

## Бактерии оз. Пясино и прилегающих рек после аварийного разлива дизельного топлива в 2020 г.

О. В. КОЛМАКОВА<sup>1, 2</sup>, М. Ю. ТРУСОВА<sup>1, 2</sup>, О. А. БАТУРИНА<sup>3</sup>, М. Р. КАБИЛОВ<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Институт биофизики Федерального исследовательского центра “Красноярский научный центр Сибирского отделения Российской Академии наук”  
660036, Красноярск, Академгородок, 50/50  
E-mail: kolmoles@ibp.krasn.ru

<sup>2</sup>Сибирский федеральный университет  
660041, Красноярск, просп. Свободный, 79

<sup>3</sup>Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН  
630090, Новосибирск, просп. Академика Лаврентьева, 8

Статья поступила 24.02.2021

После доработки 01.03.2021

Принята к печати 02.03.2021

### АННОТАЦИЯ

Впервые изучен состав бактерий воды и донных отложений оз. Пясино и прилегающих к нему рек с помощью высокопроизводительного секвенирования. На участках рек, подвергшихся воздействию нефтепродуктов в мае 2020 г., бактерий-деструкторов углеводородов не обнаружено. В реках Далдыкан и Амбарной, расположенных ниже по течению от места разлива, доминируют бактерии, окисляющие серу и мышьяк. В то же время в оз. Пясино эти бактерии не обнаружены, доминантами там являлись мелкие цианобактерии и нормальная олиготрофная микрофлора. Таким образом, состав бактерий воды и донных отложений Норило-Пясинской водной системы соответствует техногенному воздействию, которому она подвергается, а также демонстрирует буферные свойства оз. Пясино на пути стока воды в Карское море.

**Ключевые слова:** бактериопланктон, донные отложения, высокопроизводительное секвенирование, разливы нефти, оз. Пясино, 16S рРНК.

Арктические регионы особенно уязвимы перед деятельностью человека, при этом в силу природно-географических условий нефтяные разливы здесь более вероятны, а их последствия сложнее ликвидировать, чем в других регионах. После разливов нефти в водной экосистеме начинается биологическая деградация ее компонентов, преимущественно низкомолекулярных алифатических

углеводородов, микроорганизмами – бактериями и микроскопическими грибами [Davenport, 1982; Albers, 1992; Jernelov, 2010]. Резкое увеличение численности микроорганизмов наблюдается обычно в течение нескольких дней после разливов нефти [Davenport, 1982]. Бактерии, способные к деградации углеводородов, принадлежат к родам *Alcanivorax*, *Alteromonas*, *Cycloclasticus*, *Halomonas*, *Ma-*

*rinobacter*, *Oleiphilus*, *Oleispira* и *Pseudoalteromonas*, при этом *Alcanivorax* и *Marinobacter* специализируются на алифатических углеводородах, а *Alteromonas*, *Colwellia* и *Cycloclasticus* имеют повышенную способность к деградации полициклических ароматических углеводородов [Perhar, Arhonditsis, 2014; Krolicka et al., 2019]. Поэтому представители вышеперечисленных таксонов часто обнаруживаются в экосистемах при разливах нефтепродуктов. В целом, все представители класса гаммапротеобактерий считаются способными к деградации углеводородов, особенно в морских экосистемах [Perhar, Arhonditsis, 2014]. Однако результаты экспериментов в мезококмах показывают также, что ведущую роль в деградации углеводородов в бореальных олиготрофных пресноводных экосистемах могут играть альфапротеобактерии [Cederwall et al., 2020]. Эффективность микробной деградации нефтепродуктов зависит от температуры воды, ее солености, общей минерализации, рН, концентрации элементов минерального питания, растворенного кислорода и начальной численности микроорганизмов, способных к биодеградации [Albers, 1992].

Норило-Пясинская водная система – это сеть природных озер и рек, расположенная на севере Красноярского края. Бассейн р. Пясина является местом обитания редких видов гидробионтов, в том числе ценных видов северных рыб. В то же время этот район находится под постоянной антропогенной нагрузкой, обусловленной нахождением в нем Надеждинского металлургического завода (НМЗ). В мае 2020 г. произошла техногенная катастрофа, в результате которой большой объем нефтепродуктов попал в руч. Безымянный и распространился далее вниз по течению.

Цель данной работы – исследование таксономического состава бактерий толщи воды и донных отложений Норило-Пясинской водной системы методом секвенирования следующего поколения. Главной задачей было определить влияние техногенной аварии, произошедшей в мае 2020 г., на численность и состав бактерий рек Далдыкан, Амбарной, Пясина, а также оз. Пясина, расположенных ниже по течению от места утечки нефтепродуктов. Задача несколько осложнялась тем, что таксономический состав бактериопланктона в этой системе изучается впервые, т. е.

отсутствовала исходная точка для сравнения. В связи с этим были взяты фоновые пробы на р. Амбарной выше места впадения р. Далдыкан, а также р. Норильской, т. е. в местах, в которые нефтепродукты в результате утечки не попали.

## МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Пробы собирали на 13 станциях (см. карту в статье Д. М. Безматерных и др. настоящего спецвыпуска) в период с 4–11 августа 2020 г.: в руч. Безымянном (Надеждинский) (ст. 1), в который во время утечки попало дизельное топливо; в р. Далдыкан выше (ст. 2) и ниже (ст. 3) устья руч. Безымянного; в р. Амбарной выше (ст. 4) и ниже (ст. 5, 6 и 13) устья р. Далдыкан; в р. Норильской (ст. 12); в оз. Пясина (ст. 7–10), в которое впадают реки Амбарная и Норильская; в истоке вытекающей из озера р. Пясина (ст. 11). Таким образом, станции 2, 4 и 12 находились в фоновых зонах, не подвергавшихся воздействию аварийного разлива нефтепродуктов в мае 2020 г. В реках и прибрежных участках оз. Пясина пробы отбирали пластиковым ведром из поверхностного горизонта. На глубоководных участках озера отбирали интегральные пробы воды (образцы F08 и F10) с помощью батометра типа Рутнера. Пробы для определения общей численности бактериопланктона отбирали в трех повторностях: по 10 мл воды помещали в стерильные пенициллиновые флаконы и добавляли по 0,5 мл формальдегида. Для определения таксономического состава планктонных бактерий бактериопланктон концентрировали из объема 0,1–2,5 л фильтрованием на мембранные фильтры с диаметром пор 0,22 мкм (Whatman, США). Донные отложения отбирали стерильным пластиковым шприцем с отрезанным игольным концом в трех разных точках каждого участка и объединяли в одну пробу. Фильтры и донные отложения помещали в пластиковые zip-пакеты и хранили в морозильной камере при температуре –18 °С.

### *Общая численность бактериопланктона*

Общую численность бактерий оценивали методом эпифлуоресцентной микроскопии с использованием флуорохрома ДАФИ

(4',6-диамидино-2-фенилиндо́л). После инкубирования исследуемой пробы воды с ДАФИ в течение 5 минут в темноте бактерии концентрировали фильтрованием на мембранном фильтре черного цвета с диаметром пор 0,2 мкм. Бактериальные клетки на фрагментах фильтра фотографировали при помощи системы фотодокументации, объединенной с эпифлуоресцентным микроскопом Axioscope 40 (Zeiss, Германия). Для определения численности и биомассы бактериопланктона использовались электронные фотографии 20 полей фильтра. Каждый снимок обрабатывался в программе ImageJ v 1.53 (Wayne Rasband National Institutes of Health, USA, <http://imagej.nih.gov/ij>).

#### **Идентификация бактерий методом высокопроизводительного секвенирования по участку 16S рПНК гена**

Геномную ДНК из 13 проб бактериопланктона, сконцентрированного на фильтрах с диаметром пор 0,2 мкм, и из 13 проб донных отложений выделяли с помощью набора Fast DNA Spin Kit for Soil (MPbio, США) по протоколу производителя. Количество выделенной геномной ДНК анализировали методами спектрофотометрии и флуориметрии.

Регион V3-V4 гена 16S рПНК был амплифицирован с помощью праймеров 343F (5'-CTCCTACGRRSGCAGCAG-3') и 806R (5'-GGACTACNVGGGTWTCTAAT-3'), содержащих адаптерные последовательности (Illumina), линкер и баркод [Fadrosh et al., 2014]. Амплификацию проводили согласно предыдущей работе [Martemyanov et al., 2016]. Ампликоны смешивали по 200 нг каждого и чистили в 1%-м агарозном геле с помощью набора MinElute Gel Extraction Kit (Qiagen, USA). Секвенирование проводили в ЦКП "Геномика" СО РАН (ИХБФМ СО РАН) на секвенаторе MiSeq (Illumina, USA), используя набор Reagent Kit v3 (2×300, Illumina).

Полученные парные последовательности анализировали с помощью UPARSE скриптов [Edgar, 2013], используя Usearch v11.0.667 [Edgar, 2010]. Биоинформатическая обработка включала перекрывание парных ридов, фильтрацию по качеству и длине, учет одинаковых последовательностей, отбрасывание синглетонов, удаление химер и получение ОТЕ

(операционные таксономические единицы) с помощью алгоритма кластеризации UPARSE [Edgar, 2017].

Таксономическая принадлежность последовательностей ОТЕ определялась с помощью SINTAX [Edgar, 2016] и референсной базы 16S RDP training set v16 [Wang et al., 2007]. Альфа- и бета-разнообразие анализировали Usearch.

## **РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ**

### **Численность бактериопланктона**

Численность и биомасса бактериопланктона приведены в табл. 1. Показатели развития бактериопланктона варьировали в пределах одного порядка, от 0,4 до 2,7 млн кл/мл, что свидетельствует о низкой трофности системы. Для сравнения, например, в нижнем течении р. Енисей, который также считается олиготрофной экосистемой, численность бактериопланктона достигает значений более 15 млн кл/мл [Gladyshev et al., 2015]. Таким образом, в оз. Пясино и прилегающих реках явных всплесков численности бактерий, зафиксированных в некоторых водоемах после нефтяных разливов [Davenport, 1982; Albers, 1992; Jernelov, 2010; Perhar, Arhonditsis, 2014], не отмечено (см. табл. 1). Вероятно, после сбора разлитой нефти в реках бактериопланктон, формирующийся в верховьях, уже не имел дополнительного органического субстрата для развития. Минимальное значение численности и биомассы бактериопланктона обнаружено в р. Пясино (см. табл. 1).

### **Таксономический состав бактерий**

Таксономический состав доминантных бактерий планктона и донных отложений представлен в табл. 2 и 3. Стоит отметить, что среди доминантных бактерий, специализирующихся на деградации углеводов, не обнаружено. Тем не менее среди доминантов бактериального сообщества можно выделить несколько интересных представителей. Так, в бактериопланктоне пробы из устья р. Амбарной (см. табл. 2, образец F06) доминирует ОТЕ 53 *Thiovirga sulfuroxydans* – мезофильный хемолитоавтотроф, способный к окислению серы, впервые выделенный из сточных

Численность и биомасса бактериопланктона в воде рек и озера Норило-Пясинской водной системы  
(среднее значение  $\pm$  стандартное отклонение)

Объект	Станция	Дата	Численность, $10^6$ кл/мл	Биомасса, мг/л
руч. Безымянный, в районе разлива нефтепродуктов	1	04.08.2020	2,333 $\pm$ 0,433	0,116 $\pm$ 0,022
р. Далдыкан, выше по течению от места впадения руч. Безымянного (фоновая зона)	2	04.08.2020	0,852 $\pm$ 0,253	0,043 $\pm$ 0,013
р. Далдыкан, устье	3	05.08.2020	2,302 $\pm$ 0,302	0,115 $\pm$ 0,015
р. Амбарная, выше по течению от места впадения р. Далдыкан (фоновая зона)	4	05.08.2020	0,773 $\pm$ 0,164	0,039 $\pm$ 0,008
р. Амбарная, ниже впадения р. Далдыкан	5	05.08.2020	2,744 $\pm$ 0,773	0,137 $\pm$ 0,039
р. Амбарная, устье, выше боновых заграждений	6	09.08.2020	0,492 $\pm$ 0,142	0,025 $\pm$ 0,007
оз. Пясино, мыс Тонкий	7	11.08.2020	3,055 $\pm$ 0,554	0,153 $\pm$ 0,028
оз. Пясино, прибрежный участок	8	11.08.2020	2,271 $\pm$ 0,270	0,114 $\pm$ 0,015
оз. Пясино, центр (глубина 2,9 м)	9	11.08.2020	0,472 $\pm$ 0,167	0,024 $\pm$ 0,008
оз. Пясино, мыс Гольй	10	11.08.2020	0,498 $\pm$ 0,148	0,025 $\pm$ 0,007
оз. Пясино, прибрежный участок	11	11.08.2020	0,361 $\pm$ 0,091	0,018 $\pm$ 0,005
оз. Пясино, центр (глубина 6,7 м)	12	09.08.2020	0,846 $\pm$ 0,299	0,042 $\pm$ 0,015
Исток р. Пясино из озера	13	09.08.2020	1,692 $\pm$ 0,443	0,085 $\pm$ 0,022

вод [Ito et al., 2005]. Во всех пробах бактериопланктона рек, расположенных вниз по течению от места расположения НМЗ (см. табл. 2, образцы F01, F03, F05, F13), доминируют ОТЕ 20 *Sulfurovum* и ОТЕ 29 *Acidovorax*. Некультивируемые представители рода *Sulfurovum* – строго анаэробные хемолитоавтотрофы, окисляющие серные соединения [Mino et al., 2014]. *Acidovorax* – это аэробный хемоорганотроф, бактерии этого рода обнаруживаются в различных местах обитания: вода, почва, активированные илы, клинические образцы, растения [Willems et al., 1990]. ОТЕ 31 *Thiomonas arsenitoxydans* также доминирует в нескольких пробах, взятых на этих станциях (см. табл. 2, образцы F01, F03, F05, табл. 3, образцы S01, S03, S05). *Thiomonas arsenitoxydans* – это способные к окислению мышьяка факультативные хемоавтотрофы, как правило, населяющие кислые шахтные воды [Slyemi et al., 2011]. Еще один хемолитоавтотроф ОТЕ 72 *Sulfuriferula plumbophilus* – сероокисляющая бактерия [Watanabe et al., 2015] – преобладал в образце донных отложений р. Амбарной ниже впадения р. Далдыкан (см. табл. 2, S05).

В то же время в пробах, расположенных выше по течению от мест возможного попадания нефтепродуктов, не было ярко выражен-

ных доминантов, за исключением ст. 4, где доминировал ОТЕ 77 *Gemmobacter* – некультивируемый представитель сем. Rhodobacteriaceae (см. табл. 2, F04, табл. 3, S04) [Pohlner et al., 2019].

В оз. Пясино, а также реках Норильской и Пясино преобладали ОТЕ 4 GrIIa и ОТЕ 218 GrIIa – некультивируемая группа цианобактерий, в которую входят два рода – *Prochlorococcus* и *Synechococcus*, которые невозможно разделить по последовательности гена *16S rPHK* [Biller et al., 2015]. Данные цианобактерии – одна из доминантных групп микроорганизмов в олиготрофных морских водах, населяющая эвфотическую зону. *Synechococcus* присутствует повсеместно, в то время как *Prochlorococcus* встречается в теплых океанских водах и почти отсутствует в высоких широтах. Таким образом, вероятнее, что в озере Пясино наблюдалось развитие *Synechococcus*.

альфа-Разнообразие сообществ бактерий сильно различалось между пробами (табл. 4). Самые низкие индексы разнообразия были у пробы бактериопланктона, взятой в районе разлива нефтепродуктов – в ручье Безымянном (см. табл. 4, F01), а также у прибрежной пробы из оз. Пясино (см. табл. 4, F08). Напротив, наибольшие значения альфа-разнообразия бактериопланктона наблюдались на ст. 2,

Класс	Семейство	ОТЕ	руч. Безымянный			р. Даликан			р. Амбарная			р. Норильская			оз. Пясино			р. Пясино
			F01	F02	F03	F04	F05	F06	F13	F12	F07	F08	F09	F10	F11			
Cyanobacteria	Family II	OTE 4 (нек. GpIIa)	0,0	0,0	0,1	0,1	0,0	0,0	1,4	11,2	28,3	27,1	12,3	35,7	16,9			
Beta-proteobacteria	Somamonadaceae	OTE 29 (нек. Acidovorax)	33,7	0,1	19,4	1,4	7,2	2,7	17,7	0,1	0,3	0,1	0,0	0,0	0,0			
Epsilonproteobacteria	Helicobacteraceae	OTE 20 (нек. Sulfurovum)	14,6	0,0	13,2	0,0	16,7	1,2	19,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
Cyanobacteria	Family II	OTE 218 (нек. GpIIa)	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,1	2,5	9,0	6,3	10,5	14,3	8,5			
Beta-proteobacteria	Burkholderiales incertae sedis	OTE 31 (Thiomonas arsenitoxydans)	5,0	0,0	18,7	0,0	21,8	2,3	1,0	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0			
Gamma-proteobacteria	Halothiobacillaceae	OTE 53 (Thiovirga sulfuroxydans)	3,9	0,0	2,8	0,0	4,1	31,9	0,2	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0			
Cyanobacteria	Family II	OTE 25 (нек. GpIIa)	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	1,5	2,0	2,4	13,1	7,9	9,4			
Actinobacteria	нек. Actinomycetales	OTE 13 (нек. Actinomycetales)	0,0	0,5	0,2	0,1	0,1	0,1	0,0	5,7	4,6	5,8	5,0	1,1	4,8			
Alphaproteobacteria	Sphingomonadaceae	OTE 37 (Sphingorhabdus woopenensis)	0,1	2,2	0,0	2,7	0,5	0,1	0,9	1,9	4,3	3,2	4,8	1,8	3,4			
Gamma-proteobacteria	Halothiobacillaceae	OTE 22 (нек. Halothiobacillus)	1,2	0,0	8,0	0,0	5,7	8,8	0,5	0,0	0,0	0,4	0,0	0,0	0,0			
Actinobacteria	Microbacteriaceae	OTE 676 (нек. Microbacteriaceae)	0,0	0,2	0,0	3,0	0,7	0,3	19,1	0,1	0,2	0,2	0,2	0,1	0,0			
Beta-proteobacteria	Burkholderiaceae	OTE 127 (Polynucleobacter necessarius subsp. asymbioticus)	0,0	0,1	0,1	7,2	1,3	0,3	1,3	2,5	1,1	1,6	3,0	1,0	1,0			
Beta-proteobacteria	Somamonadaceae	OTE 212 (нек. Limnhabitans)	0,1	0,0	0,1	6,8	0,3	0,1	0,2	6,7	1,5	1,4	1,2	0,6	0,6			
Actinobacteria	Microbacteriaceae	OTE 270 (Rhodoluna laticola)	0,0	0,0	0,0	4,1	1,3	2,3	6,7	1,1	0,5	0,7	1,4	0,3	0,2			
Alphaproteobacteria	Rhodobacteraceae	OTE 77 (нек. Gemmibacter)	0,0	0,2	0,0	13,9	0,4	0,1	0,1	0,3	1,1	0,4	0,8	0,4	0,5			
Actinobacteria	нек. Acidimicrobiales	OTE 18 (нек. Acidimicrobiales)	0,0	1,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,3	0,9	1,4	3,1	2,5	6,3			
Beta-proteobacteria	Somamonadaceae	OTE 59 (нек. Limnhabitans)	0,0	0,0	0,0	1,8	0,0	0,0	0,0	3,2	3,4	1,5	3,6	0,6	2,4			
Gamma-proteobacteria	Pseudomonadaceae	OTE 91 (нек. Pseudomonas)	11,3	0,0	4,5	0,0	0,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
Actinobacteria	нек. Actinomycetales	OTE 36 (нек. Actinomycetales)	0,0	0,0	0,0	0,5	0,1	0,0	4,5	1,2	1,5	1,6	3,5	1,9	1,0			
Actinobacteria	Microbacteriaceae	OTE 44 (нек. Microbacteriaceae)	0,0	0,0	0,0	2,9	0,5	0,1	0,4	3,8	1,0	2,1	1,2	0,8	0,7			
Flavobacteriia	Flavobacteriaceae	OTE 66 (нек. Flavobacterium)	2,6	0,0	0,7	0,5	1,5	5,2	0,0	1,9	0,3	0,1	0,1	0,0	0,0			
Beta-proteobacteria	Sulfuricellaceae	OTE 72 (Sulfuriferula plumbophilus)	0,0	0,0	3,1	0,0	7,7	0,9	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
Actinobacteria	Microbacteriaceae	OTE 64 (нек. Microbacterium)	0,8	0,1	1,4	0,6	3,5	0,1	1,9	0,0	0,1	0,4	0,0	0,0	0,0			
Actinobacteria	нек. Actinomycetales	OTE 98 (нек. Actinomycetales)	0,0	0,0	0,1	0,1	0,1	0,1	0,0	2,4	1,1	1,1	2,1	0,3	1,5			
Actinobacteria	Microbacteriaceae	OTE 7648 (нек. Microbacteriaceae)	0,0	0,0	0,0	3,3	0,3	0,2	4,0	0,5	0,0	0,1	0,1	0,0	0,0			
Gamma-proteobacteria	Xanthomonadaceae	OTE 397 (Arenimonas maotaiensis)	0,0	0,0	0,0	8,1	0,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
Armatimonadia	Armatimonadaceae	OTE 40 (нек. Armatimonas/ Armatimonadetes gp1)	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,7	2,2	1,1	1,2	0,8	0,5			





Класс	Семейство	ОТЕ	р. Пясина												
			руч. Безымянный	р. Дядь- кан	р. Амбарная	р. Норильская	оз. Пясина	р. Пясина							
			S01	S02	S03	S04	S05	S06	S13	S12	S07	S08	S09	S10	S11
Acidobacteria Gp16	Gp16	OTE 187 (нек. Gp16)	0,4	5,7	0,1	0,1	2,5	5,6	3,6	9,5	4,9	9,1	26,8	18,4	5,5
Acidobacteria Gp16	Gp16	OTE 329 (нек. Gp16)	0,6	1,9	0,1	0,1	0,9	0,9	3,1	10,7	2,3	10,6	8,2	9,9	2,8
Gamma-proteobacteria	Halotheobacillaceae	OTE 22 (нек. Halotheobacillus)	2,5	0,0	20,6	0,0	6,9	0,5	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Beta-proteobacteria	Burkholderiales incertae sedis	OTE 31 (Thiomonas arsenitoxydans)	6,8	0,0	14,7	0,0	6,8	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Beta-proteobacteria	Sulfuricellaceae	OTE 72 (Sulfuriferula plumbophilus)	0,3	0,0	1,6	0,0	17,5	1,6	1,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Acidobacteria Gp16	Gp16	OTE 226 (нек. Gp16)	1,4	0,0	0,2	1,4	1,1	2,1	5,4	2,6	0,2	0,6	0,2	3,3	0,3
нек. Acidobacteria	нек. Acidobacteria	OTE 354 (нек. Acidobacteria)	0,2	0,6	0,1	0,0	0,4	0,7	0,7	4,5	0,7	2,9	2,2	1,7	1,1
Acidobacteria Gp16	нек. Acidobacteria Gp16	OTE 262 (нек. Acidobacteria Gp16)	0,1	0,5	0,0	0,0	0,1	1,1	0,2	0,9	1,9	0,2	2,1	0,7	7,1
Actinobacteria	Intrasporangiaceae	OTE 55 (нек. Intrasporangiaceae)	0,4	1,5	0,1	0,1	0,5	1,4	4,2	2,4	1,6	0,1	1,0	0,8	1,0
Alphaproteobacteria	Rhodobacteraceae	OTE 77 (нек. Gemmobacter)	0,0	0,8	0,1	9,8	1,9	0,5	0,5	0,2	0,1	0,0	0,0	0,2	0,6
Actinobacteria	нек. Actinomycetales	OTE 521 (нек. Actinomycetales)	0,0	0,4	0,0	0,0	0,1	0,4	0,1	0,2	2,9	0,4	7,6	1,2	1,1
Actinobacteria	Microbacteriaceae	OTE 64 (нек. Microbacterium)	1,7	0,1	3,2	0,6	6,4	0,2	0,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Actinobacteria	Cellulomonadaceae	OTE 525 (нек. Actinotalea)	3,7	0,4	3,7	0,1	1,9	0,4	1,1	0,2	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0
Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiaceae	OTE 742 (нек. Luteolibacter)	0,0	0,0	0,0	8,0	0,3	1,1	0,8	0,4	0,0	0,0	0,0	0,1	0,1
Beta-proteobacteria	нек. Beta-proteobacteria	OTE 264 (нек. Beta-proteobacteria)	0,4	0,0	0,1	0,0	1,2	7,9	1,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Alphaproteobacteria	Sphingomonadaceae	OTE 37 (Sphingorhabdus wooponensis)	0,1	2,7	0,2	1,2	1,3	2,0	0,9	0,4	0,5	0,0	0,0	0,2	0,7
Holophagae	Holophagaceae	OTE 153 (Geothrix fermentans)	1,4	0,0	7,4	0,0	0,1	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Acidobacteria Gp16	Gp16	OTE 2222 (нек. Gp16)	0,4	0,1	0,0	0,0	0,4	1,7	1,9	2,0	0,0	0,3	0,2	1,7	0,1
Actinobacteria	Microbacteriaceae	OTE 100 (нек. Microbacteriaceae)	0,2	2,3	0,1	0,5	1,0	0,6	0,7	0,2	0,4	0,2	0,4	1,3	0,7
Actinobacteria	нек. Actinobacteria	OTE 435 (нек. Actinobacteria)	0,0	0,5	0,0	0,0	0,1	0,0	0,2	0,5	1,0	0,2	4,2	0,3	0,9
Actinobacteria	Gaiellaceae	OTE 636 (Gaiella occulta)	0,0	0,5	0,0	0,0	0,1	1,1	0,1	0,6	2,1	0,3	0,7	0,4	2,0
Alphaproteobacteria	Sphingomonadaceae	OTE 216 (нек. Novosphingobium)	0,4	2,9	0,6	0,1	0,3	0,4	0,3	0,2	1,4	0,0	0,0	0,1	1,2
Beta-proteobacteria	Hydrogenophilaceae	OTE 615 (нек. Thiobacillus)	0,7	0,5	0,3	0,1	4,7	0,7	0,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
Actinobacteria	Iamiaceae	OTE 109 (нек. Iamiaceae)	0,0	0,5	0,0	0,0	0,1	0,2	0,1	0,4	0,8	0,5	3,0	1,2	0,8
Gemmatimonadetes	Gemmatimonadaceae	OTE 348 (нек. Gemmatimonas)	0,1	0,3	0,1	0,0	0,1	0,5	0,1	0,9	1,4	0,3	0,4	0,4	2,7
нек. Bacteria	нек. Bacteria	OTE 320 (нек. Bacteria)	0,1	0,7	0,0	0,0	0,1	0,4	0,1	0,6	2,5	1,1	0,9	0,3	0,4

Acidobacteria Gp16	Gp16	OTE 6779 (нек. Gp16)	0,1	0,5	0,0	0,0	0,3	0,1	0,8	0,1	0,0	0,3	0,1	4,7	0,1
Acidobacteria Gp16	Gp16	OTE 2441 (нек. Gp16)	0,2	0,0	0,0	0,0	0,2	0,7	1,0	2,1	0,0	0,8	0,1	1,9	0,0
Deltaproteobacteria	Desulfobulbaceae	OTE 962 (нек. Desulfocapsa)	5,3	0,0	0,3	0,0	0,3	0,1	1,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Betaproteobacteria	Comamonadaceae	OTE 2953 (нек. Rhodoferrax)	0,4	0,4	0,7	1,2	0,7	1,3	0,7	0,3	0,2	0,0	0,0	0,1	0,2
Deltaproteobacteria	нек. Desulfobacterales	OTE 688 (нек. Desulfobacterales)	6,1	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Alphaproteobacteria	Sphingomonadaceae	OTE 85 (нек. Sphingomonas)	0,1	2,9	0,1	0,0	0,2	0,5	0,2	0,1	1,1	0,0	0,1	0,2	0,9
Cyanobacteria	нек. Cyanobacteria	OTE 378 (нек. Cyanobacteria)	0,0	0,0	0,0	6,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Actinobacteria	нек. Actinomycetales	OTE 545 (нек. Actinomycetales)	0,0	0,0	0,0	4,6	0,1	0,0	0,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Acidobacteria Gp4	Gp4	OTE 407 (нек. Gp4)	0,1	0,1	0,0	0,0	0,0	0,1	0,1	0,7	2,3	0,5	0,6	0,5	0,4
Acidobacteria Gp6	Gp6	OTE 317 (нек. Gp6)	0,1	0,3	0,0	0,0	0,1	0,1	0,1	0,8	0,6	1,8	0,2	0,2	0,6
Gammaaproteobacteria	Xanthomonadaceae	OTE 471 (нек. Rhodanobacter)	0,3	0,0	3,7	0,0	0,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Nitrospira	Nitrospiraceae	OTE 1037 (нек. Nitrospira)	0,1	0,4	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	0,1	2,0	1,0	0,4	0,2	0,5
Alphaproteobacteria	Rhodobacteraceae	OTE 1059 (нек. Rhodobacteraceae)	0,0	0,7	0,0	1,6	0,8	0,4	0,7	0,1	0,1	0,0	0,0	0,0	0,3
Actinobacteria	нек. Actinomycetales	OTE 1320 (нек. Actinomycetales)	0,0	0,1	0,0	0,1	0,0	0,1	0,2	0,2	0,4	0,3	1,2	1,6	0,6
Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiaceae	OTE 62 (нек. Lutolibacter)	0,0	1,2	0,0	2,1	0,1	0,0	0,6	0,2	0,1	0,1	0,0	0,1	0,1
нек. Bacteroidetes	нек. Bacteroidetes	OTE 708 (нек. Bacteroidetes)	0,5	0,0	0,1	0,8	0,1	0,2	2,6	0,2	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0
Actinobacteria	нек. Actinomycetales	OTE 857 (нек. Actinomycetales)	0,0	0,4	0,0	0,0	0,1	0,2	0,1	0,1	1,1	0,0	1,6	0,5	0,4
Alphaproteobacteria	Sphingomonadaceae	OTE 277 (Polymorphobacter multimanifer)	0,0	3,6	0,0	0,2	0,1	0,1	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Deltaproteobacteria	Geobacteraceae	OTE 1291 (нек. Geobacter)	2,5	0,1	0,2	0,0	0,1	0,8	0,3	0,2	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0
Acidobacteria Gp6	Gp6	OTE 2047 (нек. Gp6)	0,0	2,8	0,0	0,0	0,2	0,0	0,2	0,1	0,2	0,1	0,1	0,2	0,2
Flavobacteriia	Flavobacteriaceae	OTE 695 (нек. Lutibacter)	3,2	0,0	0,2	0,0	0,1	0,1	0,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Alphaproteobacteria	Rhodobacteraceae	OTE 4307 (нек. Rhodobacteraceae)	0,0	0,0	0,0	3,4	0,1	0,0	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Acidobacteria Gp4	Aridibacter	OTE 618 (нек. Aridibacter)	0,0	0,9	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,2	1,6	0,1	0,1	0,3	0,4
Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiaceae	OTE 343 (нек. Verrucomicrobiaceae)	0,0	0,0	0,0	1,7	0,8	0,0	0,4	0,1	0,1	0,0	0,1	0,1	0,1
Deltaproteobacteria	нек. Desulfobacterales	OTE 941 (нек. Desulfobacterales)	2,8	0,0	0,3	0,0	0,1	0,1	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Deltaproteobacteria	Desulfobulbaceae	OTE 856 (нек. Desulfocapsa)	2,3	0,0	0,1	0,0	0,1	0,0	0,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
нек. Bacteria	нек. Bacteria	OTE 469 (нек. Bacteria)	2,4	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Betaproteobacteria	нек. Betaproteobacteria	OTE 958 (нек. Betaproteobacteria)	0,7	0,0	2,2	0,0	0,2	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Alphaproteobacteria	Sphingomonadaceae	OTE 198 (нек. Novosphingobium)	0,1	0,0	2,5	0,0	0,1	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
нек. Bacteria	нек. Bacteria	OTE 489 (нек. Bacteria)	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	2,6	0,0	0,0
нек. Firmicutes	нек. Firmicutes	OTE 335 (нек. Firmicutes)	2,1	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Actinobacteria	нек. Actinomycetales	OTE 3974 (нек. Actinomycetales)	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3	1,7	0,5	0,0	0,0
Actinobacteria	нек. Actinomycetales	OTE 679 (нек. Actinomycetales)	0,4	0,0	2,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Actinobacteria	Intrasporangiaceae	OTE 7668 (нек. Intrasporangiaceae)	0,0	0,0	0,0	2,2	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Clostridia	Clostridiales Incertae Sedis XIII	OTE 873 (нек. Anaerovorax)	0,1	0,0	0,0	1,7	0,2	0,1	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0



## альфа-Разнообразие бактериальных сообществ планктона и донных отложений

Образец	Станция	Индекс Шеннона	Индекс chaol	Богатство видов
F01	1	2,82	645,10	359,00
F02	2	6,05	1615,90	1330,00
F03	3	3,23	883,60	484,00
F04	4	4,08	1035,90	649,00
F05	5	3,50	1165,10	615,00
F06	6	2,79	623,90	370,00
F07	7	3,67	820,60	438,00
F08	8	3,75	633,50	387,00
F09	9	3,82	845,40	450,00
F10	10	3,00	577,30	326,00
F11	11	4,04	1042,40	579,00
F12	12	4,56	1585,30	792,00
F13	13	3,11	755,40	478,00
S01	1	5,09	1394,10	986,00
S02	2	5,61	1701,60	1168,00
S03	3	3,89	1154,50	640,00
S04	4	4,68	941,10	677,00
S05	5	4,46	1458,20	788,00
S06	6	5,58	1698,00	1126,00
S07	7	5,66	1703,30	1131,00
S08	8	5,28	1271,60	978,00
S09	9	4,04	1156,90	731,00
S10	10	4,90	1871,00	1170,00
S11	11	5,80	1732,70	1248,00
S12	12	5,42	1946,80	1203,00
S13	13	5,71	1767,30	1174,00

П р и м е ч а н и е. F – бактериопланктон, S – бактерии донных отложений.

находившейся вне зоны воздействия техногенной аварии (см. табл. 4, F02).

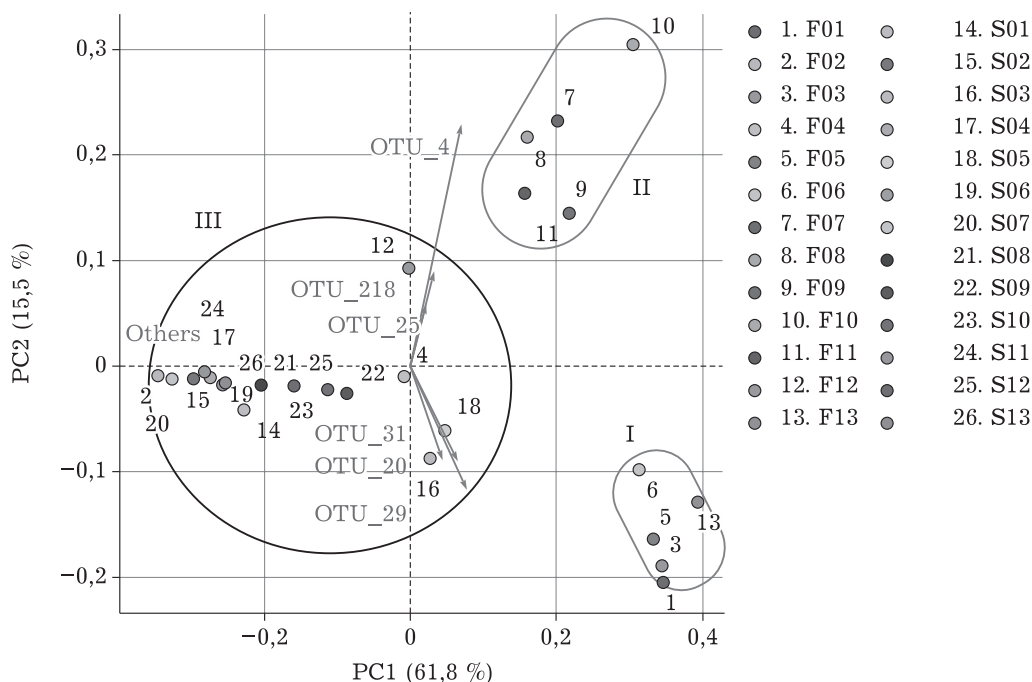
На рисунке представлены результаты анализа бета-разнообразия сообществ бактерий методом главных компонент. Первые две компоненты объясняют 77 % общей изменчивости. Можно выделить три четких кластера, расходящихся по обоим главным компонентам:

I. Первый кластер объединил образцы бактериопланктона всех участков рек, расположенных вниз по течению от места расположения НМЗ: ручья Безымянного, р. Далдыкан, ниже места впадения руч. Безымянного, и р. Амбарной, ниже места впадения р. Далдыкан (F01, F03, F05, F06, F13, см. рисунок). Наибольшими по модулю факторными нагрузками, способствующими выделению этого кластера, были ОТЕ 20 *Sulfurovum*, ОТЕ 29 *Acidovorax* и ОТЕ 31 *Thiomonas arsenitoxydans*.

II. Второй кластер однозначно включает все образцы бактериопланктона из оз. Пясино и вытекающей из него р. Пясины (F07 – F11,

см. рисунок). Факторными нагрузками, определяющими выделение этого кластера, являются ОТЕ 4, ОТЕ 24, ОТЕ 218, принадлежащие к группе цианобактерий *GpIIa*.

III. Третий кластер включал в себя все пробы бактерий донных отложений (S01 – S13, см. рисунок), а также бактериопланктон станций, расположенных на реках выше источников техногенного загрязнения: р. Далдыкан, выше места впадения руч. Безымянного, р. Амбарная, выше места впадения р. Далдыкан, р. Норильская (F02, F04, F12, см. рисунок). Образцы S03 и S05 (устье р. Далдыкан и р. Амбарной ниже устья р. Далдыкан) несколько отдалены от других проб этого кластера в направлении первого кластера, что связано с относительно большим числом ОТЕ 31 и ОТЕ 22 в этих пробах. Аналогично, образец F12 сдвинут по оси ординат несколько ближе ко второму кластеру благодаря наличию большого числа цианобактерий *GpIIa*.



Анализ бета-разнообразия микробного сообщества: анализ главных компонент таксономического профиля, основанный на ОТЕ. Ось абсцисс представляет собой первую главную компоненту, ось ординат – вторую главную компоненту, процентное значение – вклад главной компоненты в разницу между пробами. Стрелками обозначены факторные нагрузки

Таким образом, утечка нефтепродуктов не повлияла на состав бактерий в донных отложениях Норило-Пясинской речной системы, кроме, вероятно, станций 3 и 5. Напротив, состав бактериопланктона однозначно определялся наличием антропогенного воздействия. Доминирование бактерий, свойственных микробным сообществам стоков шахт и другим экстремальным местообитаниям, указывает на загрязнение вод руч. Безымянного, р. Далдыкан и р. Амбарной, расположенных вниз по течению от места расположения НМЗ. Произошло ли это в результате аварии, случившейся в мае 2020 г., или является следствием влияния рутинных стоков с НМЗ, остается неясным. Доминирование в планктоне сероокисляющих бактерий может также быть отдаленным следствием утечки углеводородов. Возможно, в результате образования пленки на поверхности система приобрела аноксигенный характер, и обычно населяющие этот участок аэробные бактерии были вытеснены анаэробами. Поскольку у нас нет данных о таксономическом составе бактерий в воде и донных отложениях Норило-Пя-

синской водной системы до аварии, данное предположение пока не представляется возможным проверить. Состав бактериопланктона оз. Пясино и вытекающей из него р. Пясины не отличался от других олиготрофных водоемов, подверженных умеренному антропогенному воздействию [Logue et al., 2012]. Однако необходим дальнейший мониторинг состояния бактериальных сообществ Норило-Пясинской речной системы.

Работа поддержана хоздоговором № 223-ЕП-2020/07 с Сибирским отделением РАН и Проектным офисом развития Арктики (ПОРА) и Государственным заданием в рамках программы фундаментальных исследований РФ, тема № 51.1.1. Биоинформатический анализ поддержан базовым бюджетным финансированием ИХБФМ СО РАН (AAAA-A17-117020210021-7).

#### ЛИТЕРАТУРА

- Albers P. H. Laurel, Texas A & M University, 1992.  
 Biller S., Berube P., Lindell D., Chisholm S. W. Prochlorococcus: the structure and function of collective diversity // Nat. Rev. Microbiol. 2015. Vol. 13. P. 13–27.  
<https://doi.org/10.1038/nrmicro3378>

- Cederwall J., Black T. A., Blais J. M., Hanson M. L., Holleb B. P., Palace V. P., Rodriguez-Gil J. L., Greer C. W., Maynard C., Ortmann A. C., Rooney R. C., Orihel D. M. Life under an oil slick: response of a freshwater food web to simulated spills of diluted bitumen in field mesocosms // *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 2020. Vol. 77, N 5. P. 779–788.
- Davenport J. Oil and planktonic ecosystems // *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biol. Sci.* 1982. Vol. 297. P. 369–384.
- Edgar R. C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST // *Bioinformatics.* 2010. Vol. 26, N 19. P. 2460–2461.
- Edgar R. C. SINTAX, a Simple Non-Bayesian Taxonomy Classifier for 16S and ITS Sequences // *bioRxiv preprint* 074161. 2016. doi: 10.1101/074161. Электронный ресурс: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/074161v1>
- Edgar R. C. UNOISE 2: Improved error-correction for Illumina 16S and ITS amplicon reads // *bioRxiv preprint* 081257. 2017. doi: 10.1101/081257. Электронный ресурс: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/081257v1>
- Edgar R. C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads // *Nat. Methods.* 2013. Vol. 10. P. 996–998.
- Fadrosch D. W., Ma B., Gajer P., Sengamaly N., Ott S., Brotman R. M., Ravel J. An improved dual-indexing approach for multiplexed 16S rRNA gene sequencing on the Illumina MiSeq platform // *Microbiome.* 2014. Vol. 2, N 1. P. 6.
- Gladyshev M. I., Kolmakova O. V., Tolomeev A. P., Anishchenko O. V., Makhutova O. N., Kolmakova A. A., Kravchuk E. S., Glushchenko L. A., Kolmakov V. I., Sushchik N. N. Differences in organic matter and bacterioplankton between sections of the largest Arctic river: Mosaic or continuum? // *Limnol. Oceanogr.* 2015. Vol. 60. P. 1314–1331.
- Ito T., Sugita K., Yumoto I., Nodasaka Y., Okabe S. *Thiovirga sulfuroxydans* gen. nov., sp. nov., a chemolithoautotrophic sulfur-oxidizing bacterium isolated from a microaerobic waste-water biofilm // *Int. J. System. and Evolut. Microbiol.* 2005. Vol. 55, I. 3. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63467-0>
- Jernelov A. The threats from oil spills: now, then, and in the future // *Ambio.* 2010. Vol. 39. P. 353–366.
- Krolicka A., Boccadoro C., Nilsen M. M., Demir-Hilton E., Birch J., Preston C., Scholin C., Baussant T. Identification of microbial key-indicators of oil contamination at sea through tracking of oil biotransformation: An Arctic field and laboratory study // *Sci. Total Environ.* 2019. Vol. 696. P. 133715.
- Logue J., Langenheder S., Andersson A., Bertilsson S., Drakare S., Lanzén A., Lindström E. S. Freshwater bacterioplankton richness in oligotrophic lakes depends on nutrient availability rather than on species–area relationships // *ISME J.* 2012. Vol. 6. P. 1127–1136. <https://doi.org/10.1038/ismej.2011.184>
- Martemyanov V. V., Belousova I. A., Pavlushin S. V., Dubovskiy I. M., Ershov N. I., Alikina T. Y., Kabilov M. R., Glupov V. V. Phenological asynchrony between host plant and gypsy moth reduces insect gut microbiota and susceptibility to *Bacillus thuringiensis* // *Ecol. Evolut.* 2016. Vol. 6, N 20. P. 7298–7310.
- Mino S., Kudo H., Arai T., Sawabe T., Takai K., Nakagawa S. *Sulfurovum aggregans* sp. nov., a hydrogen-oxidizing, thiosulfate-reducing chemolithoautotroph within the Epsilonproteobacteria isolated from a deep-sea hydrothermal vent chimney, and an emended description of the genus *Sulfurovum* // *Int. J. System. and Evolut. Microbiol.* 2014. Vol. 64. P. 3195–3201.
- Perhar G., Arhonditsis G. B. Aquatic ecosystem dynamics following petroleum hydrocarbon perturbations: A review of the current state of knowledge // *J. Great Lakes Research.* 2014. Vol. 40, Suppl. 3. P. 56–72.
- Pohlner M., Dlugosch L., Wemheuer B., Mills H., Engelen B., Kiel Reese B. The Majority of Active Rhodobacteraceae in Marine Sediments Belong to Uncultured Genera: A Molecular Approach to Link Their Distribution to Environmental Conditions // *Front. Microbiol.* 2019. Vol. 10. P. 659. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00659>
- Slyemi D., Moinier D., Brochier-Armanet C. et al. Characteristics of a phylogenetically ambiguous, arsenic-oxidizing *Thiomonas* sp., *Thiomonas arsenitoxydans* strain 3AsT sp. nov. // *Arch. Microbiol.* 2011. Vol. 193. I. 6. P. 439–449. <https://doi.org/10.1007/s00203-011-0684-y>
- Wang Q., Garrity G. M., Tiedje J. M., Cole J. R. Naïve Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy // *Appl. Environ. Microbiol.* 2007. Vol. 73, N 16. P. 5261–5267.
- Watanabe T., Kojima H., Fukui M. *Sulfuriferula multivorans* gen. nov., sp. nov., isolated from a freshwater lake, reclassification of '*Thiobacillus plumbophilus*' as *Sulfuriferula plumbophilus* sp. nov., and description of *Sulfuricellaceae* fam. nov. and *Sulfuricellales* ord. nov. // *Int. J. System. and Evolut. Microbiol.* Vol. 65, Issue 5, P. 1504–1508 <https://doi.org/10.1099/ijs.0.000129>
- Willems A., Falsen E., Pot B., Jantzen E., Hoste B., Vandamme P., Gillis M., Kersters K., de Ley J. *Acidovorax*, a New Genus for *Pseudomonas facilis*, *Pseudomonas delafieldii*, E. Falsen (EF) Group 13, EF Group 16, and Several Clinical Isolates, with the Species *Acidovorax facilis* comb. nov., *Acidovorax delafieldii* comb. nov., and *Acidovorax temperans* sp. nov. // *Int. J. System. and Evolut. Microbiol.* 1990. Vol. 40, Issue 4. <https://doi.org/10.1099/00207713-40-4-384>

# Bacteria of lake Pyasino and adjacent rivers after an accidental diesel spill in 2020

O. V. KOLMAKOVA<sup>1, 2</sup>, M. Yu. TRUSOVA<sup>1, 2</sup>, O. A. BATURINA<sup>3</sup>, M. R. KABELOV<sup>3</sup>

<sup>1</sup>*Institute of Biophysics, Federal Research Center  
“Krasnoyarsk Scientific Center of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences”  
660036, Krasnoyarsk, Akademgorodok, 50/50  
E-mail: kolmoles@ibp.krasn.ru*

<sup>2</sup>*Siberian Federal University  
660041, Krasnoyarsk, Svobodny ave., 79*

<sup>3</sup>*SB RAS Genomics Core Facility, Institute of Chemical Biology and Fundamental Medicine,  
Siberian Branch of the Russian Academy of Science  
630090, Novosibirsk, Prospect Akademika Lavrentieva, 8*

For the first time, the bacterial composition of water and sediments in Lake Pyasino and adjacent rivers was studied by next-generation sequencing. On the river sections exposed to diesel spillage in May 2020, no hydrocarbon-degrading bacteria were found. The Daldykan and Ambar-naya rivers, located downstream of the spill site, were dominated by bacteria that oxidize sulfur and heavy metals. At the same time, these bacteria were not found in Lake Pyasino which was dominated by small cyanobacteria. Thus, the composition of bacteria in the water and sediments of the Norilsk-Pyasino lake-river system corresponds to the technogenic impact to which it is exposed, and also demonstrates the buffer properties of Lake Pyasino on the way of water flow into the Kara Sea.

**Key words:** bacterioplankton, sediments, next-generation sequencing, oil spill, Lake Pyasino, *16S rRNA*.