

## МИКРОБИОЛОГИЯ

УДК 579.26:57.083.18

DOI: 10.17072/1994-9952-2021-3-171-177.

Д. И. Усанина<sup>1</sup>, А. А. Пьянкова<sup>2</sup>, Е. Г. Плотникова<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Пермский государственный национальный исследовательский университет, Пермь, Россия

<sup>2</sup> Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН – филиал ФГБУН ПФИЦ УрО РАН, Пермь, Россия

### ГАЛОФИЛЬНЫЙ ШТАММ-ДЕСТРУКТОР БЕНЗОЙНОЙ КИСЛОТЫ *Halomonas* sp. D2

Бензойная кислота используется в промышленности, а также является промежуточным продуктом микробиологического разложения многих ароматических соединений – загрязнителей окружающей среды. Штамм *Halomonas* sp. D2, выделенный из глинистых отложений соляной шахты Верхнекамского месторождения (г. Соликамск, Пермский край), способен использовать бензойную кислоту (БК) в качестве единственного источника углерода и энергии. *Halomonas* sp. D2 растет на богатой среде Раймонда в присутствии 10–300 г/л NaCl и на минеральной среде с БК (1 г/л) при 30–70 г/л соли. В геноме штамма выявлен ген *benA*, кодирующий  $\alpha$ -субъединицу бензоат 1,2-диоксигеназы – ключевого фермента разложения БК. Анализ нуклеотидной последовательности гена *benA* штамма D2 показал наиболее высокий уровень сходства (94.86%) с последовательностью *benA*-гена типового штамма *Halomonas taeanensis* BH539<sup>T</sup>, с которым штамм D2 наиболее филогенетически близок и по гену 16S рРНК (сходство 99.43%). Выявленные свойства штамма *Halomonas* sp. D2 делают его перспективным для использования в биотехнологиях восстановления засоленных почв и водоемов, загрязненных ароматическими углеводородами.

**Ключевые слова:** галофильные бактерии; *Halomonas*; разложение бензойной кислоты; секвенирование; ген *benA*.

D. I. Usanina<sup>1</sup>, A. A. Pyankova<sup>2</sup>, E. G. Plotnikova<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Perm State University, Perm, Russian Federation

<sup>2</sup> Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms of the Ural Branch RAS, Perm, Russian Federation

### Benzoic acid-degrading halophilic strain *Halomonas* sp. D2

Benzoic acid is widely used in various fields of industry, and it is a intermediate in the bacterial catabolism of many aromatic compounds, environmental pollutants. *Halomonas* sp. D2 strain, isolated from clay deposits of the salt mine of the Verkhnekamsky salt deposit (Solikamsk, Perm krai) is capable of using benzoic acid (BA) as a sole source of carbon and energy. *Halomonas* sp. D2 grows in the rich Raymond's medium in the presence of 10–300 g/L NaCl and in the mineral medium with BA (1 g/L) in the presence of 30–70 g/L NaCl. The gene (*benA*) encoding the benzoate 1,2-dioxygenase alpha subunit was detected in the strain D2. Analysis of *benA* gene of the strain D2 showed the highest similarity (94.86%) with *benA* gene of *Halomonas taeanensis* BH539<sup>T</sup> with which the strain D2 is the most phylogenetically close in the 16S rRNA gene (99.43% similarity). The revealed properties of *Halomonas* sp. D2 strain makes it promising for use in biotechnologies for the restoration of saline soils and water contaminated with aromatic hydrocarbons.

**Key words:** halophilic bacteria; *Halomonas*; degradation of benzoic acid; DNA sequencing; *benA* gene.

Бензойная кислота относится к классу моноароматических соединений, которые в своем составе имеют одно ароматическое кольцо. Бензойная кислота и ее производные, благодаря своим фунгицидным и антибактериальным свойствам, широко применяются в пищевой, косметической индустрии в качестве консервантов (пищевые добавки E210-E219), а также в медицине в качестве лекарственных средств. Кроме того, бензойная кислота используется в химической промышленно-

сти как сырьё для получения широкого спектра соединений, таких как фенол, пластификаторы, бензоилхлорид и другие. Известно, что некоторые аэробные микроорганизмы способны разлагать сложные полиароматические соединения, в том числе такие стойкие органические загрязнители, как бифенил, полихлорированные бифенилы, с образованием бензойной кислоты в качестве промежуточного продукта [Pieper, 2005]. В литературе описаны бактерии разных таксономических групп,

способные осуществлять разложение бензойной кислоты и использовать ее в качестве единственного источника углерода и энергии [Field, Sierra-Alvarez, 2008; Егорова, Пьянкова, 2019]. В то же время крайне ограничена информация о галофильных бактериях-деструкторах, строении и функционировании их метаболических, генетических систем, контролирующих разложение бензойной кислоты в условиях засоления [Fatherpure, 2014].

Ранее из соляной шахты района промышленных разработок Верхнекамского месторождения калийно-магниевых солей (ВМКС) были выделены галофильные бактерии, которые на основании морфологических, физиологических и генетических исследований были идентифицированы как представители семейства *Halomonadaceae* (класс *Gamma*proteobacteria) [Пьянкова и др., 2020]. На настоящем этапе изучения проводится дальнейшая характеристика выделенных галофилов, в том числе для перспективы использования в биотехнологических целях. Цель настоящей работы – изучение способности галофильного штамма *Halomonas* sp. D2 разлагать бензойную кислоту в условиях повышенной солености среды, а также выявление и филогенетическая характеристика ключевого гена катаболизма бензойной кислоты (*benA*).

## Материалы и методы исследования

**Объектом исследования** являлся штамм *Halomonas* sp. D2, выделенный из глинистых донных отложений рассолоотводящей выработки одного из рудников ВМКС [Пьянкова и др., 2020]. Также в работе был использован типовой штамм *Halomonas taeanensis* ВН539<sup>T</sup> из рабочей коллекции лаборатории микробиологии техногенных экосистем «ИЭГМ УрО РАН».

**Среды и условия культивирования.** При культивировании бактерий использовали минеральную среду Раймонда (MCP) [Raymond, 1961], а также богатую среду Раймонда (BCP) с триптоном (5 г/л) и дрожжевым экстрактом (2.5 г/л), с разным содержанием NaCl (от 10 до 300 г/л). Для агаризованных сред добавляли 15 г/л агара. Культивирование проводили при 28 °С.

**Устойчивость бактерий к различным концентрациям хлорида натрия** оценивали по появлению и размеру колоний при росте на агаризованной BCP без соли и с содержанием NaCl от 10 до 300 г/л. Оценку роста колоний проводили через 2 недели после культивирования.

**Рост бактерий на ароматических соединениях** оценивали при культивировании в жидкой минеральной среде Раймонда (30 г/л NaCl). Бензойную кислоту, нафталин, бифенил, *орто*-фталат,

как единственный источник углерода и энергии, добавляли в среду в количестве 1 г/л, салициловую кислоту – 0.5 г/л. Культивирование проводили на термошейкере при 28 °С при 140 об./мин. Рост штаммов оценивали при определении оптической плотности культуры (ОП<sub>600</sub>) на спектрофотометре UV-Visible BioSpec-mini («Shimadzu», Япония) при длине волны 600 нм в кювете с длиной оптического пути 1 см.

Ростовые характеристики штамма D2 определяли при выращивании в жидкой MCP с бензойной кислотой (1 г/л) и содержанием 30 г/л NaCl, оптимальным для роста культуры. Культивирование проводили на термошейкере при 28 °С при 140 об./мин. в течение 2 недель. Рост штаммов оценивали при определении оптической плотности культуры (ОП<sub>600</sub>). Параметры роста культуры рассчитывали согласно Г. Шлегеля [1987]. Эксперименты были выполнены в трехкратной повторности. Полученные данные обрабатывали с использованием стандартных пакетов компьютерных программ Microsoft Excel.

**Выделение бактериальной ДНК.** Единичную колонию чистой культуры бактерий при помощи платиновой петли помещали в пробирку «эппендорф», содержащую 100 мкл 0.05 NaOH. Смесь инкубировали при 95 °С в течение 15 мин., затем охлаждали 15 мин. при температуре –20 °С, далее центрифугировали при 12 000 об./мин. 30 сек. Процедуру повторяли 4 раза. Для проведения амплификации отбирали 1 мкл супернатанта.

**Амплификация и определение нуклеотидных последовательностей гена *benA*.** Для амплификации гена *benA*, кодирующего  $\alpha$ -субъединицу бензоат 1,2-диоксигеназы, использовали праймеры *benA*-F (5'-GCCACGAGAGCCAGATTCCC-3') и *benA*-R (5'-GGTGGCGCGTAGTTCCAGTG-3') при условиях, приведенных в публикации [Baggi et al., 2008]. Амплификацию осуществляли на приборе C1000 Touch™ Thermal Cycler («Bio-Rad Laboratories», США). В качестве положительного контроля был использован штамм *Rhodococcus wratislaviensis* KT112-7, деструктор бензойной кислоты [Егорова и др., 2013]. Анализ продуктов амплификации и документирование полученных результатов осуществляли, как описано ранее [Пьянкова и др., 2020].

Определение нуклеотидных последовательностей гена *benA* проводили на автоматическом секвенаторе Genetic Analyzer 3500xl («Applied Biosystems», США), с применением реактивов Big Dye Terminator Ready Reaction Kit v 3.1 («Applied Biosystems», США), согласно рекомендациям производителя, на кафедре ботаники и генетики растений Пермского государственного национального исследовательского университета. Поиск гомоло-

гичных последовательностей гена *benA* осуществляли с использованием базы данных GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Множественное выравнивание транслированных аминокислотных последовательностей гена *benA* и построение филогенетического дерева проводили с использованием программы MEGA 7.0. При построении филогенетического дерева применяли кластерный метод «neighbor-joining». Оценку статистической достоверности ветвления («bootstrap»-анализ) устанавливали на основе 1000 альтернативных деревьев. Нуклеотидная последовательность гена *benA* депонирована в базу данных GenBank под номером MW862487.

## Результаты и их обсуждение

Ранее из образца глинистых отложений соляной шахты ВКМС был выделен граммотрицательный штамм D2. В результате секвенирования и сравнения последовательностей гена 16S рРНК с типовыми штаммами из базы данных EzBioCloud было установлено, что данный штамм относится к се-

мейству *Halomonadaceae* (класс *Gamma*proteobacteria) и имеет наибольшее сходство (99.43% по гену 16S рРНК) с типовым штаммом *Halomonas taeanensis* VH539<sup>T</sup> [Пьянкова и др., 2020].

Проведенные исследования по изучению деградиционных свойств штамма D2 показали, что он способен использовать в качестве единственного источника углерода и энергии бензойную кислоту, но не другие моно- и полиароматические соединения (в частности, салициловую, орто-фталевою кислоты, нафталин, бифенил).

Установлено, что штамм *Halomonas* sp. D2 является галофильным организмом и способен к эффективному росту в БСР при содержании хлорида натрия от 10 до 300 г/л. В сравнении, штамм *Halomonas taeanensis* VH539<sup>T</sup> выдерживал не более 250 г/л NaCl при культивировании в аналогичных условиях. Оба штамма не росли при отсутствии соли в среде. В МСР с использованием в качестве субстрата бензойной кислоты (1 г/л) штаммы *Halomonas* sp. D2 и *H. taeanensis* VH539<sup>T</sup> росли в присутствии 10–70 г/л соли (табл. 1).

Таблица 1

Рост бактерий рода *Halomonas* в присутствии различных концентраций хлорида натрия

Штамм	Агаризованная БСР, NaCl (г/л)							Жидкая МСР, бензойная кислота (1 г/л), NaCl (г/л)			
	Без NaCl	10	100	150	200	250	300	Без NaCl	30	50	70
<i>H. taeanensis</i> DSM 16463 <sup>T</sup>	–	+	+	+	+	+	–	–	+++	++	+
<i>Halomonas</i> sp. D2	–	+	+	+	+	+	+	–	+++	+++	++

Примечание. «–» – рост не обнаружен; «+» – на агаризованной среде, колонии размеров больше 2 мм; «++» – в жидкой среде, ОП<sub>600</sub> от 0.1 до 0.3 ед.; «+++» – ОП<sub>600</sub> от 0.4 до 0.7 ед.; «++++» – ОП<sub>600</sub> выше 0.7 ед.

Штамм D2 демонстрировал наибольший прирост биомассы при выращивании на бензоате в присутствии 30 г/л NaCl. На рисунке 1 представлена кривая роста штамма D2. На начальных этапах культивирования наблюдался замедленный рост культуры (ОП<sub>600</sub> не превышала 0.2 ед.), толь-

ко через 150 ч. был отмечен активный прирост биомассы. Максимальная ОП<sub>600</sub>, равная 1.05 ед., наблюдалась при 259 ч. (11-е сут.) культивирования. Скорость экспоненциального роста ( $\mu$ ) составляла  $0.0211 \pm 0.003$  ч<sup>-1</sup>.

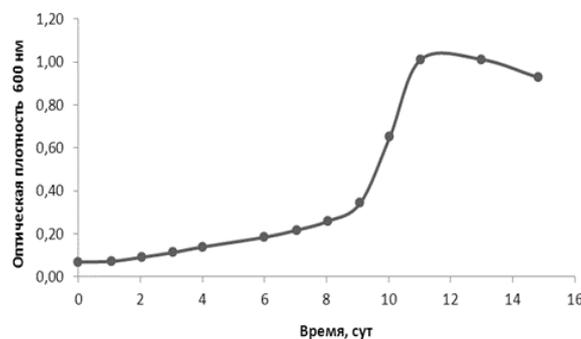


Рис. 1. Рост штамма *Halomonas* sp. D2 в МСР (30 г/л NaCl) на бензойной кислоте (1 г/л) в качестве единственного источника углерода и энергии

На ДНК-матрице штамма D2 был амплифицирован ген *benA*, кодирующий  $\alpha$ -субъединицу бен-

зоат 1,2-диоксигеназы – ключевого фермента, участвующего на начальном этапе окисления бен-

зоата [Parales, Resnick, 2006]. Также фрагмент аналогичного размера (около 521 п.н.) был обнаружен в ДНК штамма *H. taeanensis* BH539<sup>T</sup>, что указывает на присутствие гена *benA* в ДНК типового штамма (рис. 2).

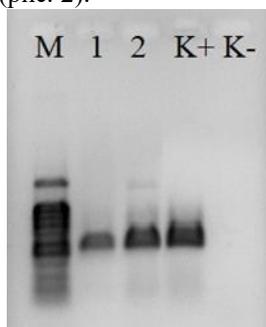


Рис. 2. Электрофореграмма результатов амплификации гена *benA*:

М – маркер 100+ bp DNA Ladder (Евроген, Россия), 1 – *Halomonas* sp. D2, 2 – *H. taeanensis* BH539<sup>T</sup>, К+ – *Rhodococcus wratislaviensis* KT112-7, К- – отрицательный контроль

Полученный ампликон гена *benA* *Halomonas* sp. D2 был секвенирован. Проведен сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей фрагмента гена *benA* штамма *Halomonas* sp. D2 с гомологичными последовательностями из базы данных GenBank (табл. 1). Установлено, что наиболее близким к изучаемому гену является ген  $\alpha$ -субъединицы бензоат/толуат-1,2-диоксигеназы типового штамма *H. taeanensis* BH539<sup>T</sup> (FNCI01000003). Сходство гена *benA* штамма *Halomonas* sp. D2 с гомологичным геном *H. taeanensis* BH539<sup>T</sup> составляло 94.86%. С другими подобными генами представителей рода *Halomonas* уровень сходства не превышал 89.38%, а с генами штаммов других родов семейства *Halomonadaceae* – 78.13% (ближайшая последовательность гена *benA* *Chromohalobacter* sp. HS2, EU155151) (табл. 2).

Таблица 2

**Сравнительный анализ гена *benA* штамма *Halomonas* sp. D2 с ближайшими гомологичными последовательностями из базы данных GenBank**

Гомологичные гены	Номер в GenBank*	Номер в GenBank**	Сходство, %	Место выделения	Ссылка
Бензоат/толуат 1,2-ДО, <i>H. taeanensis</i> BH539 <sup>T</sup>	FNCI01000003	SDF94072	94.86	Солнечная солеварня, Корея	н.д.
Бензоат 1,2-ДО, <i>H. aestuarii</i> Hb3	CP018139	APR30514	89.38	Солеварня, Корея	н.д.
Белок с кластером Риске [2Fe-2S], <i>Halomonas</i> sp. VM-2019	CP071922	QTF93273	87.90	Озерная вода, Танзания	н.д.
Бензоат 1,2-ДО, <i>H. beimensis</i> NTU-111	CP021435	ATJ82503	87.50	Солеварня, Тайвань	Chen et al., 2017
Бензоат 1,2-ДО, <i>H. organivorans</i> СЕСТ 5995 <sup>T</sup>	FN997646	CBR26855	86.74	Засоленная почва, Испания	García et al., 2004
Белок с кластером Риске [2Fe-2S], <i>Halomonas</i> sp. PGE1	CP053032	QJQ97940	86.70	Гиперсоленая экосистема, Нидерланды	н.д.
Бензоат 1,2-ДО, <i>Chromohalobacter</i> sp. HS2	EU155151	ABV82781	78.13	Солёные ферментированные моллюски	Kim et al., 2008

Примечание: «н.д.» – нет данных; \* – нуклеотидные последовательности; \*\* – аминокислотные последовательности.

На основании полученных данных построено филогенетическое дерево, показывающее положение транслированных аминокислотных последовательностей *benA* штамма *Halomonas* sp. D2 и гомологичных последовательностей представителей семейства *Halomonadaceae* (рис. 3).

Гены *benA*, кодирующие большую субъединицу ключевого фермента деструкции БК – бензоат 1,2-диоксигеназы, выявлены в геномах бактерий различных таксономических групп [Егорова, Пьянкова, 2019]. На настоящем этапе исследований пока-

зано, что ген *benA* штамма *Halomonas* sp. D2 является наиболее филогенетически близким *benA*-генам галофильных бактерий-деструкторов бензоата, рода *Halomonas* (сем. *Halomonadaceae*) и, кроме того, имеет высокий процент сходства (94.86%) с *benA*-геном типового штамма вида *H. taeanensis*, который является наиболее близкородственным по гену 16S рРНК штамму D2 [Пьянкова и др., 2020]. Таким образом, мы предполагаем, что *benA*-ген может быть использован в качестве филогенетического маркера для определения бакте-

рий рода *Halomonas* среди деструкторов БК различных таксонов прокариот.

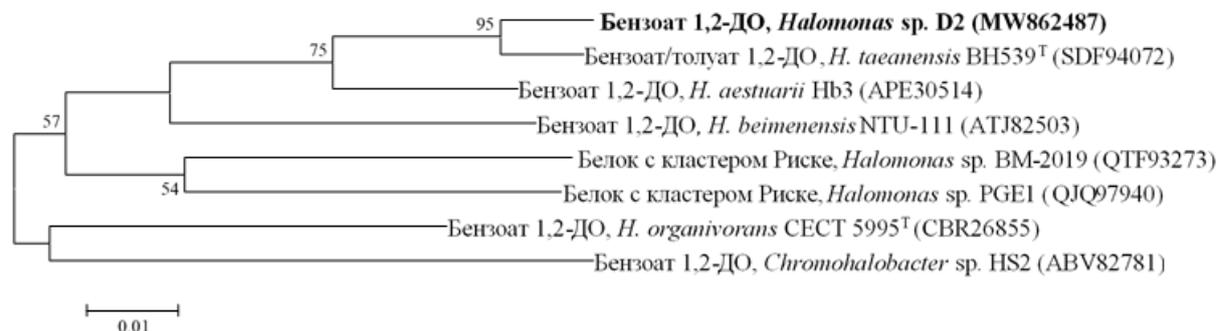


Рис. 3. Филогенетическое дерево, построенное с использованием метода neighbor-joining, показывающее положение транслированных аминокислотных последовательностей гена *benA* *Halomonas* sp. D2 и ближайших последовательностей из базы данных GenBank

## Заключение

В результате проведенных исследований было установлено, что штамм *Halomonas* sp. D2 является активным деструктором бензойной кислоты, способным осуществлять ее разложение (1 г/л) в присутствии высоких концентраций хлорида натрия (30–70 г/л). Полученные данные указывают на возможность использования штамма при разработке технологий, направленных на очистку объектов окружающей среды от токсичных ароматических поллютантов.

Работа выполнена в рамках государственного задания, номер госрегистрации темы: АААА-А19-119112290008-4.

## Список литературы

- Егорова Д.О. и др. Деструкция ароматических углеводородов штаммом *Rhodococcus wratislaviensis* KT112-7, выделенным из отходов соледобывающего предприятия // Прикладная биохимия и микробиология. 2013. Т. 49, № 3. С. 267–278.
- Егорова Д.О., Пьянкова А.А. Скрининг гена альфа-субъединицы бензоат диоксигеназы в бактериальных ассоциациях, полученных в результате селекции на (хлор)ароматических соединениях // Вестник Пермского университета. Сер. Биология. 2019. Вып. 4. С. 464–470.
- Пьянкова А.А. и др. Характеристика бактерий, выделенных из рудника Верхнекамского месторождения солей (Пермский край) // Вестник Пермского университета. Сер. Биология. 2020. Вып. 4. С. 312–320.
- Шлегель Г. Общая микробиология: пер. с нем. М.: Мир, 1987. 567 с.

- Baggi G. et al. Co-metabolism of di- and trichlorobenzoates in a 2-chlorobenzoate-degrading bacterial culture: Effect of the position and number of halo-substituents // International Biodeterioration and Biodegradation. 2008. Vol. 62, № 1. P. 57–64.
- Chen Y. et al. Revealing the saline adaptation strategies of the halophilic bacterium *Halomonas beimenensis* through high-throughput omics and transposon mutagenesis approaches // Science Reports. 2017. Vol. 7. P. 183–195.
- Fatpure B.Z. Recent studies in microbial degradation of petroleum hydrocarbons in hypersaline environments // Frontiers in Microbiology. 2014. Vol. 5. P. 173.
- Field J.A., Sierra-Alvarez R. Microbial transformation of chlorinated benzoates // Reviews in Environmental Science and BioTechnology. 2008. Vol. 7. P. 191–210.
- García M.T. et al. *Halomonas organivorans* sp. nov., a moderate halophile able to degrade aromatic compounds // International Journal of Systematic and Evolutionary of Microbiology. 2004. Vol. 54, № 5. P. 1723–1728.
- Kim D. et al. Molecular cloning and functional characterization of the genes encoding benzoate and p-hydroxybenzoate degradation by the halophilic *Chromohalobacter* sp. strain HS-2 // FEMS Microbiology Letters. 2008. Vol. 280, № 2. P. 235–241.
- Parales R.E., Resnick S.M. Aromatic ring hydroxylating dioxygenases // Pseudomonas / Eds. J.L. Ramos, R.C. Levesque. Boston: Springer, 2006. P. 287–340.
- Pieper D.H. Aerobic degradation of polychlorinated biphenyls. // Applied Microbiology Biotechnology. 2005. Vol. 67, № 2. P. 170–191.
- Raymond R.L. Microbial oxidation of *n*-paraffinic hydrocarbons // Developments in Industrial Microbiology. 1961. Vol. 2, № 1. P. 23–32.

## References

- Baggi G., Bernasconi S., Zangrossi M., Cavalca L., Vincenza A. Co-metabolism of di- and trichlorobenzoates in a 2-chlorobenzoate-degrading bacterial culture: Effect of the position and number of halo-substituents. *International Biodeterioration and Biodegradation*. V. 62, N 1 (2008): pp. 57-64.
- Chen Y., Lu C., Shyu Y., Lin S. Revealing the saline adaptation strategies of the halophilic bacterium *Halomonas beimenensis* through high-throughput omics and transposon mutagenesis approaches. *Science Reports*. V. 7 (2017): pp. 183-195.
- Egorova D.O., Korsakova E.S., Demakov V.A., Plotnikova E.G. [Destruction of aromatic hydrocarbons by the *Rhodococcus wratislaviensis* KT112-7 strain isolated from waste products of a salt-mining factory]. *Prikladnaja biochimija i mikrobiologija*. V. 49, N 3 (2013): pp. 267-278. (In Russ.).
- Egorova D.O., Pyankova A.A. [Alpha-subunit benzoate dioxygenase gene screening in bacterial associations obtained by selection on (chlorine) aromatic compounds]. *Vestnik Permskogo universiteta. Biologija*. Iss. 4 (2019): pp. 464-470. (In Russ.).
- Fathepure B.Z. Recent studies in microbial degradation of petroleum hydrocarbons in hypersaline environments. *Frontiers in Microbiology*. V. 5 (2014): p. 173.
- Field J.A., Sierra-Alvarez R. Microbial transformation of chlorinated benzoates. *Reviews in Environmental Science and BioTechnology*. V. 7 (2008): pp. 191-210.
- García M.T., Mellado E., Ostos J.C., Ventosa A. *Halomonas organivorans* sp. nov., a moderate halophile able to degrade aromatic compounds. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. V. 54, N 5 (2004): pp. 1723-1728.
- Kim D., Kim S.W., Choi K.Y., Lee J.S., Kim E. Molecular cloning and functional characterization of the genes encoding benzoate and *p*-hydroxybenzoate degradation by the halophilic *Chromohalobacter* sp. strain HS-2. *FEMS Microbiology Letters*. V. 280, N 2 (2008): pp. 235-241.
- Parales R.E., Resnick S.M. Aromatic ring hydroxylating dioxygenases. In Pseudomonas. Eds. Ramos J.L., Levesque R.C. Boston, Springer, 2006, pp. 287-340.
- Pieper D.H. Aerobic degradation of polychlorinated biphenyls. *Applied Microbiology Biotechnology*. V. 67, N 2 (2005): pp. 170-191.
- Pyankova A.A., Usanina D.I., Aleev V.S., Blinov S.M., Plotnikova E.G. [Characteristics of bacteria isolated from the miner of the Verkhnekamsky salt deposit (Perm krai)]. *Vestnik Permskogo universiteta. Biologija*. Iss. 4 (2020): pp. 312-320. (In Russ.).
- Raymond R.L. Microbial oxidation of n-paraffinic hydrocarbons. *Developments in Industrial Microbiology*. V. 2, N 1 (1961): pp. 23-32.
- Schlegel H. *Obščaja mikrobiologija* [General Microbiology]. Moscow, Mir Publ., 1987. 567 p. (In Russ.).

Поступила в редакцию 08.07.2021

## Об авторах

Усанина Дарья Игоревна, студент  
ФГАОУВО «Пермский государственный национальный исследовательский университет»  
**ORCID:** 0000-0003-0436-0890  
614068, Пермь, ул. Букирева, 15;  
usanina\_d@mail.ru; 89824588408

Пьянкова Анна Александровна, инженер лаборатории микробиологии техногенных экосистем «Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН» – филиал ПФИЦ УрО РАН  
**ORCID:** 0000-0003-2210-7873x  
614081, г. Пермь, ул. Голева, 13;  
annpjankva@mail.ru; (342)2808431

## About the authors

Usanina Darya Igorevna, student  
Perm State University.  
**ORCID:** 0000-0003-0436-0890  
15, Bukirev str., Perm, Russia, 614990;  
usanina\_d@mail.ru; 8-9824588408

Pyankova Anna Aleksandrovna, engineer of laboratory of microbiology of technogenic ecosystems Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms UB RAS.  
**ORCID:** 0000-0003-2210-7873x  
13, Golev str., Perm, Russia, 614081;  
annpjankva@mail.ru; (342)2808431

Плотникова Елена Генриховна, доктор биологических наук, заведующая лабораторией микробиологии техногенных экосистем «Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН» – филиал ПФИЦ УрО РАН  
профессор кафедры ботаники и генетики растений  
ФГАОУВО «Пермский государственный национальный исследовательский университет»  
**ORCID:** 0000-0002-0107-0719  
614081, Пермь, ул. Голева, 13; peg\_el@mail.ru; (342)2808431

Plotnikova Elena Genrikhovna, doctor of biology, head of the laboratory of microbiology of technogenic ecosystems  
Institute of Ecology and Genetics of Microorganism UB RAS.

professor of the Department of botany and plant genetics  
Perm State University.

**ORCID:** 0000-0002-0107-0719  
13, Golev str., Perm, Russia, 614081;  
peg\_el@mail.ru; (342)2808431

**Информация для цитирования:**

Усанина Д.И., Пьянкова А.А., Плотникова Е.Г. Галофильный штамм-деструктор бензойной кислоты *Halomonas* sp. D2 // Вестник Пермского университета. Сер. Биология. 2021. Вып. 3. С. 171–177. DOI: 10.17072/1994-9952-2021-3-171-177.

Usanina D.I., Ryankova A.A., Plotnikova E.G. [Benzoic acid-degrading halophilic strain *Halomonas* sp. D2]. *Vestnik Permskogo universiteta. Biologija*. Iss. 3 (2021): pp. 171-177. (In Russ.). DOI: 10.17072/1994-9952-2021-3-171-177.

