Анаэробный и не окрашивающийся по Граму штамм бактерий, обозначенный 9NM-14T, был выделен иззаброшенного свинцово-цинкового ядра из Мэйчжоу, провинция Гуандун, на юге Китая. Штамм 9NM-14T былподвижным с помощью одного полярного жгутика. Филогенетический анализ, основанный на последовательностях генов 16SrRNA, показал, что штамм 9NM-14T был связан с родом Lysobacter и был наиболееблизок к Lysobacterxinjiangensis RCML-52T и Lysobacterbugurensis ZLD-29T(97,4% и 96,3% сходства последовательностей генов 16SrRNA соответственно). Значение родства ДНК–ДНКмежду штаммом 9NM-14T и L. xinjiangensisRCML-52Tбыл30,1±7,6%.Основным дыхательным хиноном был бихинон 8 (Q-8), а основными клеточными жирными кислотамисостояли из изо-C17:1v9c (29,1%), изо-C15:0 (28,9%), изо-C17:0 (9,4%), изо-C16:0 (8,6%),изо-C11:03-OH (6,9%) и изо-C11:0 (5,8%). Основными полярными липидами были фосфатидилэтаноламин, дифосфатидилглицерин, фосфатидилглицерин, неопознанный аминолипид и пять неопознанных фосфолипидов. Содержание геномной ДНК+C штамма 9NM-14T составило70,7±0,1 моль%. На основании данных этого полифазного таксономического исследования штамм 9NM-14Tследует отнести к новому виду рода Lysobacter, для которого предложено название Lysobactermobilissp.nov. Типовой штамм — 9NM-14T 5GIMCC1.659T5CCTCCAB2014273T5DSM27574T).

Трансмиссионный электронный микроскоп (Hitachi, H7650). Тестирование подвижности проводили с использованием бульона R2A с добавлением 0,3% агара. Скользящую подвижность определяли, как описано Bowman (2000). Анаэробный рост наблюдали в анаэробном мешочке (MGC) в течение 7 дней при 30 uC

на агаре R2A. Диапазон pH для роста (pH 4–10, с интервалом pH 1) и толерантность к NaCl (0–6%, вес/объем, с интервалами 0,5% NaCl) тестировали в бульоне R2A в течение 7 дней при 30 uC. Рост при различных температурах (4, 10, 15, 20, 25, 30, 32, 35, 37 и 40 uC) определяли на скошенных агарах R2A в течение 7 дней. Реакция по Граму, активность каталазы, тест с метиловым красным и тест Фогеса-Проскауэра проводились, как описано Тиндаллом и др. (2007). Гидролиз крахмала (1%, вес/объем), CM-целлюлозы (0,1%, вес/объем), казеина (1%, вес/объем), хитина (1%, вес/объем), тирозина (0,5%, вес/объем) и твинов 20, 40 и 80 (1%, вес/объем) были протестированы на агаре R2A. Оксидаза, аргининдигидролаза, b-галактозидаза, уреаза, восстановление нитрата, гидролиз желатина и эскулина, использование цитрата и субстрата, а также продукция индола определялись с использованием API 20NE (bioMe ´rieux) и GN3 MicroPlates (Biolog) при 30 uC в соответствии с инструкциями производителей. Содержание ДНК G+C штамма 9NM-14T было протестировано с помощью ВЭЖХ, как описано Mesbah et al. (1989). ДНК

ДНК эксперименты по гибридизации проводились в трех повторностях с использованием спектрометра Lambda 35 UV/VIS, оснащенного контроллером температурной программы (PerkinElmer), как описано De Ley et al. (1970). Для анализа жирных кислот в цельной клетке штамм 9NM-14T и близкородственные штаммы инкубировали в бульоне R2A при 30 uC в течение 5 дней (стационарная фаза) в тех же условиях. Жирные кислоты определяли в соответствии с протоколом Системы идентификации микроорганизмов Sherlock (MIDI) (Sasser, 1990). Дыхательные хиноны извлекали и анализировали с помощью ВЭЖХ (UltiMate 3000; Dionex) в соответствии с методами, описанными Collins et al. (1977) и Hiraishi et al. (1996). Полярные липиды определяли, как описано Тиндаллом и др. (2007). Последовательность гена 16S рРНК штамма 9NM-14T показала наибольшее сходство с Lysobacter xinjiangensis RCML-52T (97,4 %), за которым следовали Lysobacter bugurensis ZLD-29T (96,3 %) и другие признанные виды рода Lysobacter (92,7-95,4 %). Филогенетическое дерево с соседним присоединением показало, что штамм 9NM-14T попал в род Lysobacter и образовал кластер с L. xinjiangensis RCML-52T и L. bugurensis ZLD-29T (рис. 1). Деревья максимальной экономии и максимального правдоподобия (рис. S1 и S2, доступные в онлайн-дополнительных материалах) также подтвердили, что штамм 9NM14T тесно связан с L. xinjiangensis RCML-52T и L. bugurensis ZLD-29T и принадлежит к роду Lysobacter. Значение родства ДНК–ДНК между штаммом 9NM-14T и L. xinjiangensis RCML-52T было определено как 30,1±7,6%, что значительно ниже порогового значения в 70%, предложенного для различения видов Уэйном и др. (1987). Результаты филогенетического анализа показали, что штамм 9NM-14T представляет собой новый вид рода Lysobacter.

Штамм 9NM-14T был грамоотрицательным, аэробным, палочковидным и подвижным с помощью одного полярного жгутика (рис. 2). Насколько нам известно, большинство представителей рода Lysobacter неподвижны, и это всего лишь третий отчет, после Lysobacter spongiicola KMM 329T (Романенко и др., 2008) и Lysobacter arseniciresistens ZS79T (Луо и др., 2012), о появлении представителя рода Lysobacter, имеющего жгутик. На агаре R2A колонии выглядели желтыми, круглыми, прозрачными и выпуклыми с цельными краями. Характеристики штамма 9NM-14T представлены в таблице 1 и в описании вида. Характеристики штамма 9NM-14T (такие как способность гидролизовать желатин и отсутствие продукции индола, уреазы, подкисления глюкозы и аргинин дигидролазы) согласуются с другими видами, отнесенными к роду Lysobacter (Wang et al., 2009). Однако штамм 9NM-14T можно было четко отличить от близкородственных видов рода Lysobacter и других видов, признанных принадлежащими к роду, благодаря жгутику, условиям роста, оксидазной активности, способности восстанавливать нитрат, гидролизу крахмала и твина 80, а также использованию тирозина и субстрата. Поскольку мы обнаружили, что штамм 9NM-14T и L. bugurensis ZLD29T с трудом росли на одной и той же среде, профиль жирных кислот штамма 9NM-14T сравнивался только в тех же условиях с профилем L. xinjiangensis RCML-52T. Основные клеточные жирные кислоты штамма 9NM-14T (0,5% от общего количества) включали iso-C17:1v9c (29,1%), iso-C15:0 (28,9%), iso-C17:0 (9,4%), iso-C16:0 (8,6%), isoC11:03-OH (6,9%) и iso-C11:0 (5,8%), в то время как жирные кислоты L. xinjiangensis RCML-52T в основном состояли из iso-C16:0 (32,3%), iso-C15:0 (20,8%), iso-C17:1v9c (20,7%) и iso-C17:0 (7,0%) (таблица 2). Основным дыхательным хиноном штамма 9NM-14T был убхинон 8 (Q-8), что соответствовало другим членам рода Lysobacter. Полярные липиды штамма 9NM-14T состояли из фосфатидилэтаноламина, фосфатидилглицерина, дифосфатидилглицерина, неидентифицированного аминолипида и пяти неидентифицированных фосфолипидов (рис. S3). Содержание ДНК G+C штамма 9NM-14T составило 70,7±0,1 мол.%, что отличалось от такового у L. xinjiangensis RCML-52T (69,7 мол.%) и L. bugurensis ZLD-29T (68,2 мол.%) (таблица 2). Таким образом, на основании представленных данных мы предлагаем рассматривать штамм 9NM-14T как новый вид рода Lysobacter, для которого предложено название Lysobacter mobilis sp. nov.

Описание Lysobacter mobilis sp. nov.

Lysobacter mobilis (mo’bi.lis. L. masc. adj. mobilis motile).

Клетки являются грам-отрицательными, аэробными, оксидаза-отрицательными, каталаза-положительными, подвижными посредством одного полярного жгутика и палочковидными (0,4–0,660,8–1,0 мм). После таблицы 2. Содержание жирных кислот в клетках штамма 9NM-14T и родственных видов рода Lysobacter, L. xinjiangensis RCML-52T

Штаммов: 1, 9NM-14T; 2, L. xinjiangensis RCML-52T. Все данные были получены в ходе настоящего исследования в идентичных условиях. Данные по жирным кислотам, которые составляли ,1% от общего количества в обоих штаммах, не показаны. 2, ,1% или не обнаружено.

\*Суммированные признаки представляют собой группы из двух или трех жирных кислот, которые не

могут быть разделены методом ГЖХ с системой MIDI. Суммированный признак 3

содержит C16:1v7c и/или C16:1v6c.

4 дня при 30 uC на агаре R2A, колонии желтые, выпуклые, гладкие, круглые, прозрачные и диаметром 1–2 мм. Рост происходит на агаре R2A, но не на агаре TSA, NA или полукрепком агаре MB. Рост происходит при 15–37 uC (оптимум, 28–30 uC), pH 6,0–8,0 (оптимум, pH 7,0) и 0–0,5% NaCl (вес/объем) (оптимум роста происходит в отсутствие NaCl). Отрицательно для уреазы, b-галактозидазы, аргининдигидролазы и продукции индола. Метиловый красный и тесты Фогеса-Проскауэра отрицательные. Твин 40, тирозин и желатин гидролизуются, а Твины 20 и 80, эскулин, крахмал, хитин и CM-целлюлоза — нет. Восстановление нитрата положительно. Кислота не образуется из глюкозы. Ассимилирует метиловый эфир D-молочной кислоты, L-гистидин, пектин, глюкуронамид, b-гидрокси-DL-масляную кислоту и ацетоуксусную кислоту. Не усваивает следующие соединения: декстрин, мальтоза, трегалоза, целлобиоза, гентиобиоза, сахароза, тураноза, стахиоза, раффиноза, лактоза, мелибиоза, L-арабиноза, метил b-D-глюкозид, D-салицин, N-ацетилглюкозамин, N-ацетил-b-D-маннозамин, N-ацетил-D-галактозамин, N-ацетилнейраминовая кислота, D-глюкоза, D-манноза, D-фруктоза, D-галактоза, 3-метилглюкоза, D-и L-фукоза, L-рамноза, инозин, D-сорбит, D

маннит, D-арабит, мио-инозитол, глицерин, глюконат калия, D-глюкозо-6-фосфат, D-фруктозо-6-фосфат, L-и D-аспарагиновая кислота, D-и L-серин, глицил L-пролин, лаланин, L-аргинин, L-глутаминовая кислота, L-пироглутаминовая кислота, D-галактуроновая кислота, лактон L-галактоновой кислоты, D-глюконовая кислота, D-глюкуроновая кислота, слизевая кислота, хинная кислота, D-сахарная кислота, п-гидроксифенилуксусная кислота, каприновая кислота, адипиновая кислота, метилпируват, L-молочная кислота, лимонная кислота, цитрат, a-кетоглутаровая кислота, яблочная кислота, бромянтарная кислота, c-аминомасляная кислота, a-гидроксимасляная кислота, a-кетомасляная кислота, пропионовая кислота, уксусная кислота и муравьиная кислота. Основными жирными кислотами клеток являются изо-С17:1v9c, изо-С15:0, изо-С17:0, изо-С16:0, изо-С11:03-ОН и изо-C11:0. Преобладающим дыхательным хиноном является Q-8, а полярные липиды содержат фосфатидилэтаноламин, фосфатидилглицерин, дифосфатидилглицерин, неидентифицированный аминолипид и пять неидентифицированных фосфолипидов. Типовой штамм 9NM-14T (5GIMCC 1.659T5CCTCC AB 2014273T5DSM 27574T) был выделен из заброшенной свинцово-цинковой руды из Мэйчжоу, провинция Гуандун, юг Китая. Содержание геномной ДНК G+C типового штамма составляет 70,7±0,1 моль%.