Бактериальные штаммы 4284/11T и 812/17, выделенные из дыхательных путей двух королевских питонов в 2011 и 2017 годах соответственно,были подвергнуты таксономической характеристике. Последовательности гена 16S рРНКдвух штаммов были идентичны и показали наибольшеесходство последовательностей с Lysobacter tolerans UM1T (97,2%) иLuteimonas aestuarii DSM 19680T (96,7%). Два штамма былиидентичны в последовательностях внутреннего транскрибируемогоспейсера 16S-23S рРНК (ITS) и частичных последовательностях гена groEL и почти идентичныв геномных отпечатках. В последовательности ITS Ly. tolerans DSM 28473T и в нуклеотидной последовательности groEL Luteimonas mephitisDSM 12574T показал наибольшее сходство. Анализы in silico DDHс использованием коэффициентов сходства ANIb и gANI на основе геномной последовательностипродемонстрировали, что штамм 4284/11T представляет собой новый вид ивыявили Ly. tolerans UM1T как следующего родственника (ANIb = 76,2 %, gANI= 78,0 %). На основании топологии основного гена филогении штамм4284/11T можно было отнести к роду Lysobacter. Хемотаксономические характеристики, включая полиаминовый паттерн, хиноновую систему, профиль полярных липидов и профиль жирных кислотсоответствовали характеристикам родов Lysobacter иLuteimonas. Штаммы 4284/11T и 812/17 можно отличить от типовых штаммов наиболее близкородственных видов с помощью несколькихфизиологических тестов. В заключение мы предлагаем новыйвид Lysobacter pythonis sp. nov. Типовой штамм — 4284/11T (=CCM 8829T= CCUG 72164T= LMG 30630T), а штамм 812/17 (CCM8830) является вторым штаммом этого вида.

В этом исследовании мы сообщаем о таксономической характеристике двух штаммов бактерий, выделенных из королевского питона (Python regius). Штамм 4284/11T был выделен в 2011 году из трахеи королевского питона, страдающего от инфекции дыхательных путей после лечения антибиотиками, а штамм 812/17 был выделен в 2017 году из трахеи другого королевского питона, проявляющего симптомы респираторного дистресса.

Для анализа хинонов, полярных липидов и полиаминов клетки выращивали в бульоне PYE (0,3% пептона из казеина, 0,3% дрожжевого экстракта, pH 7,2) или 3,3xPYE бульоне (1% пептона из казеина, 1% дрожжевого экстракта, pH 7,2). Хиноны и полярные липиды извлекали из приблизительно 100 мг лиофилизированной биомассы из клеток, собранных в стационарной фазе роста и проанализированных, как описано Тиндаллом [45,46] и Альтенбургером и др. [1]. Лиофилизированную биомассу, подвергнутую экстракции и анализу полиаминов, собирали в поздней экспоненциальной фазе роста, как рекомендовано Буссе и Олингом [7]. Условия ВЭЖХ, применяемые для анализа полиаминов, были описаны Буссе и др. [8]. Оборудование ВЭЖХ, используемое для анализа хинонов и полиаминов, было описано Штольцем и др. [41]. Жирные кислоты анализировались в соответствии со стандартизированными процедурами, описанными ранее [19].

Системы хинонов штаммов 4284/11T и 812/17 содержали

основной убихинон Q-8 и 1% Q-9 или 2% Q-7, который наиболее похож на

убихинон Ly. tolerans (34] и другие представители родов Lysobacter и Luteimononas. Полярный липидный профиль 4284/11T состоял из основных соединений дифосфатидилглицерина и фосфатидилэтаноламина, умеренных количеств фосфатидилглицерина

и незначительных или следовых количеств двух неидентифицированных фосфолипидов (PL1,

PL2), неидентифицированного аминофосфолипида (APL1), неидентифицированного аминолипида (AL1) и двух неидентифицированных липидов (L1, L2), обнаруживаемых только после окрашивания всех липидов, что указывает на отсутствие функциональной группы

(рис. 3). Кроме того, были обнаружены два пятна с желтой пигментацией (yPigm1, yPigm2). Поскольку yPigm2 также был положительным после окрашивания нингидрином, указывается наличие аминогруппы.

Липидный профиль штамма 812/17 был почти неотличим от профиля 4284/11T, отличаясь только незначительными относительными количествами некоторыхминорных липидов (результаты не показаны). Что касается липидов, присутствующих в больших илиумеренных количествах, штаммы 4284/11T и 812/17 были похожи на Ly.tolerans, Lu. mephitis CIP 107229T, Ly. enzymogenes LMG 8762T иLu. aestuarii DSM 19680T, тогда как было обнаружено несколько различий в присутствии/отсутствии некоторых минорных липидов. Наиболее яркими различиямибыло присутствие гликолипида в Lu. mephitis CIP 107229T и фосфатидилмонометилэтаноламина в Ly. enzymogenes LMG8762T (результаты не показаны). Полиаминные паттерны штамма 4284/11T,812/17 и референтных штаммов Ly. tolerans DSM 28473T, Lu. mephitis CIP 107229T, Lu. aestuarii DSM 19680T и Ly. enzymogenesLMG 8762Tall показал профиль, содержащий преимущественно спермидин и незначительные или следовые количества 1,3-диаминопропана, путресцина,кадаверина и/или спермина (таблица 3). Этот полиаминовый паттерндовольно похож на паттерны других членов Xanthomonadaceaeвключая виды родов Xanthomonas, Fulvimonas и Pseudofulvimonas [3,20].