

ДОПОЛНИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

**ОБЗОРЫ**

**АКТИНОМИЦЕТЫ *RHODOCOCCUS RUBER* –  
КЛЮЧЕВЫЕ И УНИВЕРСАЛЬНЫЕ БИООКИСЛИТЕЛИ  
ГАЗООБРАЗНЫХ АЛКАНОВ C<sub>2</sub>–C<sub>4</sub>**

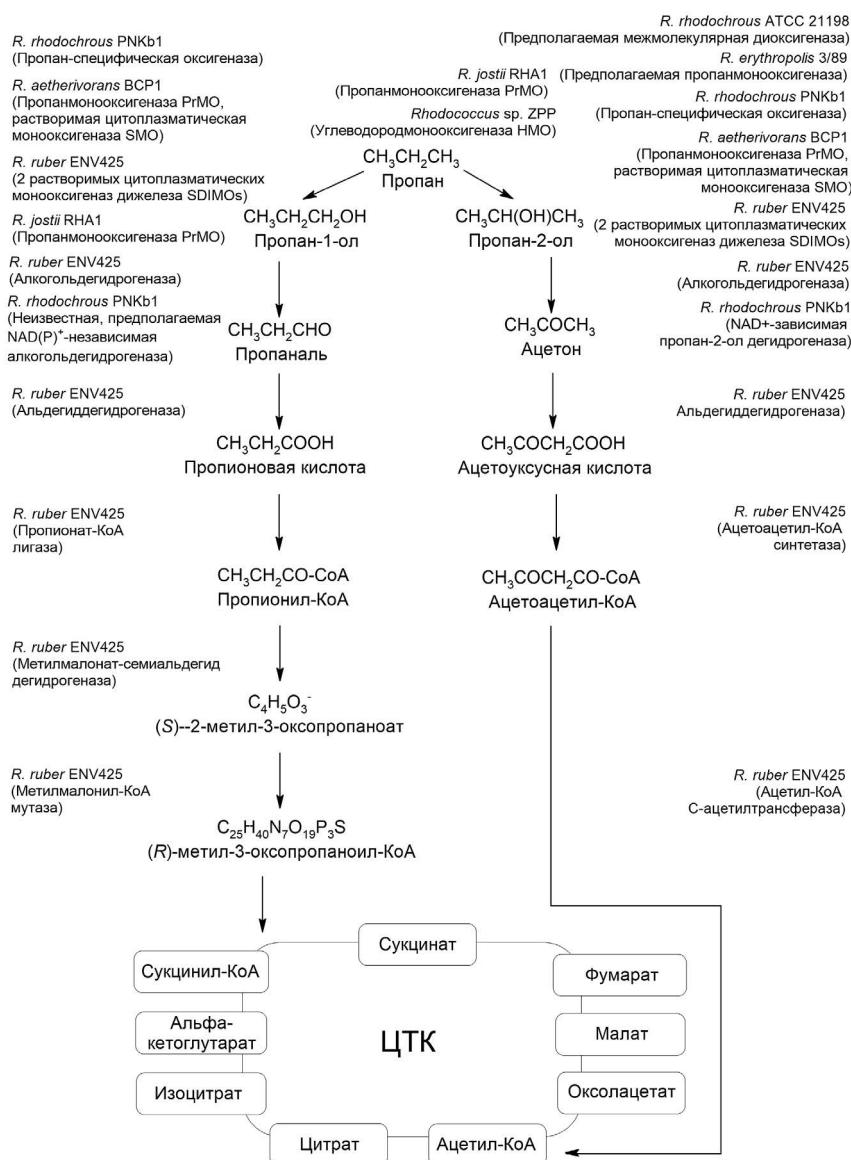
© 2025 г. И. Б. Ившина<sup>a, b, \*</sup>, М. С. Куюкина<sup>a, b</sup>, А. В. Криворучко<sup>a, b</sup>, Е. А. Тюмина<sup>a, b</sup>

<sup>a</sup>Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН –

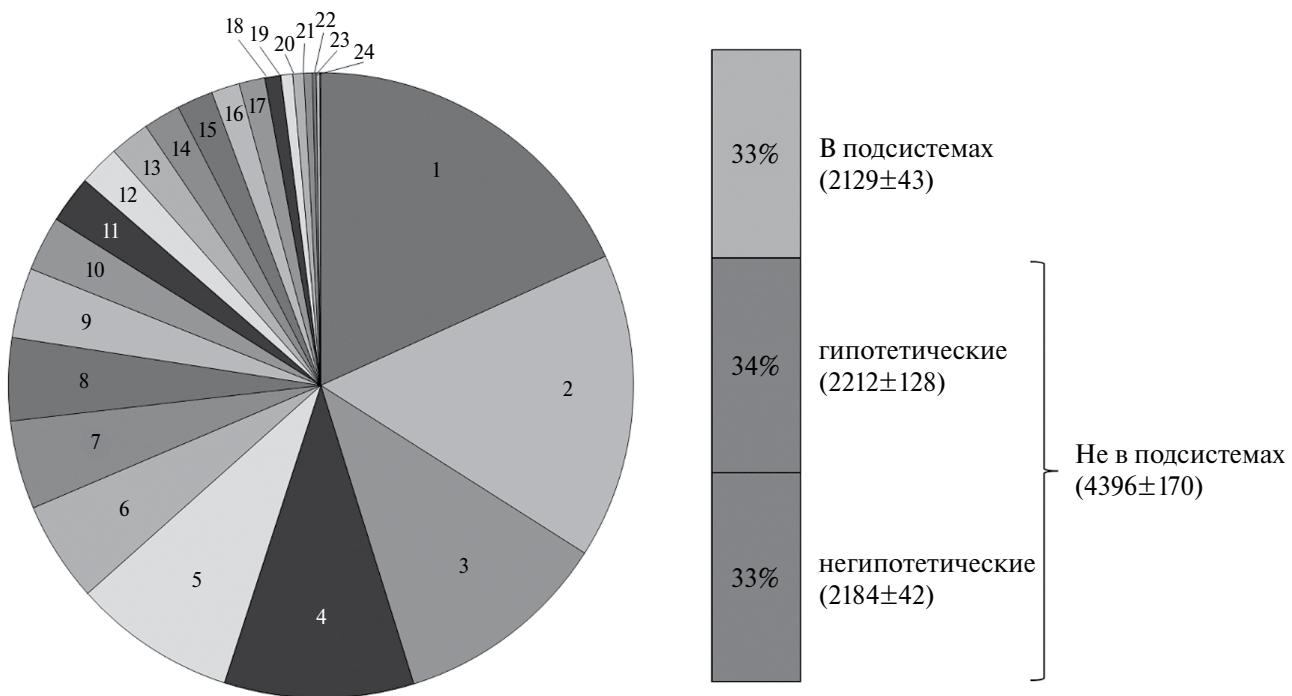
филиал Пермского федерального исследовательского центра УрО РАН, Пермь, 614081, Россия

<sup>b</sup>Пермский 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 ( $388 \pm 10$ ); 2 – углеводы ( $336 \pm 8$ ); 3 – жирные кислоты, липиды и изопреноиды ( $238 \pm 6$ ); 4 – кофакторы, витамины, простетические группы, пигменты ( $209 \pm 3$ ); 5 – метаболизм белков ( $179 \pm 8$ ); 6 – дыхание ( $110 \pm 4$ ); 7 – метаболизм ароматических соединений ( $98 \pm 4$ ); 8 – метаболизм ДНК ( $91 \pm 5$ ); 9 – нуклеозиды и нуклеотиды ( $77 \pm 2$ ); 10 – вирулентность, патогенез и защита ( $60 \pm 4$ ); 11 – другое ( $53 \pm 1$ ); 12 – мембранный транспорт ( $45 \pm 1$ ); 13 – ответ на стресс ( $44 \pm 4$ ); 14 – метаболизм РНК ( $41 \pm 2$ ); 15 – клеточная стенка и капсула ( $40 \pm 4$ ); 16 – метаболизм фосфора ( $31 \pm 2$ ); 17 – метаболизм азота ( $28 \pm 1$ ); 18 – регуляция и клеточные сигналы ( $18 \pm 1$ ); 19 – метаболизм серы ( $13 \pm 1$ ); 20 – метаболизм и усвоение железа ( $12 \pm 0$ ); 21 – метаболизм фосфора ( $9 \pm 0$ ); 22 – фаги, профаги, транспозоны, плазмиды ( $4 \pm 4$ ); 23 – вторичный метаболизм ( $4 \pm 0$ ); 24 – дормантность и споруляция ( $1 \pm 0$ ) (в скобках указано количество генов как среднее ± стандартное отклонение для 11 геномов). Для расчетов использованы геномы следующих штаммов *R. ruber* из Региональной профицированной коллекции алканотрофных микроорганизмов (акроним ИЭГМ, УНУ/ЦКП 73559/480868, WFCC # 285, WDCM # 768, <http://www.iegmcoll.ru/>): *R. ruber* ИЭГМ 231 (DDBJ/ENA/GenBank acc. no. CCSD01000001-CCSD01000115), ИЭГМ 333 (DDBJ/ENA/GenBank acc. no. JASHLC01000001-JASHLC010000147), ИЭГМ 346 (DDBJ/ENA/GenBank acc. no. JAJNCM01000001-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).