



ЭКОБИОТЕХ

ISSN 2618-964X

<http://ecobiotek-journal.ru>

УДК 581.1



UDC 581.1

ХАРАКТЕРИСТИКА ГАЛОТОЛЕРАНТНОГО ШТАММА-ДЕСТРУКТОРА ДИБУТИЛФТАЛАТА *Rhodococcus* sp. 5G1

Ястребова О.В.*, Назаров А.В.

Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН – филиал Пермского федерального исследовательского центра УрО РАН, Пермь, Россия

*E-mail: olyastr@mail.ru

CHARACTERISTICS OF *Rhodococcus* sp. 5G1, A HALOTOLERANT DIBUTYL PHTHALATE-DEGRADING STRAIN

Yastrebova O.V.*, Nazarov A.V.

Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms, UB RAS – branch of the Perm Federal Research Center UB RAS, Perm, Russia

*E-mail: olyastr@mail.ru

Аннотация

Дибутилфталат (ДФФ) – один из эфиров фталевой кислоты, широко используемый в качестве пластификатора при производстве пластмасс и синтетических волокон, что вызывает загрязнение окружающей среды. Исследована способность галотолерантного штамма 5G1, выделенного из ризосферной почвы на территории соледобывающего предприятия (Пермский край, Россия), использовать ДБФ в качестве субстрата. На основании секвенирования и биоинформационного анализа гена 16S рРНК, штамм идентифицирован как представитель рода *Rhodococcus*, близкородственный типовому штамму *R. erythropolis* DSM43066^T (уровень сходства - 99.6%). Галотолерантный штамм 5G1 способен к росту на ДБФ в качестве субстрата, а также к утилизации 51% ДБФ (0.2 г/л) к 72 ч. Штамм 5G1 растет на ДБФ в высоких концентрациях – до 20 г/л. Исследование на наличие плазмидной ДНК показало присутствие в клетках штамма двух плазмид молекулярной массой ~85 т.п.н. и ~60 т.п.н. Полученные результаты позволяют рассматривать штамм *Rhodococcus* sp. 5G1 как перспективный в биотехнологии очистки почв и стоков со сложным характером загрязнения.

Ключевые слова

Дибутилфталат ♦ деградация ♦ *Rhodococcus* ♦ 16S рРНК ♦ хлорид натрия

Поступила в редакцию: 12.09.2025

Принято в печать: 25.09.2025

[Цитировать | Cite as](#)

[DOI: 10.31163/2618-964X/2025-29](https://doi.org/10.31163/2618-964X/2025-29)

Abstract

Dibutyl phthalate (DBP) is one of the esters of phthalic acid, widely used as a plasticizer in the production of plastics and synthetic fibers, leading to environmental pollution. The ability of the halotolerant strain 5G1, which was isolated from the rhizosphere soil on the territory of a salt mining enterprise (Perm Krai, Russia), to use DBP as a substrate was studied. The strain was identified as representative of the genus *Rhodococcus*, closely related to the type strain *R. erythropolis* DSM43066^T (similarity level of 99.6%) based on sequencing and bioinformatics analysis of the 16S rRNA gene. The halotolerant strain 5G1 can grow on DBP as a substrate and is capable of utilizing 51% DBP (0.2 g/L) by 72 h. Strain 5G1 grows on DBP at high concentrations (up to 20 g/L). A study of the presence of extrachromosomal DNA showed the presence of two plasmids in the cells of the strain with a molecular weight of ~85 kb and ~60 kb. The results obtained allow us to consider the strain *Rhodococcus* sp. 5G1 as promising in the biotechnology of cleaning soils and wastewaters with a complex nature of pollution.

Keywords

Dibutyl phthalate ♦ degradation ♦ *Rhodococcus* ♦ 16S rRNA ♦ sodium chloride

Received: 12.09.2025

Accepted: 25.09.2025

[EDN: TRSTYD](#)

ВВЕДЕНИЕ

Эфиры фталевой кислоты (ЭФК) – группа синтетических химических веществ, используемых в качестве пластификаторов в производстве полимерных материалов. Одним из наиболее широко применяемых в промышленности ЭФК является дибутилфталат (ДФФ), используемый в производстве различных видов пластмасс, упаковочных и строительных материалов, электрооборудования [Kashyap 2018; He *et al.* 2014]. В то же время, ДБФ обладает токсичными и канцерогенными свойствами, способностью к накоплению в пищевой цепи, в связи с чем представляет потенциальную опасность для живых организмов [Kashyap 2018].

В связи с этим актуальной задачей является поиск эффективных методов его утилизации, среди которых биodeградация с использованием бактерий представляет собой наиболее экологически безопасный и экономически выгодный подход.

Бактерии рода *Rhodococcus* известны своей способностью к деградации широкого ряда устойчивых органических загрязнителей, а также высокой адаптивностью к неблагоприятным условиям среды [Kim *et al.* 2018]. В ряде исследований показана способность данных бактерий к утилизации различных ЭФК, в том числе ДБФ [Jin *et al.* 2010; Hu *et al.* 2021]. На примере ряда грамположительных бактерий, в том числе рода *Rhodococcus*, показано, что метаболический путь деградации ДБФ начинается с гидролиза молекулы ДБФ под действием эстеразы, с образованием монобутилфталата (МБФ), который трансформируется до *орто*-фталевой кислоты (ОФК) – ключевого метаболита ЭФК (рис. 1). Дальнейшая деградация ОФК под действием диоксигеназы осуществляется с образованием протокатеховой кислоты (ПКК), которая далее метаболизируется через расщепление бензольного кольца по *орто*- или *мета*-пути до основных клеточных метаболитов (рис. 1) [Choi *et al.* 2015; Jin *et al.* 2010].

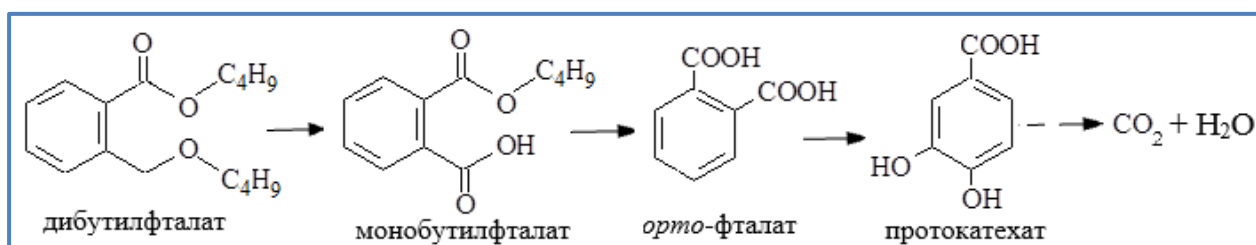


Рисунок 1. Схема бактериальной деградации ДБФ [Choi *et al.* 2015; Jin *et al.* 2010].

На сегодняшний день недостаточно изученной остается бактериальная деструкция ЭФК в условиях засоления среды, а также бактериальная утилизация высоких концентраций фталатов. Из немногочисленных сообщений известны солеустойчивые бактерии-деструкторы ДБФ, в том числе родов *Rhodococcus* [Yang *et al.* 2018; Корсакова и др. 2023], *Pseudarthrobacter* [Ястребова и др. 2022], *Sphingobium* [Jin *et al.* 2013], *Pseudomonas* [Xu *et al.* 2007].

Цель работы – характеристика бактериального штамма, выделенного на территории соледобывающего предприятия (Пермский край, Россия), способного использовать ДБФ в качестве источника углерода и энергии.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Объектом исследования являлся бактериальный штамм *Rhodococcus* sp. 5G1, выделенный из образца ризосферной почвы бескильницы расставленной (*Puccinellia distans* (Jacq.) Parl.), отобранной вблизи солеотвала (г. Соликамск, Пермский край, Россия). Штамм выделен из накопительной культуры, полученной с использованием образца почвы, в минеральной среде с 3% NaCl и фенантроном (1 г/л) в качестве субстрата.

Культивирование бактерий проводилось в минеральной среде Раймонда (MCP), [Raymond 1961]. Богатую среду Раймонда (BCP) готовили добавлением в минеральную среду Раймонда 2.5 г/л дрожжевого экстракта (“Biospringer”, Франция) и 5 г/л триптона (“VWR Life Science Amresco”, США). В качестве субстратов использовали дибутилфталат (ДБФ)

(“Sigma-Aldrich”, США), диметилфталат (ДМФ), диэтилфталат (ДЭФ), *орто*-фталевую кислоту (ОФК), протокатеховую кислоту (ПКК) (“Fluka”, США) в концентрации 1.0 г/л.

Рост штамма при повышенном засолении среды культивирования изучали при периодическом культивировании в жидкой среде МСР без NaCl и при концентрациях 30, 50, 70 г/л соли. Рост штамма при разных концентрациях ДБФ оценивали в среде МСР, в которую вносили ДБФ в концентрациях 1, 5, 9, 15, 20 г/л. Инокулятом являлась культура в экспоненциальной фазе роста, выращенная на среде МСР с ОФК (1 г/л) в качестве субстрата.

Оптическую плотность (ОП) культуры определяли на спектрофотометре UV-Visible BioSpec-mini (“Shimadzu”, Япония) при длине волны 600 нм.

Оценку разложения ДБФ осуществляли методом газовой хромато-масс-спектрометрии (ГХ-МС). Эксперимент, экстракцию ДБФ и анализ проводили как описано [Ястребова и др. 2025]. Расчет удельной скорости роста (μ , ч⁻¹) и удельной скорости утилизации (μ , сут⁻¹) проводили как описано [Нетрусов 2005].

Амплификация гена 16S рРНК проведена с использованием бактериальных праймеров 27F и 1492R на приборе My Cycler “Bio-Rad Laboratories” (США) согласно [Lane 1991]. Анализ полученных нуклеотидных последовательностей 16S рДНК проводили с использованием программ Sequence Scanner v 2.0, CLUSTAL W (<http://www.ebi.ac.uk/clustalw>). Поиск гомологичных последовательностей осуществляли по базам данных GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) и EzTaxon (<http://www.eztaxon.org>).

Выделение плазмидной ДНК штамма-деструктора проводили методом щелочного лизиса [Marko *et al.* 1982].

Статистическая обработка результатов. Все эксперименты были выполнены в трехкратной повторности. Полученные данные обрабатывали с использованием программы Microsoft Excel 2007.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Штамм 5G1 выделен из образца ризосферной почвы, отобранного вблизи солеотвала (г. Соликамск, Пермский край) методом накопительного культивирования в МСР в присутствии 3% NaCl с фенантроном в качестве субстрата. На основании секвенирования и биоинформационного анализа гена 16S рРНК, штамм идентифицирован как представитель рода *Rhodococcus*, близкородственный типовому штамму *Rhodococcus erythropolis* DSM43066^T (уровень сходства по гену 16S рРНК составлял 99.6%). При росте на агаризованной богатой среде Раймонда штамм 5G1 имел непрозрачные, бежевые, выпуклые колонии с неровным краем. Оптимум роста штамма зафиксирован при pH 7.0-7.5 и 28°C.

Показано, что штамм *Rhodococcus* sp. 5G1 обладает широкой субстратной специфичностью и растет в минеральной среде на ДБФ, диэтилфталате (ДЭФ), диметилфталате (ДМФ), а также *орто*-фталевой и протокатеховой кислотах. На основании известных путей деградации фталатов бактериями рода *Rhodococcus* [Choi *et al.* 2015; Jin *et al.* 2010] можно предположить, что разложение данных соединений штаммом проходит с образованием фталевой кислоты и, далее протокатеховой кислоты, в качестве основных метаболитов (рис. 1).

Поскольку штамм 5G1 выделен из образца почвы района солеразработок, изучено влияние различных концентраций соли (NaCl) на рост штамма на ДБФ в МСР с повышенным засолением (табл. 1). Показано, что штамм способен к эффективному росту в присутствии

до 5% NaCl в среде. Наиболее высокие показатели роста штамма наблюдались при культивировании в среде без добавления NaCl, повышение содержания соли в среде культивирования до 3% приводило к незначительному снижению максимального значения ОП₆₀₀ (с 1.63 до 1.58) и удельной скорости роста. В присутствии 5% соли в среде наблюдалось существенное снижение накопления биомассы (ОП₆₀₀ = 1.15) и увеличение длительности лаг-фазы роста. Незначительный рост штамма наблюдался в среде с 7% NaCl (ОП₆₀₀ = 0.66) (табл. 1).

Таблица 1. Параметры роста штамма *Rhodococcus* sp. 5G1 в МСР на ДБФ (1 г/л) при разных концентрациях хлорида натрия

Ростовые характеристики	NaCl (%)			
	0	3	5	7
μ (ч ⁻¹)	0.047±0.003	0.036±0.002	0.034±0.003	0.018±0.001
Максимальное значение ОП ₆₀₀	1.63	1.58	1.15	0.66
Lag (ч)	16	21	41	41

Примечание: μ (ч⁻¹) – удельная скорость роста (ч⁻¹); Lag (ч) – длительность лаг-фазы роста.

Установлено, что штамм растет на высоких концентрациях ДБФ – до 20 г/л (максимальное значение ОП₆₀₀ = 1.40 ед.), при этом наиболее высокое накопление биомассы (ОП₆₀₀ = 1.64 ед.) наблюдалось при использовании ДБФ как субстрата в концентрации 15 г/л.

Более подробно изучена способность штамма 5G1 к росту в минеральной среде с повышенной концентрацией ДБФ (до 9 г/л), используемого в качестве субстрата. Показано, что повышение содержания ДБФ в среде не влияет на длительность подготовительной фазы. Рост штамма в среде с 9 г/л ДБФ сопровождался максимальными значениями ростовых параметров: ОП₆₀₀ = 2.43, тогда как в среде с 5 и 1 г/л ДБФ зафиксированы более низкие значения оптической плотности культуры - 2.14 и 1.57 соответственно. Удельная скорость роста штамма с увеличением концентрации ДБФ в ростовой среде незначительно снижалась, с 0.57 ч⁻¹ при 1 г/л, до 0.045 ч⁻¹ и 0.046 ч⁻¹ при 5 и 9 г/л ДБФ соответственно (табл. 2).

Таблица 2. Параметры роста штамма. *Rhodococcus* sp. 5G1 при разных концентрациях ДБФ

Параметры роста	ДБФ (г/л)		
	1	5	9
μ (ч ⁻¹)	0.027±0.003	0.025±0.001	0.030±0.003
Максимальное значение ОП ₆₀₀	1.57	2.14	2.43
Lag (h)	16	16	16

Примечание: μ (ч⁻¹) – удельная скорость роста (ч⁻¹); Lag (ч) – длительность лаг-фазы роста.

Изучена способность штамма к утилизации ДБФ в МСР в отсутствие в среде NaCl. В эксперименте с отмытыми клетками показано, что штамм 5G1 способен к разложению 51% ДБФ, используемого как субстрат в концентрации 0.2 г/л, к 72 ч культивирования (табл. 3), при этом удельная скорость утилизации составляла 0.24 сут⁻¹.

Таблица 3. Утилизация ДБФ штаммом *Rhodococcus* sp. 5G1

	Время (ч)			
	6	24	48	72
Утилизация (%)	31.8	33.0	42.1	51.03

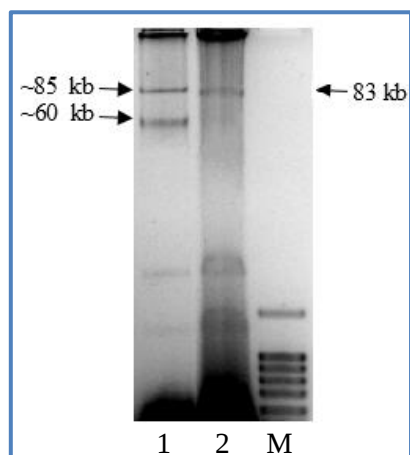


Рисунок 2. Электрофореграмма плазмидной ДНК штамма *Rhodococcus* sp. 5G1: 1 – 5G1; 2 – *Pseudomonas putida* SN11 (pSN11 83 kb); M – маркер O'GeneRuler™ 100 bp Plus DNA Ladder («Евроген», Россия).

При исследовании штамма 5G1 на наличие плазмидной ДНК методом щелочного лизиса показано присутствие в клетках штамма двух плазмид молекулярной массой ~85 т.п.н. и ~60 т.п.н (рис. 2).

ОБСУЖДЕНИЕ

К настоящему времени разложение фталатов, в частности ДБФ, изучено у бактерий разных таксонов, в том числе рода *Rhodococcus* [Jin *et al.* 2010; Jin *et al.* 2013; Hu *et al.* 2021]. Однако недостаточно изученной остается бактериальная деструкция ЭФК в условиях засоления среды, представленная лишь в единичных сообщениях. Так описан штамм *Rhodococcus ruber* YC-YT1, способный к деструкции ди-(2-этилгексил)фталата (ДЭГФ) и к росту при повышенном содержании соли в среде - до 12% NaCl [Yang *et al.* 2018]. Штамм

Gordonia hongkongensis RL-LY01 утилизирует ДЭГФ в присутствии до 12% NaCl [Ren *et al.* 2023]. Исследуемый нами галотолерантный штамм 5G1 способен к росту на ДБФ как без содержания соли, так и в присутствии до 7% NaCl в среде культивирования, что позволяет рассматривать его, как перспективный в биотехнологии очистки почв и стоков со сложным характером загрязнения. В большинстве исследований показано, что бактерии-деструкторы ЭФК, в том числе рода *Rhodococcus*, способны к росту на ДБФ в концентрации 1 г/л, реже – до 2 г/л, как описано для штаммов *Methylobacillus* sp. V29b, *Bacillus* sp. NCIM 5220 [Kumar *et al.* 2016; Patil 2005]. Штамм *Rhodococcus* sp. 5G1 растет на ДБФ в более высоких концентрациях – до 20 г/л.

Из литературы известно, что гены биodeградации ароматических соединений и фталатов у штаммов рода *Rhodococcus* могут иметь плазмидную локализацию [Kim *et al.* 2018; Choi *et al.* 2015]. Для ряда штаммов *Rhodococcus* spp. показано, что оперон, контролирующий деградацию *орто*-фталата до протокатеховой кислоты, локализован на плазмиде [Choi *et al.* 2015; Hu *et al.* 2021]. Полученные нами результаты позволяют предположить, что ферменты утилизации *орто*-фталата у штамма 5G1 также кодируются плазмидными генами.

Полученные результаты указывают на большой деградативный потенциал и перспективность использования штамма *Rhodococcus* sp. 5G1 в разработке биотехнологий очистки загрязненных фталатами почв и сточных вод, в том числе в условиях засоления.

ФИНАНСОВАЯ ПОДДЕРЖКА

Работа выполнена в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (124020500028–4).

Конфликт интересов (Conflicts of Interest)

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Корсакова Е.С., Пьянкова А.А., Плотникова Е.Г. (2023) Бактерии-деструкторы дибутилфталата, выделенные из ризосферы мятлика лугового (*Poa pratensis* L.) *Вестник Пермского университета. Серия Биология*. 4: 349–355. <https://doi.org/10.17072/1994-9952-2023-4-349-355>
- Нетрусов А.И. (ред.) (2005) Практикум по микробиологии. Учебное пособие для вузов. Академия. Москва: 608.
- Ястребова О.В., Пьянкова А.А., Назаров А.В., Нечаева Ю.И., Корсакова Е.С., Плотникова Е.Г. (2025) Деструкция дибутилфталата галотолерантным штаммом *Pseudarthrobacter* sp. NKDBFgelt. *Прикладная биохимия и микробиология*. 61(3): 283-293. <https://doi.org/10.31857/S0555109925030064>
- Choi K.Y., Kang B.S., Nam M.H., Sul W.J., Kim E. (2015) Functional identification of *OphR*, an *IclR* family transcriptional regulator involved in the regulation of the phthalate catabolic operon in *Rhodococcus* sp. strain DK17. *Indian Journal of Microbiology*. 55(3): 313–318. <https://doi.org/10.1007/s12088-015-0529-5>
- He Z., Niu C., Lu Z. (2014) Individual or synchronous biodegradation of di-n-butyl phthalate and phenol by *Rhodococcus ruber* strain DP-2. *Journal of Hazardous Materials*. 273: 104–109. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2014.03.033>
- Hu R., Zhao H., Xu. X., Wang Z., Yu K., Shu L., Yan Q., Wu B., Mo C., He Z. (2021) Bacteria-driven phthalic acid ester biodegradation: Current status and emerging opportunities. *Environment International*. 154: 106560. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2021.106560>
- Jin, D.-C., Liang R.-X., Dai Q.-Y., Zhang R.-Y., Wu X.-L., Chao W.-L. (2010) Biodegradation of di-n-butyl phthalate by *Rhodococcus* sp. JDC-11 and molecular detection of 3,4-phthalate dioxygenase gene. *Journal of Microbiology and Biotechnology*. 20(10): 1440–1445. <https://doi.org/10.4014/jmb.1004.04034>
- Jin D., Kong X., Cui B., Bai Z., Zhang H. (2013) Biodegradation of di-n-butyl phthalate by a newly isolated halotolerant *Sphingobium* sp. *International Journal of Molecular Sciences*. 14(12): 24046–24054. <https://doi.org/10.3390/ijms141224046>
- Kashyap D., Agarwal T. (2018) Concentration and factors affecting the distribution of phthalates in the air and dust: A global scenario. *Science of The Total Environment*. 635: 817–827. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.04.158>
- Kim D., Choi K.Y., Yoo M., Zylstra G.J., Kim E. (2018) Biotechnological potential of *Rhodococcus* biodegradative pathways. *Journal of Microbiology and Biotechnology*. 28(7): 1037–1051. <https://doi.org/10.4014/jmb.1712.12017>
- Kumar V., Maitra S.S. (2016) Biodegradation of endocrine disruptor dibutyl phthalate (DBP) by a newly isolated *Methylobacillus* sp. V29b and the DBP degradation pathway. *3 Biotech*. 6(2): 200. <https://doi.org/10.1007/s13205-016-0524-5>
- Lane D.J. 16S/23S rRNA sequencing. In: Stackebrandt E., Goodfellow M. (eds.) *Nucleic acid techniques in bacterial systematics*. John Wiley & Sons. Chichester: 115–175.
- Marko M.A. Chipperfield R., Birnboim H.C. (1982) A procedure for the large-scale isolation of highly purified plasmid DNA using alkaline extraction and binding to glass powder. *Analytical Biochemistry*. 121(2): 382–387. [https://doi.org/10.1016/0003-2697\(82\)90497-3](https://doi.org/10.1016/0003-2697(82)90497-3)
- Patil N.K., Karegoudar T.B. (2005) Parametric studies on batch degradation of a plasticizer di-n-butylphthalate by immobilized *Bacillus* sp. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*. 21(8–9): 1493–1498. <https://doi.org/10.1007/s11274-005-7369-0>

- Raymond R.L. (1961) Microbial oxidation of n-parafinichydrocarbons. *Developments in Industrial Microbiology*. 2(1): 23–32.
- Ren L., Weng L., Chen D., Hu H., Jia Y., Zhou J.L. (2023) Bioremediation of PAEs-contaminated saline soil: The application of a marine bacterial strain isolated from mangrove sediment. *Marine Pollution Bulletin*. 192: 115071. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2023.115071>
- Xu X.-R., Li H.-B., Gu J.-D. (2007) Metabolism and biochemical pathway of n-butyl benzyl phthalate by *Pseudomonas fluorescens* B-1 isolated from a mangrove sediment. *Ecotoxicology and Environmental Safety*. 68(3): 379–385. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2006.11.012>
- Yang T.L., Ren L., Jia Y., Fan S., Wang J. (2018) Biodegradation of di-(2-ethylhexyl) phthalate by *Rhodococcus ruber* YC-YT1 in contaminated water and soil. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. 15(5): 964. <https://doi.org/10.3390/ijerph15050964>

REFERENCES

- Korsakova E.S., Pyankova A.A., Plotnikova E.G. (2023) Dibutyl phthalate-degrading bacteria isolated from the rhizosphere of meadow bluegrass (*Poa pratensis* L.) *Bulletin of Perm University. Series Biology*. 4: 349–355. <https://doi.org/10.17072/1994-9952-2023-4-349-355> (In Rus.)
- Yastrebova O.V., Pyankova A.A., Nazarov A.V., Nechaeva Yu.I., Korsakova E.S., Plotnikova E.G. (2025) Destruction of dibutyl phthalate by a halotolerant strain of *Pseudarthrobacter* sp. NKDBFgelt. *Applied Biochemistry and Microbiology*. 61(3): 283–293. <https://doi.org/10.31857/S0555109925030064> (In Rus.)
- Netrusov A.I. (ed.) (2005) Workshop on microbiology. Textbook for universities. Academy. Moscow: 608. (In Rus.)
- Choi K.Y., Kang B.S., Nam M.H., Sul W.J., Kim E. (2015) Functional identification of *OphR*, an *IclR* family transcriptional regulator involved in the regulation of the phthalate catabolic operon in *Rhodococcus* sp. strain DK17. *Indian Journal of Microbiology*. 55(3): 313–318. <https://doi.org/10.1007/s12088-015-0529-5>
- He Z., Niu C., Lu Z. (2014) Individual or synchronous biodegradation of di-n-butyl phthalate and phenol by *Rhodococcus ruber* strain DP-2. *Journal of Hazardous Materials*. 273: 104–109. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2014.03.033>
- Hu R., Zhao H., Xu X., Wang Z., Yu K., Shu L., Yan Q., Wu B., Mo C., He Z. (2021) Bacteria-driven phthalic acid ester biodegradation: Current status and emerging opportunities. *Environment International*. 154: 106560. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2021.106560>
- Jin, D.-C., Liang R.-X., Dai Q.-Y., Zhang R.-Y., Wu X.-L., Chao W.-L. (2010) Biodegradation of di-n-butyl phthalate by *Rhodococcus* sp. JDC-11 and molecular detection of 3,4-phthalate dioxygenase gene. *Journal of Microbiology and Biotechnology*. 20(10): 1440–1445. <https://doi.org/10.4014/jmb.1004.04034>
- Jin D., Kong X., Cui B., Bai Z., Zhang H. (2013) Biodegradation of di-n-butyl phthalate by a newly isolated halotolerant *Sphingobium* sp. *International Journal of Molecular Sciences*. 14(12): 24046–24054. <https://doi.org/10.3390/ijms141224046>
- Kashyap D., Agarwal T. (2018) Concentration and factors affecting the distribution of phthalates in the air and dust: A global scenario. *Science of The Total Environment*. 635: 817–827. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.04.158>

- Kim D., Choi K.Y., Yoo M., Zylstra G.J., Kim E. (2018) Biotechnological potential of *Rhodococcus* biodegradative pathways. *Journal of Microbiology and Biotechnology*. **28**(7): 1037–1051. <https://doi.org/10.4014/jmb.1712.12017>
- Kumar V., Maitra S.S. (2016) Biodegradation of endocrine disruptor dibutyl phthalate (DBP) by a newly isolated *Methylobacillus* sp. V29b and the DBP degradation pathway. *3 Biotech*. **6**(2): 200. <https://doi.org/10.1007/s13205-016-0524-5>
- Lane D.J. 16S/23S rRNA sequencing. In: *Stackebrandt E., Goodfellow M. (eds.) Nucleic acid techniques in bacterial systematics*. John Wiley & Sons. Chichester: 115–175.
- Marko M.A. Chipperfield R., Birnboim H.C. (1982) A procedure for the large-scale isolation of highly purified plasmid DNA using alkaline extraction and binding to glass powder. *Analytical Biochemistry*. **121**(2): 382–387. [https://doi.org/10.1016/0003-2697\(82\)90497-3](https://doi.org/10.1016/0003-2697(82)90497-3)
- Patil N.K., Karegoudar T.B. (2005) Parametric studies on batch degradation of a plasticizer di-n-butylphthalate by immobilized *Bacillus* sp. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*. **21**(8–9): 1493–1498. <https://doi.org/10.1007/s11274-005-7369-0>
- Raymond R.L. (1961) Microbial oxidation of n-parafinichydrocarbons. *Developments in Industrial Microbiology*. **2**(1): 23–32.
- Ren L., Weng L., Chen D., Hu H., Jia Y., Zhou J.L. (2023) Bioremediation of PAEs-contaminated saline soil: The application of a marine bacterial strain isolated from mangrove sediment. *Marine Pollution Bulletin*. **192**: 115071. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2023.115071>
- Xu X.-R., Li H.-B., Gu J.-D. (2007) Metabolism and biochemical pathway of n-butyl benzyl phthalate by *Pseudomonas fluorescens* B-1 isolated from a mangrove sediment. *Ecotoxicology and Environmental Safety*. **68**(3): 379–385. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2006.11.012>
- Yang T.L., Ren L., Jia Y., Fan S., Wang J. (2018) Biodegradation of di-(2-ethylhexyl) phthalate by *Rhodococcus ruber* YC-YT1 in contaminated water and soil. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. **15**(5): 964. <https://doi.org/10.3390/ijerph15050964>

Цитировать как

Ястребова О.В., Назаров А.В. (2025). Характеристика штамма-деструктора дибутилфталата *Rhodococcus* sp. 5G1. *Экобиотех* **8**(3): 415-422. DOI: [10.31163/2618-964X/2025-29](https://doi.org/10.31163/2618-964X/2025-29) EDN: TRSTYD

Cited as

Yastrebova O.V., Nazarov A.V. (2025). Characteristics of *Rhodococcus* sp. 5G1, a halotolerant dibutyl phthalate-degrading strain. *Ecobiotech*. **8**(3): 415-422. DOI: [10.31163/2618-964X/2025-29](https://doi.org/10.31163/2618-964X/2025-29) EDN: TRSTYD (In Rus.)

Сведения об авторах

Ольга Викторовна Ястребова, к.б.н., Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН – филиал Пермского федерального исследовательского центра УрО РАН, Пермь, Россия, E-mail: olyastr@mail.ru, SPIN: [7045-8341](https://orcid.org/0000-0003-4997-8341), ORCID: [0000-0003-4997-6525](https://orcid.org/0000-0003-4997-6525)

Алексей Владимирович Назаров, к.б.н., Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН – филиал Пермского федерального исследовательского центра УрО РАН, Пермь, Россия, E-mail: nazarov@iegm.ru, SPIN: [8545-1868](https://orcid.org/0000-0003-4753-4061), ORCID: [0000-0003-4753-4061](https://orcid.org/0000-0003-4753-4061), WoS: B-2734-2014

Information About the Authors

Olga Viktorovna Yastrebova, PhD, Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms, UB RAS – branch of the Perm Federal Research Center, UB RAS, Perm, Russia, E-mail: olyastr@mail.ru, SPIN: [7045-8341](https://orcid.org/0000-0003-4997-8341), ORCID: [0000-0003-4997-6525](https://orcid.org/0000-0003-4997-6525)

Aleksey Vladimirovich Nazarov, PhD, Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms, UB RAS – branch of the Perm Federal Research Center, UB RAS, Perm, Russia, E-mail: nazarov@iegm.ru, SPIN: [8545-1868](https://orcid.org/0000-0003-4753-4061), ORCID: [0000-0003-4753-4061](https://orcid.org/0000-0003-4753-4061), WoS: B-2734-2014