

УДК 576.85

ХАРАКТЕРИСТИКА БЕЛКОВ, СИНТЕЗИРУЕМЫХ ВОДОРОДОКИСЛЯЮЩИМИ МИКРООРГАНИЗМАМИ

© 2010 г. Т. Г. Волова*, В. А. Барашков**

*Институт биофизики СО РАН, Красноярск 660036
e-mail: volova45@mail.ru

** Сибирский федеральный университет, Красноярск
Поступила в редакцию 17.09.2009 г.

Исследованы белки, синтезируемые водородоокисляющими микроорганизмами — водородными бактериями *Alcaligenes eutrophus* Z1 и *Ralstonia eutropha* B5786, СО-резистентным штаммом карбоксидобактерий *Seliberia carboxydohydrogena* Z1062. Показано, что белки водородоокисляющих микроорганизмов по ряду основных показателей, характеризующих биологическую ценность, занимают промежуточное положение между традиционными белками животного и растительного происхождения. Высокое общее содержание белка в биомассе, полноценный аминокислотный состав и доступность воздействию протеолитическими ферментами позволяют рассматривать водородоокисляющие микроорганизмы в качестве потенциального источника белка.

Изыскание эффективных способов увеличения ресурсов белковых веществ для различных сфер применения является одной из основных задач научно-технического прогресса. Микробиологический синтез — эффективный способ получения белка, который по сравнению с традиционными сельскохозяйственными технологиями с большей эффективностью использует материальные и энергетические ресурсы, не требует больших земельных площадей, не зависит от климатических и погодных условий и не загрязняет среду ядохимикатами. Использование биохимической деятельности микроорганизмов, способных ассимилировать широкий спектр химических соединений и синтезировать биомассу высокой биологической ценности, составляет основу микробиологических производств. В 70-е—80-е годы прошлого столетия повсеместно, в том числе и в СССР, разрабатывались микробиологические технологии синтеза белка одноклеточных на газообразных и жидких углеводородах, спиртах, природном газе, водороде и др.

В настоящее время наблюдается значительная активизация работ по этому направлению [1]. В качестве продуцента белковых веществ активно исследуются различные одноклеточные микроорганизмы и разнообразные субстраты: бактерии *Cellulomonas biazotea*, выращиваемые на обработанных гидролизатах травы *Leptochloa fusca* [2], ассоциация *Methylococcus capsulatus* с гетеротрофными бактериями, продуцирующая высокобелковую биомассу на метане [3], микроводоросли *Spirulina* [4], дрожжи *Candida langeronii*, культивируемые на гидролизате жмыха сахарного тростника [5], *Cryptococcus aureus*, утилизирующая экстракты топинамбура и гидролизаты соевой муки [6, 7], *Debaryomyces hansenii*, куль-

тивируемая на солодовых отходах пивоваренного производства [8], и многие другие.

Перспективность водородоокисляющих бактерий по сравнению с другими разрабатываемыми продуцентами белка определяется их автотрофией, следовательно, независимостью от дефицитных источников органического сырья, быстрым ростом (время удвоения 2.0–2.5 ч), высоким содержанием полноценного по аминокислотному составу белка (до 60–70%), отсутствием внеклеточных промежуточных продуктов обмена органической природы (единственный побочный продукт процесса окисления водорода — вода), высокой экологической чистотой процесса производства и получаемого продукта, а также возможностью роста на водороде различного происхождения, включая продукты переработки углеродистого топлива. В Институте биофизики СО РАН в 80-х годах были разработаны научные основы биотехнологии водородоокисляющих микроорганизмов: сконструировано и введено в строй опытное производство, проведены эксперименты на сельскохозяйственных животных, а также пушных зверях, получавших в составе рационов биомассу водородных бактерий (БВБ). Было показано, что БВБ пригодна для включения в рационы в пределах 25–50% квоты животного белка в зависимости от вида и возрастных особенностей животных [9, 10].

Цель работы — исследование действий протеолитических ферментов, аминокислотного и фракционного состава белков, синтезируемых водородоокисляющими бактериями.

МЕТОДИКА

Исследованы штаммы водородоокисляющих микроорганизмов из коллекции литотрофных

Таблица 1. Химический состав биомассы водородоокисляющих бактерий

Культура	Биомасса, % к сухому веществу клетки			
	“сырой” протеин	РНК + ДНК	углеводы	липиды
<i>A. eutrophus</i> Z1	74.2	12.8	5.0	6.0
<i>S. carboxydohydrogena</i> Z1062	71.3	11.2	6.7	9.1
<i>R. eutropha</i> B5786	75.6	12.3	6.4	7.2

культур Института микробиологии им. С.Н. Виноградского РАН, переданные Институту биофизики СО РАН академиком Г.А. Заварзиным: водородные бактерии *Alcaligenes eutrophus* Z1 [11] и СО-резистентный штамм карбоксидобактерий *Seliberia carboxydohydrogena* Z1062 [12]; *Ralstonia eutropha* B5786, являющийся быстрорастущим вариантом штамма Z1, отселектированным по скорости роста в непрерывной культуре [13].

Культивирование бактерий проводили в строго стерильном проточном режиме с использованием автоматизированного ферментационного комплекса BioFlo 110 (“New Brunswick”, США) объемом 15 л, который позволяет реализовать асептический режим при стабилизации основных параметров культуры (рН, температура, концентрация кислорода и азота в культуре) на минеральной солевой среде следующего состава (г/л): $\text{Na}_2\text{HPO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O} - 9.1$, $\text{KH}_2\text{PO}_4 - 1.5$; $\text{MgSO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O} - 0.2$, $\text{Fe}_3\text{C}_6\text{H}_5\text{O}_7 \cdot 7\text{H}_2\text{O} - 0.25$, $\text{NH}_4\text{Cl} - 0.2 - 1.0$. Стандартный раствор микроэлементов по Хоагланду вносили из расчета 3 мл на 1 л питательной среды, который содержал: $\text{H}_3\text{BO}_3 - 0.228$, $\text{CoCe}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O} - 0.030$, $\text{CuSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O} - 0.008$, $\text{MnCe}_2 \cdot 4\text{H}_2\text{O} - 0.008$, $\text{ZnSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O} - 0.176$, $\text{NaMoO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O} - 0.050$, $\text{NiCe}_2 - 0.008$ (г/л). Коэффициент заполнения ферментера составлял от 0.3 до 0.5; число оборотов мешалки 1000 (об/мин).

В качестве источника углерода и энергии использовали смесь газов (CO_2 , H_2 , O_2) с соотношением компонентов как 1 : 2 : 7 по объему. СО-резистентный штамм Z1062 культивировали на аналогичной газовой смеси, содержащей в качестве дополнительного источника монооксид углерода в концентрации до 20 об. %. Газовую смесь с помощью компрессора мембранного типа непрерывно прокачивали через культуру с расходом 10–14 л/мин. Контроль состава газовой смеси проводили в непрерывном режиме с помощью серийных газоанализаторов, а также на хроматографе ЛХМ-80 МД (“Хроматограф”, Россия) (детектор – катарометр, газ-носитель – аргон).

Биомассу бактерий дважды отмывали дистиллированной водой и лиофильно высушивали. Содержание в биомассе бактерий липидов, общего азота, углеводов и нуклеиновых кислот проводили общепринятыми методами; наличие полигидроксипурирата определяли на хромато-масс-спектрометре GSD plus (“Hewlett Packard”, США) после предварительного метанолиза пробы.

Анализировали общее содержание белка в биомассе, его фракционный и аминокислотный состав, переваримость протеолитическими ферментами *in vitro*. В качестве объектов сравнения параллельно исследованы биологическая ценность микроводоросли *Chlorella*, белка растительного происхождения (зерно пшеницы, сорт 232, выращенной в полевых условиях), казеин (в качестве белка животного происхождения).

Гидролиз белков проводили в 6 н. HCl в течение 22 ч при 110°C. Аминокислотный состав белков определяли на автоматическом анализаторе KLA-38 (“Chitachi”, Япония). Метионин и цистин определяли в отдельной пробе белка после предварительного его окисления надмуравьиной кислотой [14]. Разделение белков на фракции и изучение их фракционного состава выполняли на основе известных данных о различной растворимости клеточных белков в щелочных и солевых растворах; обработку белков проводили при 65°C с использованием следующих растворов: 0.03 М раствор KCl (I), 0.6 М раствор KCl + 0.04 М NaHCO_3 + 0.01 М Na_2CO_3 (II), 0.1 М раствор NaOH (III) и 1.0 М раствор NaOH (IV).

Атакуемость белковых фракций, выделенных из биомассы бактерий, определяли по методу Покровского–Ертанова с использованием протеолитических ферментов [15]. О степени протеолиза судили по увеличению содержания аминного азота в смеси, полученной после обработки белков ферментами, и выражали его в процентах, за 100% принимали содержание белка в продукте. Исследование проводили в течение 6 ч; первые 3 ч белки обрабатывали пепсином; последующие 3 ч – трипсином.

Статистическую обработку результатов осуществляли общепринятыми методами с использованием стандартного пакета программ Microsoft Excel.

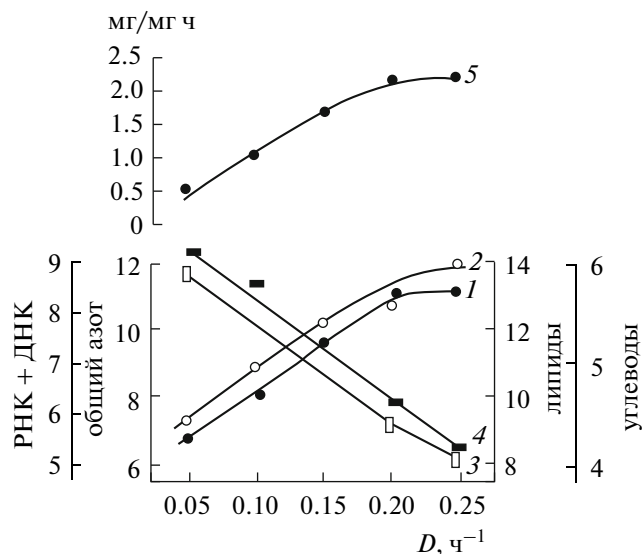
РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Исходя из того, что критериями для оценки эффективности синтеза белка одноклеточных являются общий урожай и химический состав биомассы, содержание в ней общего белка и аминокислот [1], были исследованы эти показатели у 3 штаммов водородоокисляющих бактерий. Биомасса всех штаммов в основном содержит азотсодержащие компоненты (белки и нуклеиновые кислоты) и в незначительных количествах – углеводы и липиды (табл. 1). Увеличе-

ние скорости роста приводило к повышению внутриклеточной концентрации азотсодержащих компонентов у штаммов; значительное увеличение этих фракций зарегистрировано при изменении скорости протока среды в диапазоне от 0.15 до 0.30 ч⁻¹. Дальнейшее повышение скорости протока не влияло существенно на синтез белка. На рисунке на примере штамма Z1062 показано влияние скорости роста бактерий на химический состав биомассы (для штаммов Z1 и B5786 получены аналогичные зависимости). Концентрация нуклеиновых кислот с увеличением скорости разбавления также возрастала. Увеличение количества нуклеиновых кислот в основном происходило за счет усиления синтеза РНК, так как содержание ДНК при всех скоростях разбавления было постоянным и составляло 2.5–3.0%. Усиление образования белка в клетке с возрастанием скорости роста предполагает повышение активности рибосом — места синтеза белка. Белоксинтезирующая активность РНК бактерий с увеличением скорости роста закономерно возрастала (рисунок). Синтез запасных веществ, углеводов и липидов с увеличением скорости роста, напротив, снижался. Содержание этих полимеров было максимальным при низких скоростях роста. В быстрорастущей проточной культуре, когда в клетках максимально активен синтез белка, концентрация липидов и углеводов снижалась на 35–40% от исходных значений, до 4.0 и 8.2% соответственно. В проточной культуре при значениях удельной скорости роста бактерий, выше 0.15 ч⁻¹, запасных макромолекул типа полимера гидроксимасляной кислоты в клетках не накапливалось. С точки зрения биологической ценности, химический состав исследованных бактерий с увеличением скорости роста становился более благоприятным.

Одним из первичных показателей биологической ценности микробной биомассы является суммарное содержание белков и распределение в них аминокислот, в том числе незаменимых. Результаты сопоставления аминокислотного состава белков штаммов B5786, Z1 и Z1062 с белками одноклеточных водорослей, дрожжей и с полноценными белками животного происхождения (казеин) представлены в табл. 2, из которой видно, что белки водородокисляющих бактерий, дрожжей и микроводорослей по аминокислотному составу близки к казеину. Однако, если по содержанию незаменимых аминокислот водородные бактерии близки дрожжам, то по общему содержанию белков в биомассе (в процентах на вес сухой массы) различия значительны. Для дрожжей эта величина ($N_{\text{общий}} \times 6.25$) составляет в среднем 50%, для водородокисляющих бактерий — 70%.

Сумма незаменимых аминокислот у всех изученных штаммов превышала содержание незаменимых аминокислот в зерне (более чем на 10%) и была близка к данному показателю у казеина. Белки всех штаммов обладают полноценным аминокислотным составом, представленным Лиз, Гис, Арг, Асп, Глу, Тре, Сер, Про, Гли, Ала, Цис, Вал, Мет, Изо,



Зависимость химического состава карбоксидобактерий *S. carboxydohydrogena* Z1062 от скорости протока среды (D , ч⁻¹): 1 — общий азот, 2 — РНК + ДНК, 3 — липиды, 4 — углеводы (% от сухого вещества клетки); 5 — белоксинтезирующая активность (мг/мг ч).

Лей, Тир, Фен в значительных количествах. Исследованные белки богаты незаменимыми аминокислотами (содержание их в общей фракции составляет до 40%).

В табл. 3 представлены значения химического подсчета, рассчитанные согласно стандартной шкале, разработанной Продовольственной и сельскохозяйственной организацией ООН (шкала ФАО). Химический подсчет (скор) основан на сравнении аминокислотного состава белка оцениваемого продукта с аминокислотным составом стандартного (идеального) белка, он отражает содержание каждой незаменимой аминокислоты в белке, выраженное в процентах от содержания этой аминокислоты в эталонной шкале, или в равном количестве стандартного белка. Благоприятное распределение незаменимых аминокислот характерно для всех исследованных белков. Это является показателем высокого качества исследованных белков в целом. Лимитируют биологическую ценность белков, синтезируемых водородокисляющими бактериями, серосодержащие аминокислоты и изолейцин, при этом отмечено также, что со шкалой ФАО белки содержат некоторый избыток треонина и ароматических аминокислот. По сравнению с традиционными пищевыми белками животного (казеин) и растительного (пшеница) происхождения белки водородокисляющих бактерий по содержанию и распределению аминокислот ближе к казеину. Это свидетельствует о высокой биологической ценности исследованных белков.

Нельзя не отметить, что при всей важности показателей, информация об общем содержании белков и их аминокислотном составе не позволяют получить

Таблица 2. Аминокислотный состав белков

Аминокислота, % от сухого вещества клетки	Штамм водородокисляющих бактерий			Дрожжи	Водоросли	Казеин (стандарт)
	Z1	Z1062	B5786			
Лизин	7.02	8.61	9.20	7.02	5.98	7.33
Гистидин	1.96	2.48	1.40	1.96	1.81	2.20
Аргинин	7.30	8.00	7.50	7.30	7.74	3.19
Аспарагиновая	10.08	9.57	9.10	10.08	9.49	7.11
Треонин	5.29	4.52	5.20	5.29	4.88	4.22
Серин	4.02	3.47	4.80	4.02	4.86	5.72
Глютаминовая	12.56	11.17	9.30	12.56	13.12	22.20
Пролин	4.58	3.46	0.80	4.58	5.74	10.41
Глицин	6.05	5.47	10.20	6.05	6.34	1.88
Аланин	9.07	8.80	13.40	9.07	9.18	2.96
Цистин	0.56	-	0.30	0.56	1.37	0.42
Валин	6.38	7.13	7.50	6.38	5.41	5.72
Метионин	2.63	2.69	0.40	2.63	2.16	2.47
Изолейцин	4.47	4.58	4.50	4.47	3.55	4.10
Лейцин	8.60	8.52	8.70	8.60	8.91	9.39
Тирозин	3.62	3.26	2.40	3.62	3.13	4.75
Фенилаланин	4.42	3.96	3.60	4.42	4.41	4.62
Триптофан	1.40	1.24	1.16	1.40	1.58	1.32
Сумма аминокислот, %	100.01	96.93	99.46	100.01	99.66	100.01

полное представление о питательной ценности продукта. Анализы аминокислотного состава свидетельствуют лишь об относительно потенциальной пищевой пригодности белка, так как набор аминокислот, полученный после кислотного гидролиза, не всегда соответствует набору физиологически доступных аминокислот. Для оценки биологической ценности белкового продукта необходимо учитывать также соответствие и доступность белков действию протеолитических ферментов. Последнее определяется типом белков (запасные, транспортные, структурные и тому подобное) и их соотношением в клетке, прочностью клеточной оболочки и ее составом, происхождением белков (растительные, животные, бактериальные). Белковый состав клетки неоднороден. Наряду с растворимыми белками цитоплазмы (альбумин, глобулины, белки-ферменты, нуклеопротеиды), клетка содержит белки, связанные с ее структурными элементами (липопротеиды, гликопротеолитиды клеточной стенки и мембраны) [16].

Важным показателем, определяющим биологическую ценность белка, является фракционный состав. Результаты сравнительного исследования фракций белка и содержания в них аминокислот у водородокисляющих бактерий, мясе и зерне пшеницы представлены в табл. 4. Фракционирование основано на различной растворимости клеточных

белков в солевых и щелочных растворах. Бактериальные белки по фракционному составу существенно отличаются от традиционных белков. В отличие от мяса, для которого до 80% приходится на фракции I и II (наиболее доступные пищеварительным ферментам), для белков водородокисляющих бактерий характерно иное распределение. Только половина белков представлена фракциями I и II, и

Таблица 3. Химический подсчет белков, синтезируемых водородокисляющими бактериями, рассчитанный согласно шкале ФАО

Аминокислота	Штамм водородокисляющих бактерий		
	Z1	Z1062	B5786
Лизин	103	101	100
Треонин	116	121	120
Валин	89	96	103
Цистин + Метионин	79	75	87
Изолейцин	83	80	85
Лейцин	103	101	106
Тирозин + Фенилаланин	119	116	114

Таблица 4. Фракционный состав белков

Тип белка	Общее содержание, % от сухого вещества клетки	Фракционный состав белков, % от общего количества белка			
		I	II	III	IV
Мясо	76.1 ± 3.2	30.5 ± 0.7	52.2 ± 0.7	16.6 ± 0.8	0.6 ± 0.1
Зерно пшеницы	15.2 ± 0.8	25.9 ± 0.9	16.1 ± 0.9	39.0 ± 3.4	19.0 ± 0.4
Водородные бактерии, штамм					
Z1	69.4 ± 1.2	28.0 ± 0.8	24.8 ± 0.8	32.8 ± 1.4	4.4 ± 0.1
Z1062	64.0 ± 1.4	29.0 ± 0.2	23.0 ± 0.2	33.0 ± 2.8	6.0 ± 0.9
B5786	68.0 ± 0.3	30.0 ± 2.2	31.0 ± 3.4	30.0 ± 2.7	7.0 ± 1.0

Таблица 5. Атакуемость белков протеолитическими ферментами in vitro

Белок	Протеолиз белков, %				
	пепсин			трипсин	
	1 ч	2 ч	3 ч	5 ч	6 ч
Штамм					
Z1	21.8	36.6	39.6	43.0	44.0
Z1062	20.9	35.9	40.1	40.6	41.2
B5786	22.5	37.0	37.9	42.8	43.1
Казеин	23.0	43.5	44.0	54.1	55.0
Зерно пшеницы	19.9	23.3	25.0	32.0	32.3

столько же приходится на фракции III и IV (в основном во фракции III). Это структурные белки, экстрагирующиеся щелочью, которые менее доступны протеазам, следовательно, хуже перевариваются, чем белки фракций I и II. Таким образом, по этому показателю белки, синтезируемые водородоокисляющими микроорганизмами, несколько уступают животным белкам, но превосходят белки растительного происхождения.

Следующим важным показателем биологической ценности белков является атакуемость протеолитическими ферментами. Изучение атакуемости исследуемых белков протеазами проводят в сравнении с белками, обладающими высокой усвояемостью в организме человека и животных. Такой метод оценки позволяет учесть роль структурной организации клеточных компонентов, влияние технологических операций предварительной обработки на доступность белка.

Результаты, представленные в табл. 5, показывают, что переваримость белков водородоокисляющих бактерий у 3 штаммов практически одинакова и несколько ниже, чем у казеина, однако превосходит данный показатель у белков пшеницы. При этом установлено, что солерастворимые белки, синтезируемые водородоокисляющими микроорганизмами, атакуются пепсином лучше, чем казеин, а их переваримость в результате последовательного действия

пепсина и трипсина близка к переваримости казеина. Однако следует отметить, что структурные белки бактерий в результате последовательного действия пепсина и трипсина переваривались не более, чем на 50% от атакуемости казеина.

Исследование продуктов протеолиза белков, синтезированных водородоокисляющими микроорганизмами, показало, что после обработки белков пепсином образуется гетерогенная смесь белков, пептидов и свободных аминокислот, в которой доминируют белки с молекулярной массой (ММ) порядка 30 кДа и крупные полипептиды с ММ 8 кДа. Хроматографический анализ белковых продуктов, образованных в результате обработки исходных бактериальных белков трипсином, свидетельствует о выраженных процессах деградации белковых структур под воздействием этого фермента. Так, через 0.5 ч протеолиза основная часть белков имела ММ около 10.5 кДа, а спустя 4 ч распределение по ММ было сдвинуто в сторону более низких значений, до 7.3 кДа. При этом отмечено увеличение фракции свободных аминокислот от 1.2% после 0.5 ч протеолиза до 4.6% после 4 ч.

Этими исследованиями показано, что белки водородоокисляющих микроорганизмов по ряду основных показателей, характеризующих биологическую ценность, занимают промежуточное положение между традиционными белками животного и растительного

происхождения. Высокое общее содержание белка в биомассе этих микроорганизмов, полноценный аминокислотный состав и доступность воздействию протеолитическими ферментами позволяют рассматривать водородоокисляющие микроорганизмы в качестве потенциального источника белка.

Работа выполнена при финансовой поддержке Целевой программы Министерства образования и науки РФ “Развитие научного потенциала высшей школы” (проект № 2.1.1/4056) и Программы интеграционных исследований Президиума СО РАН (проект № 96).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Patil R.S., Ghromade V., Deshpander M.V. // *Enzyme Microb. Technol.* 2000. V. 26. № 2. P. 473–483.
2. Rajoka M.I. *World J. Microbiol. Biotechnol.* 2005. V. 21. № 1. P. 207–211.
3. Bothe Harold, Jensen K.M., Mergel A., Larsen J., Jengersen C., Bothe Herman, Jengersen L. // *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 2002. V. 59. № 1. P. 33–39.
4. Shimamatsu H. // *Hydrobiologia.* 2004. V. 52. № 1. P. 39–44.
5. Nigan J.N., *World J.* // *Microbiol. Biotechnol.* 2000. V. 16. P. 367–372.
6. Gao L., Chi Z., Sheng J., Ni X. // *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 2007. V. 77. № 4. P. 825–832.
7. Zhang T., Chi Z., Sheng J. // *Marine Biotechnol.* 2009. V. 11. № 1. P. 208–286.
8. Duarte L., Carvalho F., Lopes S., Neves I., Gírio F. // *Appl. Biochem. Biotechnol.* 2008. V. 148. № 1–3. P. 119–129.
9. Волова Т.Г. Биосинтез на водороде. Новосибирск: Наука, 2004. 287 с.
10. Производство белка на водороде / Ред. И.И. Гительзон. Новосибирск: Наука, 1980. 150 с.
11. Савельева Н.Д., Жилина Т.Н. // *Микробиология.* 1968. Т. 37. № 1. С. 84–91.
12. Санжиева Э.У., Заварзин Г.А. // *Докл. АН СССР.* 1971. Т. 196. С. 956–959.
13. Стасишина Г.Н., Волова Т.Г. Патент РФ. № 2053292 // БИ. 1996. № 1.
14. Алексеенко Л.Н. Современные методы в биохимии. М.: Медицина, 1964. Ч. 1. С. 129–130.
15. Покровский А.А., Ертанов И.Д. // *Вопросы питания.* 1965. № 3. С. 38–42.
16. Ткаченко В.В., Рылкин С.С., Шкидченко А.Н., Стеркин В.Э. // *Микробиология.* 1971. Т. 40. № 3. С. 651–655.

Characteristics of Proteins Synthesized by Hydrogen-Oxidizing Microorganisms

T. G. Volova^a and V. A. Barashkov^b

^a Institute of Biophysics, Siberian Branch, Russian Academy of Sciences, Krasnoyarsk, 660036 Russia

^b Siberian Federal University, Krasnoyarsk, 660036 Russia

e-mail: volova45@mail.ru

Received September 17, 2009

Abstract—The study was conducted to determine the biological value of proteins synthesized by hydrogen-oxidizing microorganisms—the hydrogen bacteria *Alcaligenes eutrophus* Z1 and *Ralstonia eutropha* B5786 and the CO-resistant strain of carboxydobacterium *Seliberia carboxydohydrogena* Z1062. Based on a number of significant parameters characterizing the biological value of a product, the proteins of hydrogen-oxidizing microorganisms have been found to occupy an intermediate position between traditional animal and plant proteins. The high total protein in biomass of these microorganisms, their complete amino acid content, and availability to proteolytic enzymes allow for us to consider these microorganisms as potential protein producers.