

**Природные и углеводородокисляющие микробные сообщества Баренцева и Печорского морей****Научный руководитель – Бонч-Осмоловская Елизавета Александровна*****Пыркин Владислав Олегович****Аспирант*

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра микробиологии, Москва, Россия

*E-mail: vladislav@yandex.ru*

Способность разлагать углеводороды свойственна широкому кругу микроорганизмов, включая психрофильных обитателей арктических морей. Их активность способствует самоочищению морей от нефтяных загрязнений, а также может служить индикатором нефтяных просачиваний. Смещение работ по разведке и добычи углеводородного сырья в морские территории влечет за собой неизбежные изменения в биоценозах. Для отслеживания изменений техногенного характера необходимо иметь представление о структуре и состоянии компонентов экосистем. Наше исследование заключалось в изучении разнообразия углеводородокисляющих бактерий (УОБ) в Баренцевом и Печорском морях. Район Баренцева и Печорского морей является очень перспективным в области добычи углеводородного сырья. В Российской части Баренцева моря открыты газовые и газоконденсатные месторождения, а в Печорском - нефтяные и нефтеконденсатные, среди которых “Приразломное” (Федоровский и др. 2005). Увеличение транспортного потока и потребление биоресурсов в Арктическом регионе привело к повышенному антропогенному влиянию на морские экосистемы (Кучейко и др., 2020).

С помощью высокопроизводительного секвенирования переменных фрагментов гена 16s рРНК мы проанализировали микробные сообщества грунта и воды Баренцева и Печорского моря, а также накопительные культуры (НК), использующие нефть или индивидуальные углеводороды (УВ) как источники углерода и энергии. На основании полученных результатов были определены доминирующие таксоны микроорганизмов в природных образцах, общие черты и различия в составе микробиомов двух морей; также были определены ключевые участники процессов разложения УВ.

В воде Баренцева моря доминируют представители семейства *Nitrospiraceae*, кластера SUP05 и клады Clade Ia, роды *Polaribacter*, *Luteolibacter* и *Nitrosopumilus*. В грунтах наиболее многочисленны бактерии рода *Woeseia*, неидентифицированные микроорганизмы из семейства *Desulfobulbaceae*, представители порядка NB1-j, Sva0081 sediment group и Sva1033. В воде Печорского моря преобладают представители семейства *Nitrospiraceae*, члены клады SAR86, SAR92 и Clade Ia, а также *Polaribacter* и *Amylibacter*. В грунтах доминирующими группами являются миксобактерии из семейства *Sandaracinaceae*, род *Woeseia*, неидентифицированные представители семейства *Desulfobulbaceae* и порядков *Sva1033*, *BD7-8*. Вероятно, разный состав микробных сообществ связан с различиями в солёности и глубине исследуемых морей. Баренцево море глубже, органическое вещество успевает частично разложиться в толще воды; это море характеризуется высокой солёностью от 30 до 36 ‰, которая формируется под взаимодействием водных масс из северной Атлантики (Сидорова, Щербинин, 2004, Писарев, 2021). Для более мелкого Печорского моря с солёностью от 11‰ до 30‰ характерно сильное опресняющее воздействие р. Печора (Ковалёв, 2006).

При использовании нефти НК из Баренцева моря в них наблюдалось доминирование *Pseudoalteromonas*, *Pseudomonas*, *Oleispira*, в меньшем количестве наблюдались *Psychrobacter*, *Colwellia*, *Sulfitobacter*, *Marinobacter*, *Hyphomonas*. Добавление к морской воде н-нонана и н-ундекана стимулировало рост *Pseudomonas*, *Pseudoalteromonas*, *Colwellia*, *Sulfitobacter*, *Dietzia*. Использование полициклического ароматического УВ - фенантрена привело к доминированию *Porticoccus*, *Pseudomonas*, *Pseudoalteromonas*, *Colwellia*. В НК с инокулятом Печорского моря при использовании нефти доминирующими таксонами были *Psychrobacter*, *Dietzia*, *Hyphomonas*, *Pseudoalteromonas*, *Planococcus*, *Sphingorhabdus*, *Rhodococcus*, *Marinobacter*, *Rhodobacteraceae*. н-Нонан и н-ундекан увеличивали долю *Psychrobacter*, *Sphingorhabdus*, *Dietzia*, *Rhodococcus*, *Hyphomonas*. ПАУ фенантрен стимулировал рост *Dietzia*, *Hyphomonas*, *Sphingorhabdus*, *Rhodococcus*.

Таким образом, благодаря результатам высокопроизводительного секвенирования варибельных участков генов 16s рРНК природных образцов была уточнена таксономическая характеристика и структура микробных сообществ исследуемых морей. Анализ микробных сообществ накопительных культур, использующих спектр углеводородных субстратов, дал информацию о таксонах, представители которых являются участниками процессов разложения нефти и входящих в ее состав алканов и ПАУ в исследованных акваториях.

#### Источники и литература

- 1) Ковалёв И. В. Современное гидрохимическое состояние акватории Печорского моря в районе проведения разведочного бурения на углеводороды // Вестник Мурманского государственного технического университета. – 2006. – Т. 9. – №. 5. – С. 839-842.
- 2) Кучейко, А. Ю., Иванов, А. Ю., Евтушенко, Н. В., Филимонова, Н. А., Терлеева, Н. В., Ивонин, Д. В., Александрова, А. Г. (2020). Пленочные загрязнения баренцева моря по данным радиолокационного мониторинга 2017–2019 гг. Экология и промышленность России, 24(7), 48-55.
- 3) Писарев С. В. Обзор гидрологических условий Баренцева моря. – 2021.
- 4) Сидорова А. Н., Щербинин А. Д. Внутригодовая изменчивость термохалинной структуры и циркуляции вод Баренцева моря по результатам модельных расчетов // Океанология. – 2004. – Т. 44. – №. 5. – С. 670-678.
- 5) Федоровский Ю. Ф., Захаров Е. В., Оксенойд Б. Е. Нефть Баренцева моря-новый этап освоения // Геология, геофизика и разработка нефтяных и газовых месторождений. – 2005. – №. 12. – С. 4-8.