

Экология и природопользование
Егорова Д.О., Хотяновская Ю.В.

Научная статья

УДК 579.26:579.8:911.9

doi: 10.17072/2079-7877-2024-4-121-132

ОСОБЕННОСТИ БАКТЕРИАЛЬНЫХ СООБЩЕСТВ ДОННЫХ ОТЛОЖЕНИЙ В РАЙОНЕ ХРОНИЧЕСКОГО ПОСТУПЛЕНИЯ УГЛЕВОДОРОДОВ

Дарья Олеговна Егорова¹, Юлия Владимировна Хотяновская²

^{1,2} Пермский государственный национальный исследовательский университет, г. Пермь, Россия

¹ daryao@rambler.ru, Scopus Author ID: 36622279600, ResearcherID: AAF-5550-2019, AuthorID РИНЦ: 119197, SPIN-код: 9450-7883

² 89082412863@yandex.ru, Scopus Author ID: 57211204006, ResearcherID: GZA-9581-2022, AuthorID РИНЦ: 903196, SPIN-код: 3021-9540

Аннотация. Река Каменка протекает по территории Кокуйского газонефтяного месторождения. Уникальной особенностью данной территории является наличие карстовых процессов в подлежащих породах. Вследствие этого нефть распространяется в подземных горизонтах на значительные удаления от мест нефтедобычи и выходит на поверхность почв и в русло рек на участках, не связанных с эксплуатацией нефтяных скважин. Длительное присутствие углеводородов нефти в почвах и донных отложениях приводит к сукцессионным изменениям в составе ценозов. Наиболее быстро реагируют микробиоценозы в силу экологической пластичности бактерий. В рамках представленного исследования изучен состав бактериальных сообществ донных отложений реки Каменки. Анализ микробиоценозов осуществляли на основе данных высокопроизводительного секвенирования, а также с применением классических микробиологических методов, позволяющих выделить основные экологотрофические группы. Пробоотбор осуществляли в месте выхода нефтяных углеводородов в русло реки, а также выше и ниже по течению. Концентрация нефти в отобранных образцах составляла 2,4–25,8 г/кг. Установлено, что доминантами в исследуемых сообществах по численности фило типов являются представители *Proteobacteria* (16,7–30,3 %), среди которых выявлены классы *Alphaproteobacteria* (3,2–8,7 %) и *Gammaproteobacteria* (13,4–21,5 %). Наибольшим филогенетическим разнообразием, согласно значениям индексов Шеннона и Симпсона, характеризуется микробиоценоз района выхода нефтяных углеводородов. Установлено, что в сообществах присутствует группа микроорганизмов, составляющая основу микробиоценозов данного района исследований, и есть варибельная группа, состав которой зависит от селективных факторов, изменяющихся по течению реки. В составе микробных сообществ доля нефтеокисляющих микроорганизмов варьировала в пределах 0,02–16,0 % и находилась в прямой корреляционной зависимости от концентрации углеводородов в донных отложениях. Анализ метаболического потенциала культивируемых микроорганизмов показал наличие аэробных бактерий, способных использовать в качестве источника углерода соединения ароматического ряда.

Ключевые слова: нефтяное загрязнение, микробиом, бактериальное сообщество, метагеномный анализ, донные отложения

Финансирование. Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда и Пермского края № 24-17-20025.

Для цитирования: Егорова Д.О., Хотяновская Ю.В. Особенности бактериальных сообществ донных отложений в районе хронического поступления углеводородов // Географический вестник = Geographical bulletin. 2024. № 4 (71). С. 121–132. doi: 10.17072/2079-7877-2024-4-121-132

Original article

doi: 10.17072/2079-7877-2024-4-121-132

FEATURES OF BACTERIAL COMMUNITIES OF BOTTOM SEDIMENTS IN THE AREA OF CHRONIC HYDROCARBON ENTRY

Darya O. Egorova¹, Yuliya V. Khotyanovskaya²

^{1,2} Perm State University, Perm, Russia

¹ daryao@rambler.ru, Scopus Author ID: 36622279600, ResearcherID: AAF-5550-2019, AuthorID (RSCI): 119197, SPIN-code 9450-7883

² 89082412863@yandex.ru, Scopus Author ID: 57211204006, ResearcherID: GZA-9581-2022, AuthorID (RSCI): 903196, SPIN-code: 3021-9540



*Экология и природопользование**Егорова Д.О., Хотяновская Ю.В.*

Abstract. The Kamenka River flows through the territory of the Kokuy oil and gas field. A unique feature of this area is the presence of karst processes in the underlying rocks. As a result, oil spreads in underground horizons over significant distances from the oil extraction sites and emerges on the soil surface and in riverbeds at locations not associated with the operation of oil wells. The prolonged presence of petroleum hydrocarbons in soils and bottom sediments leads to successional changes in the composition of cenoses. Microbial communities respond the fastest, which is due to the ecological plasticity of bacteria. This study examines the composition of bacterial communities in the bottom sediments of the Kamenka River. The analysis of microbiocenoses was performed based on high-throughput sequencing data and classical microbiological methods, which allowed for the isolation of key ecological-trophic groups. Sampling was conducted at a site where petroleum hydrocarbons emerged into the riverbed, as well as upstream and downstream. The concentration of oil in the collected samples ranged from 2.4 to 25.8 g/kg. It was found that the dominant phylotypes in the studied communities were representatives of Proteobacteria (16.7–30.3%), among which the classes Alphaproteobacteria (3.2–8.7%) and Gammaproteobacteria (13.4–21.5%) were identified. The microbial community at the site of oil hydrocarbons' emergence exhibited the highest phylogenetic diversity, according to the values of Shannon and Simpson indices. It has been established that there exists a core group of microorganisms that forms the basis of the microbiocenoses in this study area and a variable group whose composition depends on selective factors changing along the river's flow. In the microbial communities, the proportion of oil-degrading microorganisms varied from 0.02% to 16.0% and was in direct correlation with the concentration of hydrocarbons in the bottom sediments. An analysis of the metabolic potential of cultivated microorganisms revealed the presence of aerobic bacteria capable of utilizing aromatic compounds as a carbon source.

Keywords: oil pollution, microbiome, bacterial community, metagenomic analysis, bottom sediments

Funding. The study was supported by a grant from the Russian Science Foundation and the Perm Territory No. 24-17-20025, <https://rscf.ru/project/24-17-20025/>.

For citation: Egorova, D.O., Khotyanovskaya, Yu. V. (2024). Features of bacterial communities of bottom sediments in the area of chronic hydrocarbon entry. *Geographical Bulletin*. No. 4(71). Pp. 121–132. doi: 10.17072/2079-7877-2024-4-121-132

Введение

Одной из серьезнейших проблем сохранения природных экосистем в настоящее время является загрязнение нефтяными углеводородами районов добычи и транспортировки нефти [17; 24; 28]. Проникновение сырой нефти в почвы, поверхностные и подземные воды негативно сказываются на реализации экосистемных услуг тем или иным природным объектом [2; 3; 13; 19]. Кроме того, загрязнение углеводородами обширных территорий в следствие нарушений правил их добычи несет угрозу не только естественным экосистемам, но и здоровью человека [40; 41].

Длительное загрязнение высокими концентрациями нефтяных углеводородов приводит к глобальным сукцессиям в составе сообществ. Изменения происходят как на уровне макроорганизмов, так и на уровне микроорганизмов [18; 47]. В микробиоценозах изменяется соотношение не только основных филогенетических групп, но и эколого-трофических, что может приводить к нарушению обменных процессов в почвах и донных отложениях, а также вносить существенные коррективы в круговороты основных элементов [30].

Нефть по своему составу представляет смесь углеводородов различных классов: алифатические углеводороды (в т.ч. разветвленные), моноароматические углеводороды и полиароматические углеводороды [14]. Наиболее токсичными и опасными для животных и человека признаны ароматические углеводороды с различным количеством ароматических колец в молекуле [21; 34]. Известно, что микроорганизмы, в частности бактерии, обладают ферментативными системами, обуславливающими способность данных организмов использовать нефтяные углеводороды различных групп в качестве источника углерода для роста и развития [23; 33; 38; 43; 47]. Вероятно, при длительном загрязнении нефтью в микробиоценозах должны развиваться эколого-трофические группы бактерий, обладающие данными ферментативными системами.

В ряде исследований изучено негативное влияние разливов нефти на почвы и ее нативную микрофлору [20; 30; 32; 37; 42]. Однако остается открытым вопрос о состоянии микробиоценозов донных отложений рек, протекающих по территориям добычи нефти. Проникновение нефтяных углеводородов в данные объекты может происходить не только в результате аварийных ситуаций, но и быть следствием особенностей подлежащих пород, при которых происходит распространение нефтяных углеводородов в подземных горизонтах и их выход на поверхность в местах, удаленных от основных промышленных объектов.

Цель данного исследования – изучение на филогенетическом, морфологическом и эколого-трофическом уровнях бактериальных сообществ донных отложений, отобранных на территории Кокуйского газонефтяного месторождения.

Материалы и методы

Отбор образцов для исследования был произведен на территории Кокуйского газонефтяного месторождения в русле реки Каменка (рис. 1):

1 – 57,20948; 56,64518

2 – 57,20956; 56,64549

3 – 57,211459; 56,646438

4 – 57,227497; 56,644432.

Все образцы отбирали согласно ГОСТ 17.1.5.01-80 «ГИДРОСФЕРА. Общие требования к отбору проб донных отложений водных объектов для анализа на загрязненность» и ПНД Ф 12.1:2.2.2.3.2-03 «Отбор проб почв, грунтов, осадков биологических очистных сооружений, шламов промышленных сточных вод, донных

Экология и природопользование

Егорова Д.О., Хотяновская Ю.В.

отложений искусственно созданных водоемов, прудов-накопителей и гидротехнических сооружений» методом «конверта» и хранились при температуре 4–5 °С.

Физико-химические параметры образцов донных отложений проводили согласно опубликованной ранее методике [6]. Концентрацию нефтяных углеводородов определяли так, как регламентировано в ПНД Ф 16.1:2.2.22-98 «Количественный химический анализ почв. Методика выполнения измерений массовой доли нефтепродуктов в минеральных, органогенных, органоминеральных почвах и донных отложениях методом ИК-спектроскопии».

Для анализа на филогенетическом уровне применяли современные методы метагеномного секвенирования как описано [4].

Проверка качества данных секвенирования проводилась с использованием программы FastQC версия 0.11.7 [12]. Для последующего «деноизинга», объединения последовательностей, удаления химерных прочтений, восстановления исходных филотипов (ASV, Amplicon sequence variant) и дальнейшей таксономической классификации полученных ASV использовали программный пакет DADA2 версия 3.16 [15], работа осуществлялась в программной среде R.

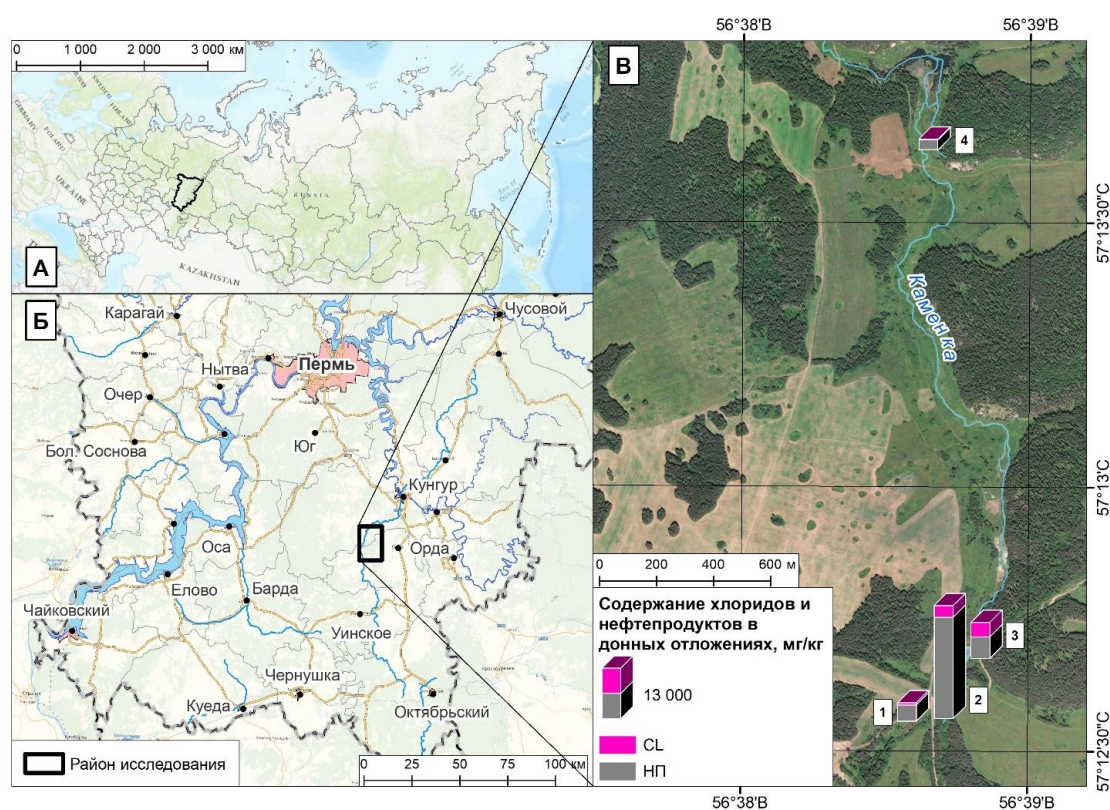


Рис. 1. Расположение районов отбора образцов донных отложений

Fig. 1. Location of the bottom sediment sampling areas

Сгенерированные репрезентативные последовательности нужны для создания таксономической классификации с помощью наивного байесовского классификатора. Наивный байесовский классификатор был предварительно обучен на базе данных SILVA версии 138 [39]. Для присвоения таксономии ASV использовалась функция 'assignTaxonomy' в DADA2. Подсчет показателей альфа-разнообразия и анализ главных координат (PCoA) на основе различий по Брю-Кертису были выполнены с помощью пакета phyloseq [36]. Графики были построены, используя пакеты ggplot2 версия 4.3.1 [45], rheatmap версия 1.0.12 и VennDiagram версия 1.7.3 [16].

Для анализа на морфологическом уровне потребовались классические микробиологические методы: высев на плотную питательную среду LB с последующим описанием морфологии колоний и клеток согласно [10].

Для выявления эколого-трофических групп использовали периодическое культивирование в минеральной среде с внесением в качестве источника углерода сырой нефти, бифенила, бензоата, салицилата. 10 г донных отложений помещали в колбу Эрленмейера, содержащую 100 мл минеральной среды K1 состава (г/л): $K_2HPO_4 \cdot 3H_2O$ – 3,2, $NaH_2PO_4 \cdot 2H_2O$ – 0,4, $(NH_4)_2SO_4$ – 0,5, $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ – 0,15, $Ca(NO_3)_2$ – 0,01 и сырую нефть (20 мкл)/бифенил (1 г/л)/бензоат (0,5 г/л)/салицилат (0,5 г/л). Культивирование производили на круговом шейкере-инкубаторе (Environmental Shaker-Incubator ES 20/60, BioSan, Латвия) при 120 об/мин и 25 °С 7 суток. Далее следовал высев на твердую минеральную среду K1 (вносили агар-агар в концентрации 1,5 г/л) в чашки Петри с

Экология и природопользование

Егорова Д.О., Хотяновская Ю.В.

субстратом, соответствующим культивированию в колбах. Производили подсчет колоний, осуществляли их морфологическое описание.

Для статистического анализа полученных данных выбран пакет программ Microsoft Excel 2013 и STATISTICA 6.0.

Результаты и обсуждение

Образцы донных отложений были отобраны в русле р. Каменки, протекающей по территории Кокуйского газонефтяного месторождения (рис. 1). Уникальность района исследования обусловлена особенностями подлежащих пород. Наличие карстовых процессов в них приводит к тому, что образуются природные выходы нефти на поверхность (как на почву, так и в водные объекты). Несмотря на то, что р. Каменка находится на значительном удалении от нефтедобывающих объектов, в составе вод на протяжении нескольких лет фиксируются углеводороды нефти. Концентрация нефтяных углеводородов в донных отложениях в районе отбора проб варьировала от 2,4 до 25,8 г/кг. При этом максимальные значения обнаружены в 10 м от истока реки. Кроме того, в химическом составе донных отложений отмечены высокие концентрации хлоридов (0,2–3,6 г/кг) (рис. 1). Данный факт позволяет предположить, что в русле реки присутствуют выходы нефти из подлежащих карстовых образований. Подобные явления, а именно природные выходы нефти в водные объекты, описаны для оз. Байкал, Чапала, Танганьика [5; 44; 46]. Наличие данных выходов нефти позволяет проводить наблюдения *in situ* за реакцией сообществ естественных природных объектов на длительное поступление загрязняющего фактора.

С помощью высокопроизводительного секвенирования был произведен анализ состава микробных сообществ донных отложений р. Каменки, отобранных как выше, так и ниже по течению района нефтепроявления. Установлено, что доминирующую позицию в микробных сообществах всех районов занимают представители *Proteobacteria* (16,7–30,3 %), среди которых преобладают классы *Alpha*- и *Gamma**proteobacteria*. Значительная доля приходится на представителей филумов *Actinobacteria* (1,3–6,4 %), *Campilobacterota* (7,4–9,6 %) и *Desulfobacterota* (3,0–7,3 %). Данное соотношение филогенетических групп существенно отличается от доминирующих филумов микробных сообществ донных осадков районов нефтепроявлений оз. Байкал, а также загрязненных углеводородами водных и почвенных экосистем, метаногенных нефтяных хвостов [5, 26, 30].

На рис. 2 и 3 представлены основные филогенетические группы, входящие в состав микробных сообществ исследуемых отложений. Доминирующее положение на уровне семейств в образцах, расположенных выше выхода нефти, занимает семейство *Comamonadaceae* (3,3 %), в месте выхода нефти – *Sulfurimonadaceae* (7,5 %), в точках ниже по течению – *Sulfurovaceae* (12,1 %) и *Anaerolineaceae* (3,4 %).

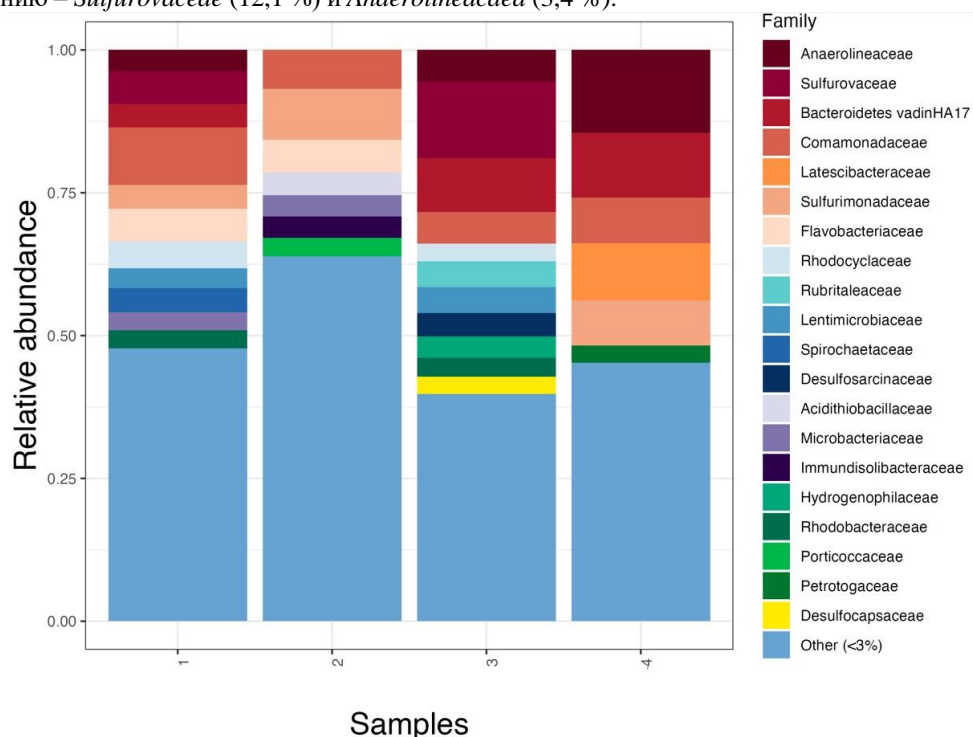


Рис. 2. Представленность семейств в микробиоценозах донных отложений
Fig. 2. Representation of families in bottom sediment microbiocenoses

Анализ филогенетических групп (рис. 3) показал, что значительную долю составляют сульфатвосстанавливающие микроорганизмы. Ранее на примере анализа бактериальных сообществ нефтедобывающих скважин Ромашинского месторождения было показано, что наличие сульфатвосстанавливающих микроорганизмов может быть обусловлено не только присутствием сульфатов в среде, но и невысоким уровнем минерализации [1].

Экология и природопользование
Егорова Д.О., Хотяновская Ю.В.

В исследуемых нами микробиоценозах, напротив, сульфатовосстанавливающие группы бактерий наиболее широко представлены в образцах с высоким содержанием хлоридов (рис. 1, 3).

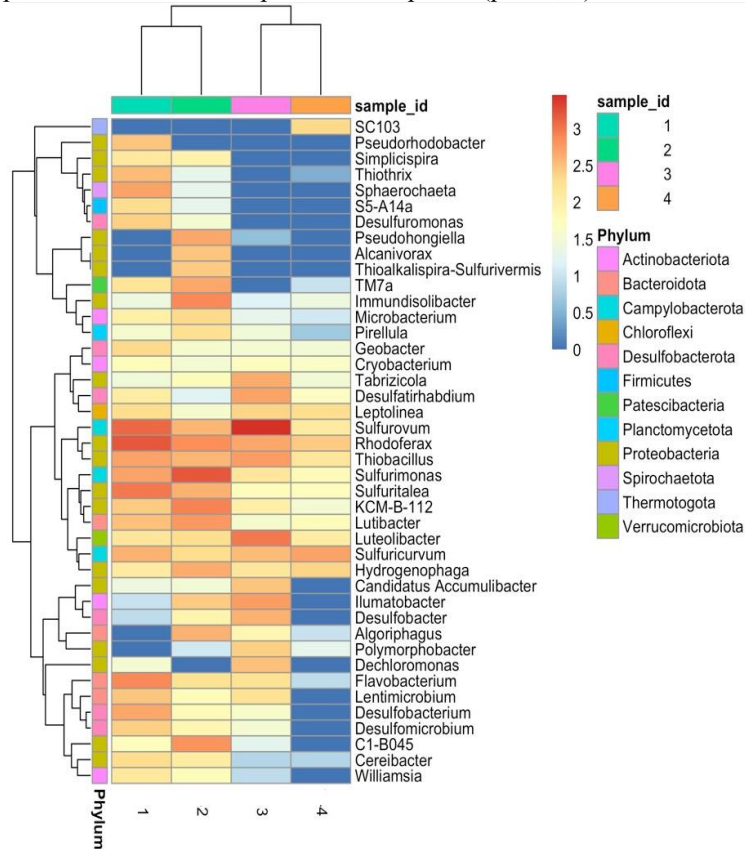


Рис. 3. Соотношение филогенетических групп по 90 наиболее представленным филотипам
Fig. 3. Ratio of phylogenetic groups for the 90 most represented phylotypes

Высокие концентрации нефти могут оказывать негативное влияние на биоразнообразие микробных сообществ [18]. Нами проведен анализ метагеномных данных с использованием различных индексов по оценке разнообразия, дающих представление о разнообразии таксонов высокого уровня и общего количества всех выявленных таксонов (таблица). Также выбраны индексы, наименее зависящие от объема выборки [11].

Таблица

Показатели биоразнообразия сообществ донных отложений
Biodiversity indicators of sediment communities

Район отбора	Chao1	se.chao1	ACE	se.ACE	Shannon	Simpson	InvSimpson	Fisher
1	522	0,019	522,2	10,7	5,31	0,989	95,4	91,09
2	506	0,041	506,1	10,3	5,47	0,993	143,6	90,25
3	653	0,290	653,7	12,4	5,41	0,985	71,1	122,56
4	383	0,303	383,7	9,7	5,20	0,987	78,3	80,63

По индексам Chao1, ACE и Fisher наибольшие значения характерны для микробиоценоза донных отложений третьего района, в котором содержание нефтепродуктов составляло 5495 мг/кг, а хлоридов – 3675 мг/кг (рис. 1). Однако значения индексов Шеннона и Симпсона выше у микробиоценозов второго района отбора образцов, характеризующегося более высоким содержанием нефтяных углеводородов (25800 мг/кг), но меньшим уровнем засоленности (2975 мг/кг) (рис. 1). Таким образом, высокие концентрации нефтяных углеводородов на исследуемой территории не оказывают негативного влияния на биоразнообразие сообществ донных отложений. Данное явление может быть обусловлено тем, что длительное действие нефтяных углеводородов может приводить к развитию индуцированной устойчивости у микроорганизмов [25].

Интересным представляется тот факт, что общими для исследуемых микробиоценозов являются 77 филотипов (рис. 4). Уникальными, то есть встречающимися только в одном районе отбора образцов, филогенетическими единицами для каждого микробного сообщества донных отложений р. Каменки оказались менее 50 % выявленных филотипов. В составе наиболее удаленных друг от друга микробиоценозов (1 и 4 районы отбора образцов) выявлено

Экология и природопользование
Егорова Д.О., Хотяновская Ю.В.

2 общих фило типа, не встречающихся в остальных образцах донных отложений. Анализ диаграммы Венна позволяет предположить, что в сообществах присутствует группа микроорганизмов, составляющая основу сообществ данного района исследований (фило типы, общие для двух, трех или четырех мест отбора образцов микробиоценозов), и есть переменная группа, состав которой зависит от селективных факторов, изменяющихся по течению реки.



Рис. 4. Диаграмма Венна, отражающая перекрытие фило типов в микробиоценозах донных отложений
Fig. 4. Venn diagram reflecting the overlap of phylotypes in bottom sediment microbiocenoses

Современные методы метагеномного анализа дают представление об общем составе микробиоценозов, однако не отражают долю культивируемых групп бактерий, в том числе бактерий со специфическими метаболическими свойствами. В результате выделения культивируемых аэробных бактерий и их морфологического описания были выявлены основные морфотипы исследуемых микробиоценозов донных отложений (рис. 5). Сравнение доли морфотипов и доли фило типов показало, что они практически совпадают только для микробных сообществ донных отложений, отобранных ниже выхода нефти в точке 3 (рис. 1, 5). Наибольшие различия данных показателей выявлены для микробиоценоза, расположенного выше выхода нефти.

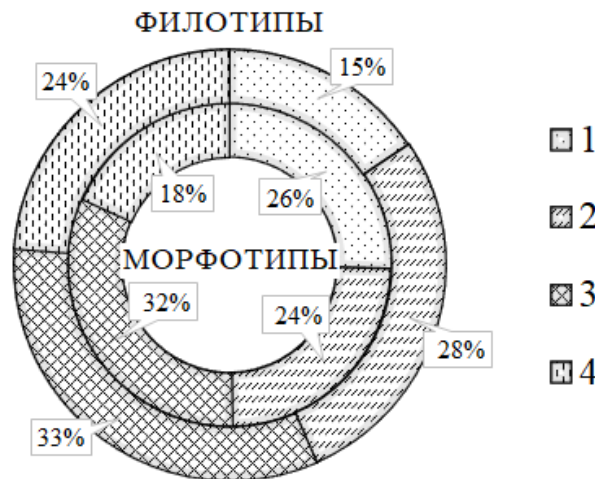


Рис. 5. Соотношение фило типов и морфотипов в исследуемых сообществах
Fig. 5. The ratio of phylotypes and morphotypes in the studied communities

В результате анализа общей численности культивируемых бактерий установлено, что данный показатель ниже всего в сообществах, расположенных выше нефтеизлива, а максимальные значения характерны для микробиоценозов третьего района отбора образцов, располагающегося ниже природного выхода нефти (рис. 6). Во всех микробиоценозах присутствуют нефтеокисляющие бактерии, численность которых варьирует от $1,0 \pm 0,1 \times 10^4$ до $2,1 \pm 0,3 \times 10^7$ КОЕ/г (рис. 6). Установлена прямая корреляционная зависимость доли нефтеокисляющих бактерий в общем пуле культивируемых микроорганизмов исследуемых сообществ и концентрации углеводородов нефти в донных отложениях (коэффициент корреляции – 0,873). На примере ряда природных объектов, таких как оз. Байкал и Мексиканский залив, показано, что поступление нефтяных углеводородов приводит к увеличению

Экология и природопользование
Егорова Д.О., Хотяновская Ю.В.

численности нефтеокисляющих микроорганизмов в донных отложениях [8; 27; 29]. Так, в микробиоценозах донных отложений оз. Байкал в местах естественных выходов нефти количество углеводородокисляющих бактерий варьировало в разные годы от $9,0 \pm 0,1 \times 10^4$ до $2,5 \pm 0,3 \times 10^5$ КОЕ/г, а в сообществе глубоководного нефтяного шлейфа Мексиканского залива, образовавшегося в результате техногенной аварии, численность данной экологотрофической группы достигала $5,5 \pm 0,3 \times 10^4$ кл/мл [8; 22; 27].

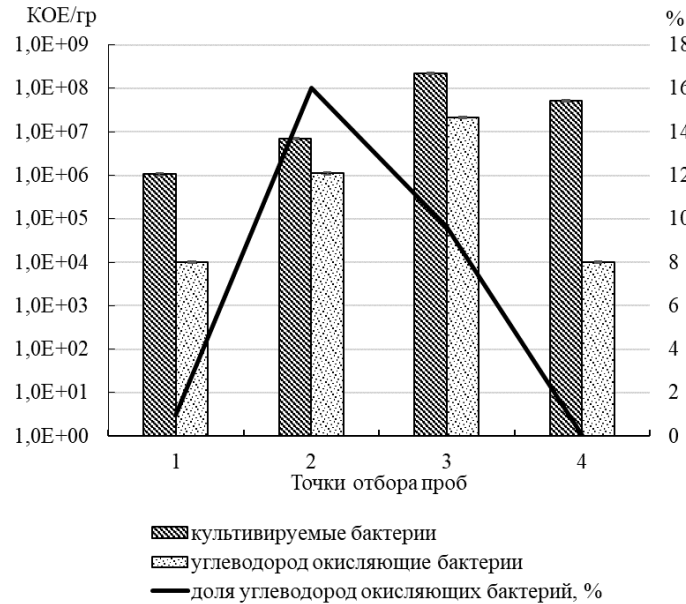


Рис. 6. Представленность группы углеводородокисляющих бактерий среди культивируемых микроорганизмов в образцах донных отложений

Fig. 6. Representation of the hydrocarbon-oxidizing bacteria group among the cultured microorganisms in bottom sediment samples

Нефть представляет собой комплекс углеводородов различного строения, в том числе алканов, циклоалканов и ароматических углеводородов. Компоненты нефти отличаются по уровню доступности для окисления ферментативными системами бактерий. Так, в естественных нефтепроявлениях оз. Байкал было зафиксировано два типа нефти: небодеградированная парафинистая нефть с экстремально высоким содержанием н-алканов и биодеградированная ароматико-нафтеновая нефть [7]. Нефть, выходящая в русле р. Каменки, принадлежит к типу парафинонафтеновых, доля ароматических и циклических углеводородов составляет от 20 до 55 % [9]. Известно, что у представителей классов *Alphaproteobacteria* и *Gammaproteobacteria* выявляются гены и ферменты, обуславливающие их способность разлагать моно- и полиароматические углеводороды [31; 35]. Метагеномный анализ показал, что в составе исследуемых микробных сообществ донных отложений присутствует значительное количество представителей данных классов: на долю *Alphaproteobacteria* приходится от 3,2–8,7 % от общего числа найденных филумов, а для *Gammaproteobacteria* данная величина составляет 13,4–21,5 %. Среди культивируемых бактерий данных сообществ определены штаммы, способные использовать в качестве источника углерода ряд ароматических соединений (рис. 7).

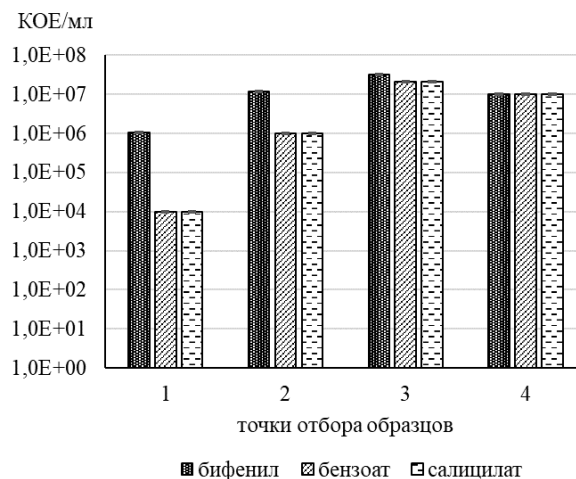


Рис. 7. Численность бактерий, разлагающих ароматические соединения

Fig. 7. The number of bacteria that decompose aromatic compounds

Экология и природопользование

Егорова Д.О., Хотяновская Ю.В.

Численность бактерий, разлагающих моноароматические карбоновые кислоты, варьировала от $1,0 \pm 0,3 \times 10^4$ до $2,2 \pm 0,1 \times 10^7$ КОЕ/мл, а для деструкторов бифенила (содержит два ароматических кольца в молекуле) данный показатель был выше и составил от $1,0 \pm 0,2 \times 10^6$ до $3,0 \pm 0,2 \times 10^7$ КОЕ/мл. Таким образом, в микробиоценозах донных отложений р. Каменки присутствуют бактерии, способные осуществлять разложение ароматических углеводов, поступающих в реку из подлежащих пород.

Заключение

Бассейн р. Каменки находится на уникальной территории, характеризующейся наличием нефтяных и газовых залежей, а также карстовых процессов в глубинных породах. Сочетание данных факторов обуславливает наличие природных выходов нефти на поверхность почв и в русло реки.

Проведен анализ микробных сообществ донных отложений р. Каменки в участках, расположенных в месте нефтеизлива, а также выше и ниже по течению. Установлено, что в микробиоценозах доминируют бактерии филомы *Proteobacteria* (16,7–30,3 %), который представлен классами *Alphaproteobacteria* (3,2–8,7 %) и *Gammaproteobacteria* (13,4–21,5 %). Наибольшим биологическим разнообразием характеризуются сообщества донных отложений в районе выхода нефти. При этом установлено, что доля фило типов, общих для всех исследуемых микробиоценозов, составляет 3,6 %.

Анализ культивируемых форм микроорганизмов показал, что в сообществах донных отложений присутствуют как гетеротрофные, так и углеводородоокисляющие бактерии. При этом доля углеводородоокисляющих бактерий коррелировала с уровнем нефтяного загрязнения природного субстрата. На основании метагеномного анализа и изучения биодеградативного потенциала культивируемых бактерий установлено, что в микробиоценозах исследуемой территории присутствуют деструкторы ароматических углеводов.

Таким образом, в результате проведенного исследования выявлены особенности бактериальных сообществ донных отложений, формирующихся в естественных условиях под давлением такого негативного фактора, как нефтяные углеводороды.

Библиографический список

1. Бикташева Л.Р., Кириченко А.А. Некоторые особенности бактериальных сообществ нефтедобывающих скважин Ромашинского месторождения // Геномика, метагеномика и молекулярная биология микроорганизмов: сборник тезисов. 2023. С. 16–18.
2. Бузмаков С.А. Загрязнение почв при углеводородных миграциях в карстовых районах // Антропогенная трансформация природной среды. 2019. № 5. С. 21–30.
3. Бузмаков С.А., Санников П.Ю., Кучин Л.С., Игошева Е.А., Абдулманова И.Ф. Применение беспилотной аэрофото съемки для диагностики техногенной трансформации природной среды при эксплуатации нефтяного месторождения // Записки Горного института. 2023. Т. 260. С. 180–193. doi: 10.31897/PMI.2023.22
4. Егорова Д.О., Санников П.Ю., Хотяновская Ю.В., Бузмаков С.А. Состав бактериальных сообществ нефтезагрязненных донных отложений реки Каменка // Вестник московского университета. Серия 16. Биология. 2023. Т. 78, № 1. С. 17–24.
5. Земская Т.И., Букин С.В., Ломакина А.В., Павлова О.Н. Микроорганизмы донных отложений Байкала – самого глубокого и древнего озера мира // Микробиология. 2021. Т. 90, № 3. С. 286–303.
6. Зырин Н.Г., Орлов Д.С. Физико-химические методы исследования почв. М.: Издательство Московского университета, 1964. 348 с.
7. Конторович А.Э., Каширцев В.А., Москвин В.И., Буриштейн Л.М., Земская Т.И., Калмычков Г.В., Костырева Е.А., Хлыстов О.М. Нетфегазоносность отложений оз. Байкал // Геология и геофизика. 2007. Т. 48. С. 1346–1356.
8. Нетрусов А.И., Егорова М.А., Захарчук Л.М. и др. Практикум по микробиологии: учеб. пособие для студ. высш. учеб. заведений / под ред. А.И. Нетрусова. М.: Издательский центр «Академия», 2005. 608 с.
9. Павлова О.Н., Изосимова О.Н., Горшков А.Г., Новикова А.С., Букин С.В., Иванов В.Г., Хлыстов О.М., Земская Т.И. Современное состояние глубоководного выхода нефти у мыса Горевой Утес (Средний Байкал) // Геология и геофизика. 2020. Т. 61. С. 1231–1240.
10. Петров А.А. Углеводороды нефти. М.: Наука. 1984. 280 с.
11. Чернов Т.И., Тхакахова А.К., Кутюева О.В. Оценка различных индексов разнообразия для характеристики почвенного прокариотного сообщества по данным метагеномного анализа // Почвоведение. 2015. № 4. С. 462–468.
12. Andrews S. FastQC: A Quality Control Tool for High Throughput Sequence Data; Babraham Bioinformatics, Babraham Institute: Cambridge, UK. 2010.
13. Buzmakov S.A., Khotyanovskaya Y.V. Degradation and pollution of lands under the influence of oil resources exploitation // Applied Geochemistry. 2020. V. 113. 104443. doi: 10.1016/j.apgeochem.2019.104443
14. Cabral L., Giovanella P., Pellizzer E.P., Teramoto E.H., Kiang C.H., Sette L.D. Microbial communities in petroleum-contaminated sites: Structure and metabolisms // Chemosphere. 2022. Vol. 286, No. 2. 131752. doi: 10.1016/j.chemosphere.2021.131752
15. Callahan B.J., McMurdie P.J., Rosen M.J., Han A.W., Johnson A.J., Holmes S.P. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data // Nat Methods. 2016. Vol. 13, No. 7. P. 581–3. doi: 10.1038/nmeth.3869
16. Chen H., Boutros P.C. VennDiagram: a package for the generation of highly-customizable Venn and Euler diagrams in R // BMC bioinformatics. 2011. Vol. 12. P. 1–7.
17. Gallego J.L.R., Peña-Álvarez V., Lara L.M., Baragaño D., Forján R., Colina A., Prosenkov A, Peláez A.I. Effective bioremediation of soil from the Burgan oil field (Kuwait) using compost: A comprehensive hydrocarbon and DNA fingerprinting study // Ecotoxicology Environmental Safety. 2022. Vol. 247. 114267. doi: 10.1016/j.ecoenv.2022.114267

Экология и природопользование

Егорова Д.О., Хотяновская Ю.В.

18. Gao H., Wu M., Liu H., Ou Y., Zhang T., Duan X. Unraveling the Positive Effect of Soil Moisture on the Bioaugmentation of Petroleum-Contaminated Soil Using Bioinformatics. // *Microbiol Ecology*. 2023. Vol. 86, No. 4. P. 2436–2446. doi: 10.1007/s00248-023-02245-3
19. Gao H., Wu M., Liu H., Xu Y., Liu Z. Effect of petroleum hydrocarbon pollution levels on the soil microecosystem and ecological function // *Environmental Pollution*. 2022. Vol. 293. 118511. doi: 10.1016/j.envpol.2021.118511
20. Gong W.-J., Niu Z.-F., Wang X.-R., Zhao H.-P. How the Soil Microbial Communities and Activities Respond to Long-Term Heavy Metal Contamination in Electroplating Contaminated Site // *Microorganisms*. 2021. Vol. 9. 362 p. doi: 10.3390/microorganisms9020362
21. Haritash A.K., Kaushik C.P. Biodegradation aspects of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs): a review // *Journal of Hazardous Materials*. 2009. Vol. 169, No. 1–3. P. 1–15. doi: 10.1016/j.jhazmat.2009.03.137
22. Hazen T.C., Dubinsky E.A., DeSantis T.Z., Andersen G.L., Piceno Y.M., Singh N., Jansson J.K., Probst A., Borglin S.E., Fortney J.L., Stringfellow W.T., Bill M., Conrad M.E., Tom L.M., Chavarria K.L., Alusi T.R., Lamendella R., Joyner D.C., Spier C., Baelum J., Auer M., Zemla M.L., Chakraborty R., Sonnenthal E.L., D'haeseleer P., Holman H.Y., Osman S., Lu Z., Van Nostrand J.D., Deng Y., Zhou J., Mason O.U. Deep-sea oil plume enriches indigenous oil-degrading bacteria // *Science*. 2010. Vol. 330. P. 204–8. doi: 10.1126/science.1195979
23. Huber H., Stetter K.O. Desulfurococcales // *The Procarriotes* / M. Dworkin, S. Falkow, E. Rosenberg, K.H. Schleifer, E. Stackebrandt. New York: Springer, 2006. P. 52–68.
24. Iturbe-Espinoza P., Brown D.M., Weedon J.T., Braster M., Brandt B.W., Bonte M., van Spanning R.J.M. Microbial communities associated with landfarming amendments during bioremediation of crude oil in Niger Delta soils // *Applied Soil Ecology*. 2023. Vol. 191. 105058. doi: 10.1016/j.apsoil.2023.105058
25. Jeanbille M., Gury J., Duran R., Tronczynski J., Ghiglione J.F., Agogué H., Saïd O.B., Taïb N., Debros D., Garnier C., Auguet J.C. Chronic Polyaromatic Hydrocarbon (PAH) Contamination Is a Marginal Driver for Community Diversity and Prokaryotic Predicted Functioning in Coastal Sediments // *Front Microbiology*. 2016. Vol. 7. 1303. doi: 10.3389/fmicb.2016.01303
26. Johnson J.M., Wawrik B., Isom C., Boling W.B., Callaghan A.V. Interrogation of Chesapeake Bay sediment microbial communities for intrinsic alkane-utilizing potential under anaerobic conditions // *FEMS Microbiology Ecology*. 2015. Vol. 91, No. 2. P. 1–14. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiu035>.
27. Kadnikov V.V., Lomakina A.V., Likhoshvai A.V., Gorshkov A.G., Pogodaeva T.V., Beletsky A.V., Mardanov A.V., Zemskaya T.I., Ravin N.V. Composition of the microbial communities of bituminous constructions at natural oil seeps at the bottom of Lake Baikal // *Microbiology*. 2013. Vol. 82. P. 373–382. doi: 10.1134/S0026261713030168
28. Kansour M.K., Al-Mailem D.M. Bioremediation of two oil-contaminated Kuwaiti hyper-saline soils by cross bioaugmentation and the role of indigenous halophilic/halotolerant hydrocarbonoclastic bacteria // *Environmental Technology and Innovation*. 2023. Vol. 32. 103259. doi: 10.1016/j.eti.2023.103259
29. King G.M., Kostka J.E., Hazen T.C., Sobecky P.A. Microbial responses to the Deepwater Horizon oil spill: from coastal wetlands to the deep sea // *Annual Review of Marine Science*. 2015. Vol. 7. P. 377–401. doi: 10.1146/annurev-marine-010814-015543
30. Kong L., Shan Q., Lai Y., Wang Y., Jin C., An C., Yang L., Zhang Z. Oil contamination drives the transformation of microbial communities and metabolic pathways involved in Phosphorous-cycling in coastal soil // *Journal of Soils and Sediments*. 2024. Vol. 24. P. 2638–2651. doi: 10.1007/s11368-024-03853-3
31. Lamendella R., Strutt S., Borglin S., Chakraborty R., Tas N., Mason O.U., Hultman J., Prestat E., Hazen T.C., Jansson J.K. Assessments of the Deepwater Horizon oil spill impact on Gulf coast microbial communities // *Frontiers in Microbiology*. 2014. Vol. 5. 130 p. doi: 10.3389/fmicb.2014.00130
32. Lehmann J., Rillig M.C., Thies J., Masiello C.A., Hockaday W.C., Crowley D. Biochar effects on soil biota – A review // *Soil Biology and Biochemistry*. 2011. Vol. 43, Iss. 9. P. 1812–1836. doi: 10.1016/j.soilbio.2011.04.022
33. Likhoshvai A., Lomakina A., Grachev M. The complete *alk* sequences of *Rhodococcus erythropolis* from Lake Baikal // *Springerplus*. 2014. Vol. 3. 621 p. doi: 10.1186/2193-1801-3-621
34. Lu X.Y., Zhang T., Fang H.H. Bacteria-mediated PAH degradation in soil and sediment // *Applied Microbiology and Biotechnology*. 2011. Vol. 89, No. 5. 1357–71. doi: 10.1007/s00253-010-3072-7
35. Mason O., Scott N., Gonzalez A., Robbins-Pianka A., Bælum J., Kimbrel J., Bouskill N.J., Prestat E., Borglin S., Joyner D.C., Fortney J.L., Jurelevicius D., Stringfellow W.T., Alvarez-Cohen L., Hazen T.C., Knight R., Gilbert J.A., Jansson J.K. Metagenomics reveals sediment microbial community response to Deepwater Horizon oil spill // *ISME Journal*. 2014. Vol. 8. P. 1464–1475. doi: 10.1038/ismej.2013.254
36. McMurdie P.J., Holmes S. Phyloseq: an R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data // *Public library of science one*. 2013. Vol. 8, No. 4. P. e61217.
37. Nejdat A., Meshulam M., Diaz-Reck D., Ronen Z. Emergence of hydrocarbon-degrading bacteria in crude oil-contaminated soil in a hyper arid ecosystem: Effect of phosphate addition and augmentation with nitrogen-fixing cyanobacteria on oil bioremediation // *International Biodeterioration and Biodegradation*. 2023. Vol. 178. 105556. doi: 10.1016/j.ibiod.2022.105556
38. Pannekens M., Kroll L., Müller H., Mbow F.T., Meckenstock R.U. Oil reservoirs, an exceptional habitat for microorganisms // *New Biotechnology*. 2019. Vol. 49. P. 1–9. doi: 10.1016/j.nbt.2018.11.006
39. Quast C., Pruesse E., Yilmaz P., Gerken J., Schweer T., Yarza P., Peplies J., Glöckner F.O. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. Opens external link in new window // *Nucleic Acids Research*. 2013. Vol. 41. D590–6. doi: 10.1093/nar/gks1219
40. Roy A.S., Baruah R., Borah M., Singh A.K., Boruah H.P.D., Saikia N., Deka M., Dutta N., Bora T.C. Bioremediation potential of native hydrocarbon degrading bacterial strains in crude oil contaminated soil under microcosm study // *International Biodeterioration and Biodegradation*. 2014. Vol. 94. P. 79–89. doi: 10.1016/j.ibiod.2014.03.024
41. Shahi A., Aydın S., İnce B., İnce O. Reconstruction of bacterial community structure and variation for enhanced petroleum hydrocarbons degradation through biostimulation of oil contaminated soil // *Chemical Engineering Journal*. 2016. Vol. 152. P. 60–66.

Экология и природопользование

Егорова Д.О., Хотяновская Ю.В.

42. Sheng Y., Liu Y., Yang J., Dong H., Liu B., Zhang H., Li A., Wei Y., Li G., Zhang D. History of petroleum disturbance triggering the depth-resolved assembly process of microbial communities in the vadose zone // *Journal of Hazardous Materials*. 2021. Vol. 402. 124060. doi: 10.1016/j.jhazmat.2020.124060
43. Sierra-Garcia I.N., Dellagnezze B.M., Santos V.P., Chaves B.M.R., Capilla R., Santos Neto E.V., Gray N., Oliveira V.M. Microbial diversity in degraded and non-degraded petroleum samples and comparison across oil reservoirs at local and global scales // *Extremophiles*. 2017. Vol. 21, No. 1. P. 211–229. doi: 10.1007/s00792-016-0897-8
44. Simoneit B.R.T., Aboul-Kassim T.A.T., Tiercelin J.J. Hydrothermal petroleum from lacustrine sedimentary organic matter in the East African Rift // *Applied Geochemistry*. 2000. Vol. 15, No. 3. P. 355–368. doi: 10.1016/S0883-2927(99)00044-X
45. Wickham H. *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis* / Springer-Verlag, New York. 2016. 124 p.
46. Zárate-del Valle P.F., Rushdi A.I., Simoneit B.R.T. Hydrothermal petroleum of Lake Chapala, Citala Rift, western Mexico: Bitumen compositions from source sediments and application of hrous pyrolysis // *Applied Geochemistry*. 2006. Vol. 21, No. 4. P. 701–712. doi: 10.1016/j.apgeochem.2006.01.002
47. Zhou Y., Wang Y., Yao S., Zhao X., Kong Q., Cui L., Zhang H. Driving mechanisms for the adaptation and degradation of petroleum hydrocarbons by native microbiota from seas prone to oil spills // *Journal of Hazardous Materials*. 2024. Vol. 476. 135060. doi: 10.1016/j.jhazmat.2024.135060

References

1. Biktasheva, L.R. and Kirichenko, A.A. (2023), “Some features of bacterial communities of oil-producing wells of the Romashinskoye field”, Conference of young scientists *Genomika, metagenomika i molekulyarnaya biologiya mikroorganizmov*, [Genomics, metagenomics and molecular biology of microorganisms], Moscow, 23-24 September 2023, pp. 16-18.
2. Buzmakov, S.A. (2019), “Soil pollution at hydrocarbon migrations in the karst areas”, *Anthropogenic Transformation of Nature*, no 5, pp. 21-30.
3. Buzmakov, S.A., Sannikov, P.Y., Kuchin, L.S., Igosheva, E.A. and Abdulmanova, I.F. (2023), “The use of unmanned aerial photography for interpreting the technogenic transformation of the natural environment during the oilfield operation”. *Journal of Mining Institute*. vol. 260, pp. 180-193. doi:10.31897/PMI.2023.22
4. Egorova, D.O., Sannikov, P.Y., Khotyanovskaya, Y.V. and Buzmakov, S.A. (2023), “Composition of Bacterial Communities in Oil-Contaminated Bottom Sediments of the Kamenka River”, *Moscow University Biological Sciences Bulletin*, vol. 78, no. 1, pp. 14-20.
5. Zemskaya, T.I., Bukin, S.V., Lomakina, A.V. and Pavlova, O.N. (2021), “Bottom Sediment Microorganisms of Lake Baikal, the Deepest and Oldest Lake in the World”, *Microbiology*, vol. 90, no. 3, pp. 286-303.
6. Zyrin, N.G. and Orlov, D.S. (1964), *Fiziko-himicheskie metody issledovaniya pochv* [Physicochemical methods of soil research], Moscow University Publishing House, Moscow, Russia.
7. Kontorovich, A.E., Kashirtsev, V.A., Moskvina, V.I., Burshtein, L.M., Zemskaya, T.I., Kostyreva, E.A., Kalmychkov, G.V. and Khlystov, O.M. (2007), “Petroleum potential of Baikal deposits”, *Russian Geology and Geophysics*, vol. 48, no. 12, pp. 1046-1053.
8. Pavlova, O.N., Izosimova, O.N., Gorshkov, A.G., Novikova, A.S., Bukin, S.V., Ivanov, V.G., Khlystov, O.M. and Zemskaya, T.I. (2020), “Current state of deep oil seepage near cape Gorevoi Utes (Central Baikal)”, *Russian Geology and Geophysics*, vol. 61, no. 9, pp. 1231-1240.
9. Petrov, A.A. (1984), *Uglevodorody nefiti* [Oil hydrocarbons], Nauka, Moscow, Russia.
10. Netrusov, A.I., Egorova, M.A., Zakharchuk, L.M. et al. (2005), *Praktikum po mikrobiologii: Ucheb. Posobie dlya stud. vyssh. ucheb. zavedenij* [Microbiology Workshop: Textbook. Manual for students of higher educational institutions], in Netrusov, A.I. (ed.), Academy, Moscow, Russia.
11. Chernov, T.I., Tkhakakhova, A.K. and Kutovaya, O.V. (2015), “Assessment of diversity indices for the characterization of the soil prokaryotic community by metagenomic analysis”, *Eurasian Soil Science*. vol. 48, no. 4, pp. 462-468.
12. Andrews, S. (2010), “FastQC: A Quality Control Tool for High Throughput Sequence Data”, Babraham Bioinformatics, Babraham Institute: Cambridge, UK.
13. Buzmakov, S.A. and Khotyanovskaya, Y.V. (2020), “Degradation and pollution of lands under the influence of oil resources exploitation”, *Applied Geochemistry*. vol. 113. 104443, <https://doi.org/10.1016/j.apgeochem.2019.104443>
14. Cabral, L., Giovanella, P., Pellizzer, E.P., Teramoto, E.H., Kiang, C.H. and Sette, L.D. (2022), “Microbial communities in petroleum-contaminated sites: Structure and metabolisms”, *Chemosphere*, vol. 286, no. 2, 131752, <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2021.131752>.
15. Callahan, B.J., McMurdie, P.J., Rosen, M.J., Han, A.W., Johnson, A.J. and Holmes, S.P. (2016), “DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data”, *Nat Methods*, vol. 13, no. 7, pp. 581-583, <https://doi.org/10.1038/nmeth.3869>.
16. Chen, H. and Boutros, P.C. (2011), “VennDiagram: a package for the generation of highly-customizable Venn and Euler diagrams in R”, *BMC bioinformatics*, vol. 12. pp. 1-7. doi:10.1186/1471-2105-12-35.
17. Gallego, J.L.R., Peña-Álvarez, V., Lara, L.M., Baragaño, D., Forján, R., Colina, A., Prosenkov, A. and Peláez, A.I. (2022), “Effective bioremediation of soil from the Burgan oil field (Kuwait) using compost: A comprehensive hydrocarbon and DNA fingerprinting study”, *Ecotoxicology Environmental Safety*, vol. 247. 114267, doi: 10.1016/j.ecoenv.2022.114267.
18. Gao, H., Wu, M., Liu, H., Ou, Y., Zhang, T. and Duan, X. (2023), “Unraveling the Positive Effect of Soil Moisture on the Bioaugmentation of Petroleum-Contaminated Soil Using Bioinformatics”, *Microbiol Ecology*. vol. 86, no. 4, pp. 2436-2446, doi: 10.1007/s00248-023-02245-3.
19. Gao, H., Wu, M., Liu, H., Xu, Y. and Liu, Z. (2022), “Effect of petroleum hydrocarbon pollution levels on the soil microecosystem and ecological function”, *Environmental Pollution*, vol. 293, 118511, <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2021.118511>.
20. Gong, W.-J., Niu, Z.-F., Wang, X.-R. and Zhao, H.-P. (2021), “How the Soil Microbial Communities and Activities Respond to Long-Term Heavy Metal Contamination in Electroplating Contaminated Site”, *Microorganisms*, vol. 9, 362. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9020362>.
21. Haritash, A.K. and Kaushik, C.P. (2009), “Biodegradation aspects of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs): A review”, *Journal of Hazardous Materials*, vol. 169, issues 1-3, pp. 1-15, <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2009.03.137>.

Экология и природопользование

Егорова Д.О., Хотяновская Ю.В.

22. Hazen, T.C., Dubinsky, E.A., DeSantis, T.Z., Andersen, G.L., Piceno, Y.M., Singh, N., Jansson, J.K., Probst, A., Borglin, S.E., Fortney, J.L., Stringfellow, W.T., Bill, M., Conrad, M.E., Tom, L.M., Chavarria, K.L., Alusi, T.R., Lamendella, R., Joyner, D.C., Spier, C., Baelum, J., Auer, M., Zemla, M.L., Chakraborty, R., Sonnenthal, E.L., D'haeseleer, P., Holman, H.Y., Osman, S., Lu, Z., Van Nostrand, J.D., Deng, Y., Zhou, J. and Mason, O.U. (2010), "Deep-sea oil plume enriches indigenous oil-degrading bacteria", *Science*, vol. 330, pp. 204-208, <https://doi.org/10.1126/science.1195979>.
23. Huber, H. and Stetter, K.O. (2006), "Desulfurococcales", in Dworkin M., Falkow S., Rosenberg E., Schleifer K.H., Stackebrandt E. (ed.), *The Procarotes*, Springer, New York, pp. 52-68.
24. Iturbe-Espinoza, P., Brown, D.M., Weedon, J.T., Braster, M., Brandt, B.W., Bonte, M. and van Spanning, R.J.M. (2023), "Microbial communities associated with landfarming amendments during bioremediation of crude oil in Niger Delta soils", *Applied Soil Ecology*, vol. 191, 105058, <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2023.105058>.
25. Jeanbille, M., Gury, J., Duran, R., Tronczynski, J., Ghiglione, J.F., Agogué, H., Said, O.B., Taib, N., Debroas, D., Garnier, C. and Auguet, J.C. (2016), "Chronic Polyaromatic Hydrocarbon (PAH) Contamination Is a Marginal Driver for Community Diversity and Prokaryotic Predicted Functioning in Coastal Sediments", *Frontiers in Microbiology*, vol. 7, 1303, <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01303>.
26. Johnson, J.M., Wawrik, B., Isom, C., Boling, W.B. and Callaghan, A.V. (2015), "Interrogation of Chesapeake Bay sediment microbial communities for intrinsic alkane-utilizing potential under anaerobic conditions", *FEMS Microbiology Ecology*, vol. 91, no. 2, pp. 1-14, <https://doi.org/10.1093/femsec/fiu035>.
27. Kadnikov, V.V., Lomakina, A.V., Likhoshvai, A.V., Gorshkov, A.G., Pogodaeva, T.V., Beletsky, A.V., Mardanov, A.V., Zemskaia, T.I. and Ravin, N.V. (2013), "Composition of the microbial communities of bituminous constructions at natural oil seeps at the bottom of Lake Baikal", *Microbiology*, vol. 82, pp. 373-382, <https://doi.org/10.1134/S0026261713030168>.
28. Kansour, M.K. and Al-Mailem, D.M. (2023), "Bioremediation of two oil-contaminated Kuwaiti hyper-saline soils by cross bioaugmentation and the role of indigenous halophilic/halotolerant hydrocarbonoclastic bacteria", *Environmental Technology and Innovation*, vol. 32, 103259, <https://doi.org/10.1016/j.eti.2023.103259>.
29. King, G.M., Kostka, J.E., Hazen, T.C. and Sobczyk, P.A. (2015), "Microbial responses to the Deepwater Horizon oil spill: from coastal wetlands to the deep sea", *Annual Review of Marine Science*, vol. 7, pp. 377-401, <https://doi.org/10.1146/annurev-marine-010814-015543>.
30. Kong, L., Shan, Q., Lai, Y., Wang, Y., Jin, C., An, C., Yang, L. and Zhang, Z. (2024), "Oil contamination drives the transformation of microbial communities and metabolic pathways involved in Phosphorous-cycling in coastal soil", *Journal of Soils and Sediments*, vol. 24, pp. 2638-2651, <https://doi.org/10.1007/s11368-024-03853-3>.
31. Lamendella, R., Strutt, S., Borglin, S., Chakraborty, R., Tas, N., Mason, O.U., Hultman, J., Prestat, E., Hazen, T.C. and Jansson, J.K. (2014), "Assessments of the Deepwater Horizon oil spill impact on Gulf coast microbial communities", *Frontiers in Microbiology*, vol. 5, 130, <https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00130>.
32. Lehmann, J., Rillig, M.C., Thies, J., Masiello, C.A., Hockaday, W.C. and Crowley, D. (2011), "Biochar effects on soil biota – A review", *Soil Biology and Biochemistry*, vol. 43, issue 9, pp. 1812-1836, <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2011.04.022>.
33. Likhoshvai, A., Lomakina, A. and Grachev, M. (2014), "The complete alk sequences of *Rhodococcus erythropolis* from Lake Baikal", *Springerplus*, vol. 3, 621, <https://doi.org/10.1186/2193-1801-3-621>.
34. Lu, X.Y., Zhang, T. and Fang, H.H. (2011), "Bacteria-mediated PAH degradation in soil and sediment", *Applied Microbiology and Biotechnology*, vol. 89, no. 5, 1357-1371, <https://doi.org/10.1007/s00253-010-3072-7>.
35. Mason, O., Scott, N., Gonzalez, A., Robbins-Pianka, A., Baelum, J., Kimbrel, J., Bouskill, N.J., Prestat, E., Borglin, S., Joyner, D.C., Fortney, J.L., Jurelevicius, D., Stringfellow, W.T., Alvarez-Cohen, L., Hazen, T.C., Knight, R., Gilbert, J.A. and Jansson, J.K. (2014), "Metagenomics reveals sediment microbial community response to Deepwater Horizon oil spill", *ISME Journal*, vol. 8, pp. 1464-1475, <https://doi.org/10.1038/ismej.2013.254>.
36. McMurdie, P.J. and Holmes, S. (2013), "Phyloseq: an R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data", *Public library of science one*, vol. 8, no. 4, e61217.
37. Nejidat, A., Meshulam, M., Diaz-Reck, D. and Ronen, Z. (2023), "Emergence of hydrocarbon-degrading bacteria in crude oil-contaminated soil in a hyper arid ecosystem: Effect of phosphate addition and augmentation with nitrogen-fixing cyanobacteria on oil bioremediation", *International Biodeterioration and Biodegradation*, vol. 178, 105556, <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2022.105556>.
38. Pannekens, M., Kroll, L., Müller, H., Mbow, F.T. and Meckenstock, R.U. (2019), "Oil reservoirs, an exceptional habitat for microorganisms", *New Biotechnology*, vol. 49, pp. 1-9, <https://doi.org/10.1016/j.nbt.2018.11.006>.
39. Quast, C., Pruesse, E., Yilmaz, P., Gerken, J., Schweer, T., Yarza, P., Peplies, J. and Glöckner, F.O. (2013), "The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. Opens external link in new window", *Nucleic Acids Research*, vol. 41, D590-6, <https://doi.org/10.1093/nar/gks1219>.
40. Roy, A.S., Baruah, R., Borah, M., Singh, A.K., Boruah, H.P.D., Saikia, N., Deka, M., Dutta, N. and Bora, T.C. (2014), "Bioremediation potential of native hydrocarbon degrading bacterial strains in crude oil contaminated soil under microcosm study", *International Biodeterioration and Biodegradation*, vol. 94, pp. 79-89, <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2014.03.024>.
41. Shahi, A., Aydın, S., İnce, B. and İnce, O. (2016), "Reconstruction of bacterial community structure and variation for enhanced petroleum hydrocarbons degradation through biostimulation of oil contaminated soil", *Chemical Engineering Journal*, vol. 152, pp. 60-66.
42. Sheng, Y., Liu, Y., Yang, J., Dong, H., Liu, B., Zhang, H., Li, A., Wei, Y., Li, G. and Zhang, D. (2021), "History of petroleum disturbance triggering the depth-resolved assembly process of microbial communities in the vadose zone", *Journal of Hazardous Materials*, vol. 402, 124060, <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2020.124060>.
43. Sierra-Garcia, I.N., Dellagnezze, B.M., Santos, V.P., Chaves, B.M.R., Capilla, R., Santos Neto, E.V., Gray, N. and Oliveira, V.M. (2017), "Microbial diversity in degraded and non-degraded petroleum samples and comparison across oil reservoirs at local and global scales", *Extremophiles*, vol. 21, no. 1, pp. 211-229, <https://doi.org/10.1007/s00792-016-0897-8>.

Экология и природопользование
Егорова Д.О., Хотяновская Ю.В.

44. Simoneit, B.R.T., Aboul-Kassim, T.A.T. and Tiercelin, J.J. (2000), "Hydrothermal petroleum from lacustrine sedimentary organic matter in the East African Rift", *Applied Geochemistry*, vol. 15, no. 3, pp. 355-368. [https://doi.org/10.1016/S0883-2927\(99\)00044-X](https://doi.org/10.1016/S0883-2927(99)00044-X).

45. Wickham, H. (2016), *Ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*, Springer-Verlag, New York.

46. Zárate-del Valle, P.F., Rushdi, A.I. and Simoneit, B.R.T. (2006), "Hydrothermal petroleum of Lake Chapala, Citala Rift, western Mexico: Bitumen compositions from source sediments and application of hydrous pyrolysis", *Applied Geochemistry*, vol. 21, no. 4, pp. 701-712. <https://doi.org/10.1016/j.apgeochem.2006.01.002>.

47. Zhou, Y., Wang, Y., Yao, S., Zhao, X., Kong, Q., Cui, L. and Zhang, H. (2024), "Driving mechanisms for the adaptation and degradation of petroleum hydrocarbons by native microbiota from seas prone to oil spills", *Journal of Hazardous Materials*, vol. 476, 135060, <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2024.135060>.

Статья поступила в редакцию: 25.09.24, одобрена после рецензирования: 10.10.24, принята к опубликованию: 12.12.24.

The article was submitted: 25 September 2024; approved after review: 10 October 2024; accepted for publication: 12 December 2024.

Информация об авторах

Дарья Олеговна Егорова

доктор биологических наук, доцент, профессор
кафедры биогеоценологии и охраны природы,
Пермский государственный
национальный исследовательский университет;
614068, Россия, г. Пермь, ул. Букирева, 15

Information about the authors

Darya O. Egorova

Doctor of Biological Sciences, Professor,
Department of Biogeocenology and Nature Protection,
Perm State University;

15, Bukireva st., Perm, 614068, Russia

e-mail: daryao@rambler.ru

Юлия Владимировна Хотяновская

кандидат географических наук,
старший преподаватель
кафедры биогеоценологии и охраны природы,
Пермский государственный
национальный исследовательский университет;
614068, Россия, г. Пермь, ул. Букирева, 15

Yuliya V. Khotyanovskaya

Candidate of Geographical Sciences, Senior Lecturer,
Department of Biogeocenology and Nature Protection,
Perm State University;

15, Bukireva st., Perm, 614068, Russia

e-mail: 79082412863@yandex.ru

Вклад авторов

Егорова Д.О. – идея, постановка задач исследования, анализ данных, подготовка рукописи статьи.

Хотяновская Ю.В. – проведение полевых работ и лабораторных экспериментов.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Contribution of the authors

Darya O. Egorova – idea; formulation of research objectives; data analysis; writing and design of the article.

Yuliya V. Khotyanovskaya – field works and laboratory experiments.

Conflict of interest. The authors declare no conflict of interest.