состояние, стратегия сохранения, биологический потенциал: материалы II Междунар. конф., Пермь, 20–25 сент. 2005 г. – Пермь, 2005. – С. 29.
7. Ившина, И. Б. Состояние и проблемы развития специализированных центров микробиологических ресурсов в России / И. Б. Ившина // Микробиология. – 2012. – Т. 81, № 5. – С. 551–560.
8. Миллер, Дж. Эксперименты в молекулярной генетике / Дж. Миллер. – М., 1976. – 436 с.
9. Практикум по микробиологии: учеб. пособие для студ. высш. учеб. заведений / под ред. А. И. Нетрусова. – М.: Академия, 2005. – 608 с.
10. Is the 16S-23S rRNA internal transcribed spacer region a good tool for use in molecular systematics and population genetics? A case study in cyanobacteria / S. L. Boer [et al.] // Mol. Biol. Evol. – 2001. – Vol. 18. – P. 1057–1069.
11. Basic local alignment search tool [Electronic resource]. – 2015. – Mode of access: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast>.

A. V. SIDARENKA<sup>1</sup>, M. I. CHARNIAUSKAYA<sup>1</sup>,  
E. M. GLUSHEN<sup>1</sup>, A. S. SAMSONOVA<sup>1</sup>, M. A. TITOK<sup>1</sup>,  
G. I. NOVIK<sup>1</sup>, S. P. SINEOKIY<sup>2</sup>

**BIODEGRADATION POTENTIAL AND SPECIES DIVERSITY  
OF BACTERIA DEPOSITED AT SPECIALIZED COLLECTION  
OF MICROORGANISMS – DECOMPOSERS OF XENOBIOTICS**

<sup>1</sup>*Institute of Microbiology, National Academy of Sciences of Belarus,  
Minsk, Belarus, a\_sidarenka@mbio.bas-net.by, collection@mbio.bas-net.by*

<sup>2</sup>*State Research Institute of Genetics and Selection of Industrial Microorganisms,  
Moscow, Russia*

Biodegradation potential and taxonomic diversity of bacterial cultures deposited at specialized collection of microorganisms decomposing xenobiotics were evaluated. The ability of analyzed strains to degrade a broad spectrum of various chemical compounds (hydrocarbons, including crude oil and petroleum products, amines, ammonium nitrogen, phthalate ethers, carboxylic acids, lipids), as the main natural and industrial pollutants, and their enhanced potential for development of effective bioremediation technologies were demonstrated. Taxonomic diversity of collection microorganisms – xenobiotic degraders, belonging to 13 genera of 4 classes – *Actinobacteria* (genera *Arthrobacter*, *Brevibacterium*, *Dietzia*, *Rhodococcus*, *Microbacterium*, *Nocardioides*), *Bacilli* (genera *Bacillus*, *Planococcus*), *Proteobacteria* (genera *Acinetobacter*, *Enterobacter*, *Methylobacterium*, *Pseudomonas*), *Deinococci* (genus *Deinococcus*) was established. Based on the data of 16S rRNA gene sequence analysis, species affiliation of 38 collection strains of bacteria – xenobiotic degraders, earlier identified according to pheno-typic characteristics, was confirmed, whereas 7 strains were classified as representatives of other genera and species.

*Поступила 28.04.2015 г.*