

МИКРОБИОЛОГИЯ

УДК 579.695:579.262:579.222.2

О. В. Ястребова^a, А. О. Воронина^a, Л. Н. Ананьина^a, Е. С. Корсакова^{a,b},
Е. Г. Плотникова^{a,b}

^a Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РФУ - филиал ПФИЦ УрО РАН, Пермь, Россия

^b Пермский государственный национальный исследовательский университет, Пермь, Россия

МИКРОБНОЕ СООБЩЕСТВО ТЕХНОГЕННОЗАГРЯЗНЕННОГО ГРУНТА РАЙОНА СОЛЕРАЗБОТОК (Г. БЕРЕЗНИКИ)

С использованием молекулярно-генетических методов проведено исследование структуры микробного сообщества грунта, расположенного вблизи солеотвала БКПРУ-3 предприятия ПАО «Уралкалий» (г. Березники, Пермский край). Методом ПЦР-РВ фрагментов гена 16S рРНК в тотальной ДНК исследуемого образца грунта выявлено наличие бактериальных генов 16S рРНК в количестве 6.6×10^{11} ($\pm 8.87 \times 10^7$) копий гена на 1 г грунта, а также доминирование грамотрицательных бактерий. ДГГЭ-анализ генов 16S рРНК, амплифицированных с тотальной ДНК, выявил, что бактериальные сообщества накопительных культур, полученных на бифениле и орто-фталате, существенно различаются между собой, а также отличаются от исходного сообщества образца грунта как по составу, так и наличием доминирующих видов. Установлено, что в полученных НК доминировали грамотрицательные бактерии классов *Gamma*proteobacteria и *Acidobacteria*. Методом ДГГЭ-анализа в исследуемом микробном сообществе выявлены «некультивируемые» бактерии рода *Halomonas*, ранее не обнаруженные культуральными методами.

Ключевые слова: денатурирующий градиентный гель-электрофорез; ген 16S рРНК; некультивируемые бактерии; орто-фталат; бифенил; *Halomonas*.

O. V. Yastrebova^a, A. O. Voronina^a, L. N. Anan'ina^a, E. S. Korsakova^{a,b},
E. G. Plotnikova^{a,b}

^a Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms of the Ural Branch RAS, Perm, Russian Federation

^b Perm State University, Perm, Russian Federation

MICROBIAL COMMUNITY OF THE TECHNOGENICALLY POLLUTED SOIL OF SALT-MINING REGION (BEREZNIKI)

With the use of molecular-genetic methods a study of the structure of microbial community from the soil located near the BKPRU-3 salt separator of PAO Uralkali (Berezniki, Perm Territory) enterprise was carried out. The presence of 16S rRNA bacterial genes in the amount of 6.6×10^{11} ($\pm 8.87 \times 10^7$) copies of the gene per gram of soil and the Gram-negative bacteria dominance were detected by the real-time-PCR of the 16S rRNA gene fragments in the total DNA of the soil sample. The DGGE-analysis of 16S rDNA genes, amplified from total DNA, revealed that the bacterial communities of enrichment cultures, obtained on biphenyl and ortho-phthalate, differed significantly from each other, as well as from the original community of the soil sample, both in composition and in the presence of dominant species. It was established that gram-negative bacteria of *Gamma*proteobacteria and *Acidobacteria* classes dominated in the derived enrichment cultures. By the method of DGGE-analysis "uncultivated" bacteria of the genus *Halomonas* were detected in the investigated microbial community.

Key words: denaturing gradient gel electrophoresis; 16S rRNA gene; nonculturable bacteria; ortho-phthalate; biphenyl; *Halomonas*.

Верхнекамское месторождение калийно-магние-вых и натриевых солей (ВМКМС) Пермского края представляет собой многопластовую толщу соленос-ных отложений и является одним из крупнейших сре-ди разрабатываемых в мире. Обогащение и перера-ботка калийных руд на комбинатах предприятия ПАО «Уралкалий» (г. Соликамск и Березники, Перм-ский край) сопровождается образованием значитель-

ных объемов глинисто-солевых шламов и избыточ-ных рассолов, сбрасываемых в шламохранилища и содержащих более 90% хлорида натрия. Растворение и вынос солей отвалов и шламохранилищ приводит к появлению зон засоления, а также водоемов с соленой водой (рассолосборники), в которых происходит оса-ждение солей.

В образующихся галитовых отвалах и рассолос-

борниках зафиксирован широкий спектр поллютантов, включая тяжелые металлы и органические соединения, что обусловлено технологическими факторами рудоподготовки и обогащения добываемого сырья [Бачурин, 2008; Бачурин, Одинцова, 2009]. Продуктами трансформации химических реагентов, используемых в данных технологических процессах, являются полиэтоксильные соединения (полигликоли, полиоксиалканола и их эфиры, диоксоланы, диоксаны и др.), гетероциклы, углеводородные структуры, включая полициклическую ароматику и фталаты [Бачурин, Одинцова, 2009; Бачурин, Одинцова, Первова, 2014].

Сложившиеся условия являются основой для формирования в экосистемах данного района сообществ микроорганизмов, устойчивых к высокому содержанию соли в среде и способных при этом проявлять биодegradационные свойства. Из исследований микробных сообществ различных экосистем известно, что доля микроорганизмов, культивируемых в лабораторных условиях, составляет не более 0.1–1%, большую же часть природных микробных консорциумов представляют некультивируемые микроорганизмы [Puspita et al., 2012; Dickinson et al., 2016]. В связи с этим необходимы новые методические подходы для выявления и описания некультивируемых бактерий, изучения генетического разнообразия и структуры микробных консорциумов, понимания их экологической роли. Одним из методических подходов при изучении микробного разнообразия является использование метода денатурирующего градиентного гель-электрофореза (ДГГЭ), который позволяет с высокой точностью проследить изменения состава микробных сообществ разных экосистем под действием различных факторов, определить филогенетическую принадлежность всех представителей сообщества, в том числе некультивируемых микроорганизмов [Назаров и др., 2010; Feris et al., 2004].

Материалы и методы исследования

Образцы исследования. В районе промышленных разработок Верхнекамского месторождения солей (Пермский край) в весенне-летний период 2016 г. были отобраны образцы почв, шламов, донных отложений рассолосборника, а также грунта на расстоянии 5 м от солеотвала предприятия БКПРУ-3 ПАО «Уралкалий» (г. Березники).

Химический анализ отобранных проб показал высокую степень их засоленности, а также содержание таких органических загрязнителей, как алканы, фталаты, моно- и полиароматические углеводороды [Корсакова и др., 2015].

Оценка количества бактерий грунта была проведена методом полимеразной цепной реакции в реальном времени (ПЦР-РВ). При амплификации бактериальных генов 16S рНК были использованы

праймеры Eub338 (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') и Eub518 (5'-ATTACCGCGGCTGCTGG-3') [Fierer et al., 2005].

ПЦР-РВ проводили в присутствии красителя Sybr Green I в наборе реактивов 2X Maxima SYBR Green/ROX qPCR Master Mix («Thermo Scientific», США) на приборе «CFX96 Touch™ Real-Time PCR Detection Systems» («Bio-Rad Laboratories», США). Для стандартной калибровочной кривой, а также для анализа кривых плавления ДНК (температуры плавления (T_m) дуплекса ДНК) был использован образец очищенной геномной ДНК штамма *Pseudomonas* sp. SN11. Эффективность ПЦР определяли методом серийных разведений с построением калибровочной кривой.

Накопительное культивирование. Образец грунта был использован для получения двух накопительных культур (НК). В 250 мл колбы с минеральной средой (100 мл) и ароматическим субстратом помещали 1 г образца. НК1 получена с использованием минеральной среды K1 [Zaitsev et al., 1991] с бифенилом в качестве субстрата. НК2 получена на минеральной среде Раймонда [Розанова, Назина, 1982] с добавлением NaCl (30 г/л) и 1 г/л орто-фталевой кислоты (орто-ФК) в качестве субстрата.

Выделение тотальной ДНК из образца грунта и накопительных культур проводили с использованием коммерческого набора реактивов «MP Biomedicals» (США). Выделение ДНК из НК1 и НК2 проводили через 1 и 7 месяцев соответственно, с начала культивирования. Концентрацию ДНК определяли на приборе Qubit™ Fluorometer («Invitrogen», США) с использованием реактивов производителя.

Денатурирующий градиентный гель электрофорез (ДГГЭ). Структуру микробных сообществ исследовали методом ДГГЭ фрагментов гена 16S рНК, составляющих приблизительно 500 п.н., амплифицированных с использованием эубактериальных праймеров 27F (5'-AGAGTTTGATC(A/C)TGGCTCAG-3') и 518R (5'-ATTACCGCGGCTGCTGG-3') [Tirola et al., 2002]. Праймер 27F включал на 5'-конце 40 п.н. GC-хвост (5'-CGCCCCGCCGCGC CCCGCGCCCGTCCCGCCGCCCGCCCG-3').

Амплификацию 1 мкл очищенной геномной ДНК проводили в 50 мкл смеси, содержащей 0,25 мМ дНТФ, 0,3 мкМ праймера (каждого), 1,5 мМ MgCl₂, 1x буфер для *Taq*-полимеразы («Синтол», Россия), 2 ед. акт. *Taq*-полимеразы («Синтол», Россия). Процедура ПЦР включала начальный денатурирующий шаг при 95°C в течение 5 мин. и 30 циклов: 94°C в течение 30 сек., 55°C в течение 1 мин. и 72°C в течение 3 мин.; затем 72°C в течение 10 мин.

Электрофорез был выполнен в 6% полиакриламидном геле, содержащем линейный денатури-

рующий химический градиент от 30 до 60%, где 100% составляет 7М мочевины и 40% – формамид, согласно протоколу [Muyzer, de Waal E.C., Uitterlinden, 1993]. Разгонку проводили в течение 16 ч. при 45 V и 60°C на Dcode™ Universal Mutation System («Bio-Rad Laboratories», США). ДНК была визуализирована после окрашивания бромистым этидием (0,5 мкг/мл) UV-трансиллюминацией и документирована системой Gel Doc XR («Bio-Rad Laboratories», США).

Элюирование ДНК осуществляли в стерильной деионизированной воде в течение 24 ч. при температуре 4°C. Элюированную ДНК использовали в качестве матрицы для ПЦР-реамплификации гена 16S рРНК. Амплификацию гена 16S рРНК проводили с использованием бактериальных праймеров 27F (5'-AGAGTTTGATC(A/C)TGGCTCAG-3') и 1492R (5'-ACGG(C/T)TACCTTGTACGACTT-3') на амплификаторе «My Cycler» («Bio-Rad Laboratories», США).

Определение нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК осуществляли с применением набора реактивов Big Dye Terminator Cycle Sequencing Kit на автоматическом секвенаторе Genetic Analyser 3500XL («Applied Biosystems», США) в молекулярно-генетической (ПЦР) лаборатории кафедры ботаники и генетики растений Пермского государственного национального исследовательского университета.

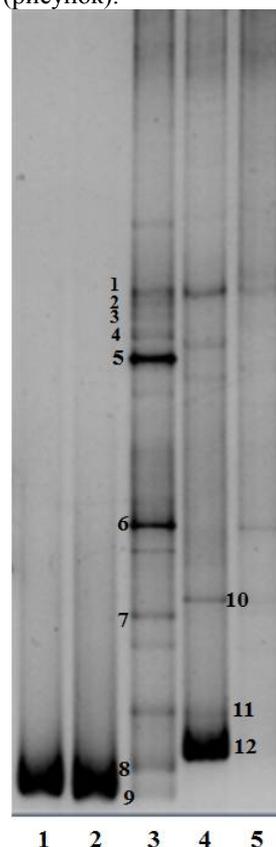
Филогенетический анализ полученных нуклеотидных последовательностей 16S рДНК проводили с использованием программ MEGA 7.0, Sequence Scanner v. 2.0. Поиск гомологичных последовательностей осуществляли при использовании баз данных GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) и EzTaxon (<http://www.ezbiocloud.net>).

Результаты и их обсуждение

С использованием метода ПЦР-РВ в тотальной ДНК, выделенной из образца грунта, отобранного у солеотвала БКПРУ-3, было выявлено наличие бактериальных генов 16S рРНК в количестве $6,6 \times 10^{11}$ ($\pm 8,87 \times 10^7$) копий гена на 1 г грунта. Методом анализа кривых плавления ДНК была установлена T_m исследуемой ДНК, равная 82,5°C, что всего на один градус превышает T_m геномной ДНК штамма *Pseudomonas* sp. SN11. Основываясь на полученных данных, можно предположить, что нуклеотидный состав анализируемой ДНК незначительно отличается составом GC-пар, что указывает на предполагаемое доминирование граммотрицательных бактерий в микробном сообществе образца исследуемого грунта.

Проведен ДГГЭ-анализ генов 16S рРНК, амплифицированных с тотальной ДНК образца грун-

та и с ДНК, полученных на его основе накопительных культур (рисунок).



ДГГЭ продуктов амплификации генов 16S рРНК с препаратов суммарной ДНК техногеннозагрязненного грунта, отобранного около солеотвала, накопительных культур (НК) и штаммов бактерий.

1 – *Rhodococcus* sp. PP22-1; 2 – *Rhodococcus* sp. KBV16; 3 – НК1 с бифенилом в качестве субстрата; 4 – НК2 с орто-ФК в качестве субстрата и присутствием 30 г/л NaCl; 5 – образец грунта

Как показал ДГГЭ-анализ генов 16S рРНК тотальной ДНК образца грунта, исследуемое бактериальное сообщество характеризовалось таксономическим разнообразием. Бактериальные сообщества накопительных культур, полученных на бифениле и орто-фталате, существенно различались между собой, а также отличались от сообщества исходного образца как по составу, так и наличием мажорных (доминантных) полос на ДГГЭ-профиле (рисунок). В ряде работ показано, что при загрязнении почвенных экосистем ароматическими углеводородами меняется видовая структура микробных сообществ, при этом не снижалось бактериальное разнообразие [Feris et al., 2004; Vin'as et al., 2005]. Из других исследований известно, что загрязнение почвы нефтепродуктами приводит к снижению видового разнообразия микробных сообществ при увеличении общей численности бактерий [Панов и др., 2013; Castle, Montgomery, Kirchman, 2006].

Фрагменты гена 16S рДНК, отличающиеся электрофоретической подвижностью при разгонке (ДГГЭ), были элюированы из геля и реамплифи-

цированы. У 12 фрагментов 16S рДНК были определены нуклеотидные последовательности (рисунки, таблица).

Результаты филогенетического анализа элюированных из геля фрагментов гена 16S рРНК

| Накопительные культуры (НК) | № полосы ДГГЭ | Штамм ближайшего родственного вида и номер в базе данных GenBank | Сходство фрагмента гена 16S рРНК, % | Кол-во анализированных нуклеотидов |
|---|---|---|-------------------------------------|------------------------------------|
| НК1 (субстрат бифенил) | 1-4 | Некультивируемый бактериальный клон <i>Acidobacterium</i> sp. mrtpkts1 (JQ065958.1) | 99 | 408 |
| | | * <i>Acidobacteria bacterium</i> A24_SHP_5_238 ^T (KX443571.1) | 97 | |
| | 5 | Некультивируемый бактериальный клон <i>Acidobacterium</i> sp. mrtpkts1 (JQ065958.1) | 99 | 400 |
| | | * <i>Tellurimicrobium multivorans</i> strain Ac_18_E7 ^T (NR_146026.1) | 97 | |
| | 6 | Некультивируемый бактериальный клон класса <i>Verrucomicrobia</i> AUVE 05A08 (EF651189.1) | 99 | 349 |
| | | * <i>Chthoniobacter flavus</i> Ellin428 ^T (NR_115225.1) | 86 | |
| | 7 | Некультивируемый бактериальный клон <i>Sphingobacterium</i> sp. RLBp5164 (KC453719.1) | 97 | 429 |
| * <i>Flavitalea</i> sp. AQ6-291 ^T (KX146487.1) | | 95 | | |
| 8 | <i>Burkholderia fungorum</i> LMG 16225 ^T (NR_025058.1) | 85 | 481 | |
| 9 | <i>Rhodococcus wratislaviensis</i> DSM 44107 ^T (NR_118605.1) | 100 | 470 | |
| НК2 (субстрат орто-ФК, 30 г/л NaCl) | 10 | <i>Halomonas</i> sp. GQ58 (JN998400.1) | 68 | 480 |
| | | <i>Halomonas salina</i> ATCC 49509 ^T (NR_119189.1) | 67 | |
| | 11 | <i>Halomonas sediminicola</i> CPS11 ^T (NR_152067) | 96 | 487 |
| | 12 | <i>Halomonas ventosae</i> strain A112 ^T (NR042812) | 99 | 478 |

Примечание. *Наиболее филогенетически близкий культивируемый бактериальный штамм.

Секвенирование фрагментов гена 16S рРНК доминантных полос показало, что в сообществе НК2 (с орто-ФК в качестве субстрата и содержанием 30 г/л NaCl) преобладали галофильные бактерии рода *Halomonas*, близкородственные штамму *Halomonas ventosae* A112^T (уровень сходства по гену 16S рРНК составлял 99%). Кроме того, в данной НК выявлены другие бактерии, филогенетически близкие бактериям рода *Halomonas*, но имеющие невысокий уровень сходства с бактериями, представленными в базах данных: штаммом *Halomonas sediminicola* CPS11^T и штаммом *Halomonas salina* ATCC 49509^T (уровень сходства по гену 16S рРНК – 96 и 67% соответственно) (таблица).

Бактериальное сообщество НК1, полученное с использованием бифенила в качестве субстрата, характеризовалось более высоким таксономическим разнообразием, чем сообщество исследуемого образца грунта, а также НК2.

Как показало секвенирование фрагментов 16S рДНК, в НК1 доминировали некультивируемые грамотрицательные бактерии рода *Acidobacterium* и бактерии класса *Verrucomicrobia*

(уровень сходства по гену 16S рРНК в обоих случаях составлял 99%). В данном бактериальном сообществе обнаружены также бактерии рода *Sphingobacterium* (уровень сходства по гену 16S рРНК 97%), *Burkholderia* (уровень сходства 87%) и бактерии, наиболее филогенетически близкие штамму *Rhodococcus wratislaviensis* DSM 44107^T (уровень сходства 100%) (таблица). Ранее из НК1 был выделен штамм-деструктор бифенила *Rhodococcus* sp. KBV16, наиболее филогенетически близкий штамму *Rhodococcus wratislaviensis* DSM 44107^T [Воронина и др., 2017]. Наличие данного штамма в НК1 было показано методом ДГГЭ (таблица).

Накопительное культивирование с последующим высевом на селективные среды также показало доминирование грамотрицательных бактерий в исследуемом микробном сообществе. Из НК2 (орто-ФК в качестве субстрата и 30 г/л NaCl) ранее было изолировано семь галотолерантных штаммов-деструкторов орто-ФК. Анализ генов 16S рРНК штаммов показал их принадлежность к родам *Idiomarina*, *Alcanivorax*, *Oceanisphaera*, *Marinobacter* (класс *Gammaproteobacteria*), *Breoghania*

(класс *Alphaproteobacteria*) и *Rhodococcus* (класс *Actinobacteria*). В том числе был выделен штамм *Rhodococcus* sp. PP22-1 (рисунок), наиболее филогенетически близкий штамму *Rhodococcus jialingae* dj1-6-2^T (уровень сходства 99.73%), способный к деградации орто-ФК и бифенила [Кандаурова, Ястребова, Плотникова, 2016]. В то же время не были выделены в чистую культуру бактерии рода *Halomonas*, выявленные методом ДГГЭ (рисунок). Можно предположить, что в НК2 при длительном культивировании в условиях засоления среды преимущественное размножение получили галотолерантные протеобактерии рода *Halomonas*, которые способны использовать орто-ФК в качестве субстрата. Известна способность бактерий рода *Halomonas* к деградации ароматических соединений при повышенном засолении среды, однако лишь в единичных сообщениях показана способность данных бактерий к деградации орто-ФК [Корсакова, Пьянкова, Плотникова, 2013; Gutierrez et al., 2013].

Таким образом, с использованием молекулярно-генетических методов проведено более полное исследование структуры микробного сообщества грунта, отобранного вблизи солеотвала калийного предприятия БКПРУ-3. Методом ДГГЭ-анализа в исследуемом микробном сообществе выявлены «некультивируемые» бактерии, ранее не обнаруженные культуральными методами, а также показаны изменения в структуре микробного сообщества под воздействием различных ароматических субстратов (орто-ФК, бифенил) и засоления среды.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ и Министерства науки и образования Пермского края в рамках научного проекта № 16-44-590968 p_a.

Библиографический список

- Бачурин Б.А. Эколого-геохимическая характеристика отходов калийного производства // Горный журнал. 2008. Т. 10. С. 88–91.
- Бачурин Б.А., Одинцова Т.А. Отходы горно-обогательного производства как источники эмиссии органических поллютантов // Горный информационно-аналитический бюллетень. 2009. Вып. 7. С. 374–380.
- Бачурин Б.А., Одинцова Т.А., Первова Е.С. Эколого-геохимическая характеристика флотореагентов // Материалы II Всерос. науч. виртуал. онлайн-конф. «Химическая наука: современные достижения и историческая перспектива». Казань, 2014. С. 17–22.
- Воронина А.О. и др. Гены деградации ароматических соединений в микробном сообществе почвы, загрязнённой отходами калийного производства (г. Березники, Пермский край) // Материалы X Всерос. конгресса молодых учёных биологов «Симбиоз-Россия-2017». Казань, 2017. С. 73–74.
- Кандаурова Ю.М., Ястребова О.В., Плотникова Е.Г. Бактерии-деструкторы орто-фталевой кислоты, выделенные из района добычи и переработки калийных солей (г. Березники, Пермский край) // Материалы XIV Всерос. науч.-практ. конф. с междунар. участием «Биодиагностика состояния природных и природно-техногенных систем». Киров, 2016. С. 329–332.
- Корсакова Е.С., Пьянкова А.А., Плотникова Е.Г. Бактерии-деструкторы стойких органических загрязнителей – эфиров фталевой кислоты, как основа для создания новых экобиотехнологий // Известия Самарского научного центра РАН, 2013. Т. 15, № 3(5). С. 1633–1636.
- Корсакова Е.С. и др. Разнообразие бактерий-деструкторов органических загрязнителей шламохранилища калийного производства (г. Березники, Пермский край) // Российский иммунологический журнал. 2015. Т. 9, № 2. С. 591–593.
- Назаров А.В. и др. Влияние нефтяного загрязнения на бактерии дерново-подзолистой почвы // Почвоведение. 2010. Т. 12. С. 1489–1493.
- Панов А.В. и др. Влияние загрязнения почвы на состав микробного сообщества // Микробиология. 2013. Т. 82, № 2. С. 239–246.
- Розанова Е.П., Назина Т.Н. Углеродородокисляющие бактерии и их активность в нефтяных пластах // Микробиология. 1982. Т. 51. С. 324–348.
- Castle D.M., Montgomery M.T., Kirchman D.L. Effects of naphthalene on microbial community composition in the Delaware estuary // FEMS Microbiol. Ecol. 2006. Vol. 56. P. 55–63.
- Dickinson I. et al. Extremophiles in an Antarctic marine ecosystem // Microorganisms. 2016. Vol. 4(1). P. 8. doi:10.3390/microorganisms4010008.
- Feris K.P. et al. A shallow BTEX and MTBE contaminated aquifer supports a diverse microbial community // FEMS Microb. Ecol. 2004. Vol. 48. P. 589–600.
- Fierer N. et al. Assessment of soil microbial community structure by use of taxon-specific quantitative PCR assays // Applied And Environmental Microbiology. 2005. Vol. 71, № 7. P. 4117–4120.
- Gutierrez T. et al. Role of bacterial exopolysaccharides (EPS) in the fate of the oil released during the deepwater horizon oil spill // PLOS ONE. June 2013. Vol. 8, № 6. e67717.
- Muyzer G., de Waal E.C., Uitterlinden A.G. Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes coding for 16S rRNA // Applied and Environmental Microbiology. 1993. Vol. 59. P. 695–700.
- Puspita I.D. et al. Are uncultivated bacteria really uncultivable? // Microbes and Environments. 2012. Vol. 27, № 4. P. 356–366.
- Tirola M.A. et al. Isolation and characterization of *Novosphingobium* sp. strain MT1, a dominant polychlorophenol-degrading strain in a groundwater bio-

- remediation system // Applied and Environmental Microbiology. 2002. Vol. 68. P. 173–180.
- Vin˘as M. et al. Bacterial community dynamics and polycyclic aromatic hydrocarbon degradation during bioremediation of heavily creosote-contaminated soil // Applied and Environmental Microbiology. 2005. Vol. 71, № 11. P. 7008–7018.
- Zaitsev G.M. et al. Genetic control of degradation of chlorinated benzoic acids in *Arthrobacter globiformis*, *Corynebacterium sepedonicum* and *Pseudomonas cepacia* strains // FEMS Microbiol. Lett. 1991. Vol. 81. P. 171–176.
- ### References
- Bachurin B.A. [Ecological and geochemical characteristics of the potash production wastes]. *Gornyj žurnal*. V. 10 (2008): pp. 88-91. (In Russ.).
- Bachurin B.A., Odintsova T.A. [Wastes from mining and processing industry as sources of emission of organic pollutants]. *Gornyj informacionno-analitičeskij bjulleten'*. Iss. 7 (2009): pp. 374-380. (In Russ.).
- Bachurin B.A., Odintsova T.A., Pervova E.S. [Ecological and geochemical characteristics of flotation agents]. *Materialy II Vserossijskoj naučnoj virtual'noj onlajn-konferencii "Chimičeskaja nauka: sovremennye dostiženija i istoričeskaja p'trspektiva"* [Materials of the II-nd All-Russian scientific virtual online conference «Chemistry: advancements and historical perspective»]. Kazan, 2014, pp. 17-22. (In Russ.).
- Voronina A.O., Korsakova E.S., Anan'ina L.N., Plotnikova E.G. [Genes of destruction of aromatic compounds in the microbial community of soil polluted with waste from potash production (Berezniki, Perm Region)]. *Materialy X Vserossijskogo kongressa molodych učenyh biologov "Simbioz-Rossija-2017"* [Materials of X All-Russian Congress of Young Scientists-Biologists «Symbiosis-Russia-2017»]. Kazan, 2017, pp. 73-74. (In Russ.).
- Kandaurova Yu.M., Yastrebova O.V., Plotnikova E.G. [The bacteria-destroyers of *ortho*-phthalic acid, isolated from the area of extraction and processing of potassium salts. Berezniki, Perm region]. *Materialy XIV Vserossijskoj naučno-praktičeskoj konferencii "Biodiagnostika sostojanija prirodnyh i prirodno-technogennyh sistem"* [Materials of XIV All-Russian scientific-practical conference with international participation «Biodiagnostics of natural and man-made-technogenic systems»]. Kirov, 2016, pp. 329-332. (In Russ.).
- Korsakova E.S., Pyankova A.A., Plotnikova E.G. [Bacteria-destroyers of persistent organic pollutants – phthalic acid esters, as a basis for the creation of new ecobiotechnology]. *Izvestija Samarskogo naučnogo centra RAN*. V. 15, N 3(5) (2013): pp. 1633-1636. (In Russ.).
- Korsakova E.S., Shestakova E.A., Khayrulina E.A., Nazarov A.V. [Variety of bacteria-destroyers of organic pollutants of the slurry storage of potash production (Berezniki, Perm Territory)]. *Rossijskij immunologičeskij žurnal*. V. 9, N 2 (2015): pp. 591-593. (In Russ.).
- Nazarov A.V., Ananyina L.N., Yastrebova O.V., Plotnikova E.G. [Influence of oil pollution on bacteria of sod-podzolic soil]. *Počvovedenie*. V. 12 (2010): pp. 1489-1493. (In Russ.).
- Panov A.V., Esikova T.Z., Sokolov S.L., Kosheleva I.A., Boronin A.M. [Influence of soil pollution on the composition of the microbial community]. *Mikrobiologija*. V. 82, N 2 (2013): pp. 239-246. (In Russ.).
- Rozanova E.P., Nazina T.N., [Hydrocarbon-Oxidizing Bacteria and Their Activity in Oil-Bearing Beds]. *Mikrobiologija*. V. 51 (1982): pp. 324-348. (In Russ.).
- Castle D.M., Montgomery M.T., Kirchman D.L. Effects of naphthalene on microbial community composition in the Delaware estuary. *FEMS Microbiol. Ecol*. V. 56 (2006): pp. 55-63.
- Dickinson I., Goodall-Copestake W., Thorne M., Schlitt T., Ávila-Jiménez M., Pearce D. Extremophiles in an Antarctic marine ecosystem. *Microorganisms*. V. 4(1) (2016): p. 8. doi:10.3390/microorganisms4010008
- Feris K.P., Hristova K., Gebreyesus B., Mackay D., Scow K.M. A shallow BTEX and MTBE contaminated aquifer supports a diverse microbial community. *FEMS Microb. Ecol*. V. 48 (2004): pp. 589-600.
- Fierer N., Jackson J.A., Vilgalys R., Jackson R.B. Assessment of soil microbial community structure by use of taxon-specific quantitative PCR assays. *Applied and Environmental Microbiology*. V. 71, N 7 (2005): pp. 4117-4120.
- Gutierrez T., Berry D., Yang T., Mishamandani S., McKay L., Teske A., Aitken M.D. Role of bacterial exopolysaccharides (EPS) in the fate of the oil released during the deepwater horizon oil spill. *PLOS ONE*. V. 8, N 6 (June 2013) e67717.
- Muyzer G. Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes coding for 16S rRNA. *Applied and Environmental Microbiology*. V. 59 (1993): pp. 695-700.
- Tirola M.A., Männistö M.K., Puhakka J.A., Kulomaa M.S. Isolation and characterization of *Novosphingobium* sp. Strain MT1, a dominant polychlorophenol-degrading strain in a groundwater bioremediation system. *Applied and Environmental Microbiology*. V. 68 (2002): pp. 173-180.
- Vin˘as M., Sabate J., Espuny M.J., Solanas A.M. Bacterial community dynamics and polycyclic aromatic hydrocarbon degradation during bioremediation of heavily creosote-contaminated soil. *Applied and Environmental Microbiology*. V. 71, N 11 (2005): pp. 7008-7018.
- Zaitsev G.M., Tsoi T.V., Grishenkov V.G., Plotnikova E.G., Boronin A.M. Genetic control of degradation of chlorinated benzoic acids in *Arthrobacter globiformis*, *Corynebacterium sepedonicum* and *Pseudomonas cepacia* strains. *FEMS Microbiol. Lett*. V. 81 (1991): pp. 171-176.

Поступила в редакцию 06.02.2018

Об авторах

Ястребова Ольга Викторовна, кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии и биотехнологии «Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН» - филиал ПФИЦ УрО РАН
ORCID: 0000-0003-4997-6525
 614081, Пермь, ул. Голева, 13; olyastr@mail.ru; (342)2808431

Воронина Анна Олеговна, инженер лаборатории молекулярной микробиологии и биотехнологии «Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН» - филиал ПФИЦ УрО РАН
ORCID: 0000-0002-7295-1337
 614081, г. Пермь, ул. Голева, 13; voroninaao@gmail.com; (342)2808431

Ананьина Людмила Николаевна кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии и биотехнологии «Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН» - филиал ПФИЦ УрО РАН
ORCID: 0000-0003-4721-2863
 614081, Пермь, ул. Голева, 13; ludaananyina@mail.ru (342)2808431

Корсакова Екатерина Сергеевна, кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии и биотехнологии «Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН» - филиал ПФИЦ УрО РАН
ORCID: 0000-0002-6907-7562
 614081, г. Пермь, ул. Голева, 13

доцент кафедры ботаники и генетики растений ФГБОУВО «Пермский государственный национальный исследовательский университет»
 614990, Пермь, ул. Букирева, 15; korsakovaekaterina08@gmail.com; (342)2808431

Плотникова Елена Генриховна, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии и биотехнологии «Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН» - филиал ПФИЦ УрО РАН
ORCID: 0000-0002-0107-0719
 614081, Пермь, ул. Голева, 13

профессор кафедры ботаники и генетики растений ФГБОУВО «Пермский государственный национальный исследовательский университет»
 614990, Пермь, ул. Букирева, 15; peg_el@mail.ru; (342)2808431

Информация для цитирования:

Микробное сообщество техногеннозагрязненного грунта района солеразработок / О.В. Ястребова, А.О. Воронина, Л.Н. Ананьина, Е.С. Корсакова, Е.Г. Плотникова // Вестник Пермского университета. Сер. Биология. 2018. Вып. 2. С. 188-194. DOI: 10.17072/1994-9952-2018-2-188-194.

Yastrebova O.V., Voronina A.O., Anan'ina L.N., Korsakova E.S., Plotnikova E.G. [Microbial community of the technogenically polluted soil of salt-mining region (Berezniki)]. *Vestnik Permskogo universiteta. Biologija*. Iss. 2 (2018): pp. 188-194. (In Russ.). DOI: 10.17072/1994-9952-2018-2-188-194.

About the authors

Yastrebova Olga Victorovna, candidate of biology, researcher of laboratory of molecular microbiology and biotechnology
 Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms, Ural Branch, Russian Academy of Sciences.
ORCID: 0000-0003-4997-6525
 13, Golev str., Perm, Russia, 614081; olyastr@mail.ru; (342)2808431

Voronina Anna Olegovna, engineer of laboratory of molecular microbiology and biotechnology
 Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms, Ural Branch, Russian Academy of Sciences.
ORCID: 0000-0002-7295-1337
 13, Golev str., Perm, Russia, 614081; voroninaao@gmail.com; (342)2808431

Anan'ina Ludmila Nikolaevna candidate of biology, researcher of laboratory of molecular microbiology and biotechnology
 Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms, Ural Branch, Russian Academy of Sciences.
ORCID: 0000-0003-4721-2863
 13, Golev str., Perm, Russia, 614081; ludaananyina@mail.ru (342)2808431

Korsakova Ekaterina Sergeyevna, candidate of biology, researcher of laboratory of molecular microbiology and biotechnology
 Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms, Ural Branch, Russian Academy of Sciences.
ORCID: 0000-0002-6907-7562
 13, Golev str., Perm, Russia, 614081;

associate professor of the Department of botany and plant genetics
 Perm State University.
 15, Bukirev str., Perm, Russia, 614990; korsakovaekaterina08@gmail.com; (342)2808431

Plotnikova Elena Genrikhovna, doctor of biology, leading researcher of laboratory of molecular microbiology and biotechnology
 Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms, Ural Branch, Russian Academy of Sciences.
ORCID: 0000-0002-0107-0719
 13, Golev str., Perm, Russia, 614081;

professor of the Department of botany and plant genetics
 Perm State University.
 15, Bukirev str., Perm, Russia, 614990; peg_el@mail.ru; (342)2808431

