

## 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. Пясины 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, Пясины, а также оз. Пясино, 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. Пясино (ст. 7–10), в которое впадают реки Амбарная и Норильская; в истоке вытекающей из озера р. Пясины (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. Пясино 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-фенилиндол). 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 рРНК 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 рРНК 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 ± стандартное отклонение)

| Объект   | Станция | Дата       | Численность, 10 <sup>6</sup> кл/мл | Биомасса, мг/л |
|--|---------|------------|------------------------------------|----------------|
| руч. Безымянный, в районе разлива нефтепродуктов                               | 1       | 04.08.2020 | 2,333 ± 0,433                      | 0,116 ± 0,022  |
| р. Далдыкан, выше по течению от места впадения руч. Безымянного (фоновая зона) | 2       | 04.08.2020 | 0,852 ± 0,253                      | 0,043 ± 0,013  |
| р. Далдыкан, устье   | 3       | 05.08.2020 | 2,302 ± 0,302                      | 0,115 ± 0,015  |
| р. Амбарная, выше по течению от места впадения р. Далдыкан (фоновая зона)      | 4       | 05.08.2020 | 0,773 ± 0,164                      | 0,039 ± 0,008  |
| р. Амбарная, ниже впадения р. Далдыкан   | 5       | 05.08.2020 | 2,744 ± 0,773                      | 0,137 ± 0,039  |
| р. Амбарная, устье, выше боновых заграждений                                   | 6       | 09.08.2020 | 0,492 ± 0,142                      | 0,025 ± 0,007  |
| оз. Пясино, мыс Тонкий   | 7       | 11.08.2020 | 3,055 ± 0,554                      | 0,153 ± 0,028  |
| оз. Пясино, прибрежный участок   | 8       | 11.08.2020 | 2,271 ± 0,270                      | 0,114 ± 0,015  |
| оз. Пясино, центр (глубина 2,9 м)  | 9       | 11.08.2020 | 0,472 ± 0,167                      | 0,024 ± 0,008  |
| оз. Пясино, мыс Гольй  | 10      | 11.08.2020 | 0,498 ± 0,148                      | 0,025 ± 0,007  |
| оз. Пясино, прибрежный участок   | 11      | 11.08.2020 | 0,361 ± 0,091                      | 0,018 ± 0,005  |
| оз. Пясино, центр (глубина 6,7 м)  | 12      | 09.08.2020 | 0,846 ± 0,299                      | 0,042 ± 0,015  |
| Исток р. Пясино из озера   | 13      | 09.08.2020 | 1,692 ± 0,443                      | 0,085 ± 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  | р. Давыкан |     |      | р. Амбарная |      |      | р. Норильская |      |      | оз. Пясино |      |      | р. Пясино |
|-----------------------|-----------------------|--|------------|-----|------|-------------|------|------|---------------|------|------|------------|------|------|-----------|
|                       |                       |  | F01        | F02 | F03  | F04         | F05  | F06  | F13           | F12  | F07  | F08        | F09  | F10  |           |
| 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      |
| Betaproteobacteria    | 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       |
| Betaproteobacteria    | Burkholderiales       | 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       |
|                       | incertae sedis        |  |            |     |      |             |      |      |               |      |      |            |      |      |           |
| 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       |
| Betaproteobacteria    | 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 lacticola)                              | 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       |
| Betaproteobacteria    | 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       |
| Betaproteobacteria    | 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       |

|                        |  |   |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|------------------------|--|---|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Actinobacteria         | Microbacteriaceae                      | OTE 65 (нек. Microbacteriaceae)                       | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,7 | 0,6 | 1,8 | 1,7 | 1,6 | 0,7 | 0,4 |
| Actinobacteria         | нек. Actinomycetales                   | OTE 202 (нек. Actinomycetales)                        | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 2,8 | 1,1 | 0,6 | 0,8 | 0,2 | 1,8 |
| Spartobacteria         | нек. Spartobacteria                    | OTE 117 (нек. Spartobacteria genera incertae sedis)   | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,1 | 0,5 | 1,4 | 0,9 | 2,5 | 1,4 |
| Alphaproteobacteria    | Beijerinckiaceae                       | OTE 82 (нек. Beijerinckia)                            | 0,0 | 0,2 | 0,0 | 0,0 | 0,1 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,3 | 0,8 | 1,4 | 1,3 | 1,9 | 0,7 |
| Actinobacteria         | нек. Actinomycetales                   | OTE 280 (нек. Actinomycetales)                        | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 1,0 | 0,9 | 1,0 | 1,8 | 0,4 | 1,4 |
| Betaproteobacteria     | Alcaligenaceae                         | OTE 67 (нек. Alcaligenaceae)                          | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,2 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,6 | 1,0 | 1,4 | 0,8 | 1,8 | 0,4 |
| Alphaproteobacteria    | Sphingomonadaceae                      | OTE 216 (нек. Novosphingobium)                        | 0,4 | 0,7 | 0,7 | 2,3 | 1,2 | 0,1 | 0,3 | 0,0 | 0,0 | 0,3 | 0,1 | 0,0 | 0,0 | 0,1 |
| Cyanobacteria          | Family II                              | OTE 23 (нек. GrpIIa)                                  | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,2 | 1,3 | 1,6 | 0,2 | 1,9 | 0,3 |
| Actinobacteria         | Acidimicrobiaceae                      | OTE 39 (нек. Ilumatobacter)                           | 1,1 | 0,0 | 1,2 | 0,5 | 1,4 | 0,7 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,4 | 0,3 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| Spartobacteria         | Spartobacteria genera incertae sedis   | OTE 74 (нек. Spartobacteria genera incertae sedis)    | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,3 | 1,1 | 1,7 | 0,4 | 0,8 | 1,1 |
| Alphaproteobacteria    | Acetobacteraceae                       | OTE 34 (нек. Acetobacteraceae)                        | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,5 | 1,0 | 0,7 | 1,9 | 1,0 |
| Actinobacteria         | Mycobacteriaceae                       | OTE 4827 (нек. Mycobacterium)                         | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,1 | 1,1 | 1,1 | 0,7 | 1,6 | 0,4 |
| Gammaaproteobacteria   | Moraxellaceae                          | OTE 931 (нек. Acinetobacter)                          | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 3,7 | 0,9 | 0,0 | 0,1 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| Gammaaproteobacteria   | Moraxellaceae                          | OTE 10 (Acinetobacter junii)                          | 0,0 | 0,0 | 0,1 | 0,2 | 0,1 | 0,1 | 0,1 | 0,0 | 0,0 | 2,9 | 0,6 | 0,1 | 0,0 | 0,0 |
| Flavobacteria          | Flavobacteriaceae                      | OTE 558 (нек. Flavobacterium)                         | 0,1 | 0,0 | 0,1 | 0,0 | 0,1 | 0,0 | 0,1 | 0,0 | 0,0 | 1,1 | 2,7 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| Betaproteobacteria     | Somamonadaceae                         | OTE 3044 (нек. Limnhabitans)                          | 2,8 | 0,0 | 0,7 | 0,0 | 0,2 | 0,5 | 0,0 | 0,1 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| Betaproteobacteria     | Rhodocyclaceae                         | OTE 668 (нек. Thauera)                                | 0,2 | 0,0 | 0,2 | 3,4 | 0,1 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,1 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| Betaproteobacteria     | Somamonadaceae                         | OTE 1368 (нек. Rhodoferrax)                           | 3,1 | 0,0 | 0,8 | 0,0 | 0,1 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| нек. Verrucomicrobia   | нек. Verrucomicrobia                   | OTE 146 (нек. Verrucomicrobia)                        | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 2,0 | 0,2 | 0,1 | 0,0 | 0,0 | 0,4 | 0,3 | 0,1 | 0,3 | 0,0 | 0,5 |
| Epsilonaproteobacteria | Helicobacteraceae                      | OTE 473 (нек. Sulfuricum)                             | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 1,0 | 0,3 | 0,3 | 0,5 | 0,1 | 1,6 |
| Gammaaproteobacteria   | Halotheobacillaceae                    | OTE 383 (нек. Thiofaba)                               | 0,2 | 0,0 | 0,6 | 0,0 | 1,7 | 1,3 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| Gammaaproteobacteria   | Acidithiobacillaceae                   | OTE 664 (Acidithiobacillus thiooxidans)               | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,8 | 2,8 | 0,1 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| Betaproteobacteria     | Somamonadaceae                         | OTE 197 (нек. Hydrogenophaga)                         | 1,6 | 0,0 | 1,6 | 0,0 | 0,6 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| Saccharibacteria       | Saccharibacteria genera incertae sedis | OTE 416 (нек. Saccharibacteria genera incertae sedis) | 0,0 | 3,6 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| Alphaproteobacteria    | Rhodobacteraceae                       | OTE 571 (нек. Rhodobacteraceae)                       | 1,8 | 0,2 | 0,8 | 0,3 | 0,1 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| Gammaaproteobacteria   | Xanthomonadaceae                       | OTE 471 (нек. Rhodanobacter)                          | 0,1 | 0,0 | 1,9 | 0,0 | 1,0 | 0,1 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| Cytophagia             | Cytophagaceae                          | OTE 305 (нек. Cytophagaceae)                          | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,2 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 2,1 | 0,2 | 0,1 | 0,1 | 0,0 | 0,2 |
| Betaproteobacteria     | Sulfuricellaceae                       | OTE 887 (нек. Sulfurifera)                            | 0,0 | 0,0 | 0,1 | 0,0 | 0,0 | 2,6 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| Saccharibacteria       | Saccharibacteria genera incertae sedis | OTE 839 (нек. Saccharibacteria genera incertae sedis) | 0,0 | 2,6 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| Deltaproteobacteria    | Bdellovibrionaceae                     | OTE 892 (нек. Vampirivibrio)                          | 0,0 | 2,2 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| Alphaproteobacteria    | Saulobacteraceae                       | OTE 108 (нек. Brevundimonas)                          | 0,0 | 0,0 | 0,1 | 0,0 | 0,1 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,4 | 1,5 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |

Примечание. Здесь и в табл. 3 относительная численность ОТЕ выражена в % от общего числа прочтений в образце. Приведены только ОТЕ с относительной численностью >1 % прочтений хотя бы в одном из образцов. нек. – неклассифицированные бактерии. Жирным шрифтом выделены станции, расположенные выше места разлива нефтепродуктов.

| Класс                | Семейство                         | ОТЕ                                 | р. Пясина       |                 |             |               |            |           |     |      |     |      |      |      |     |
|----------------------|-----------------------------------|-------------------------------------|-----------------|-----------------|-------------|---------------|------------|-----------|-----|------|-----|------|------|------|-----|
|                      |                                   |                                     | руч. Безымянный | р. Дядь-<br>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<br>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 | 0,1 | 0,0 | 2,6 | 0,0 | 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).

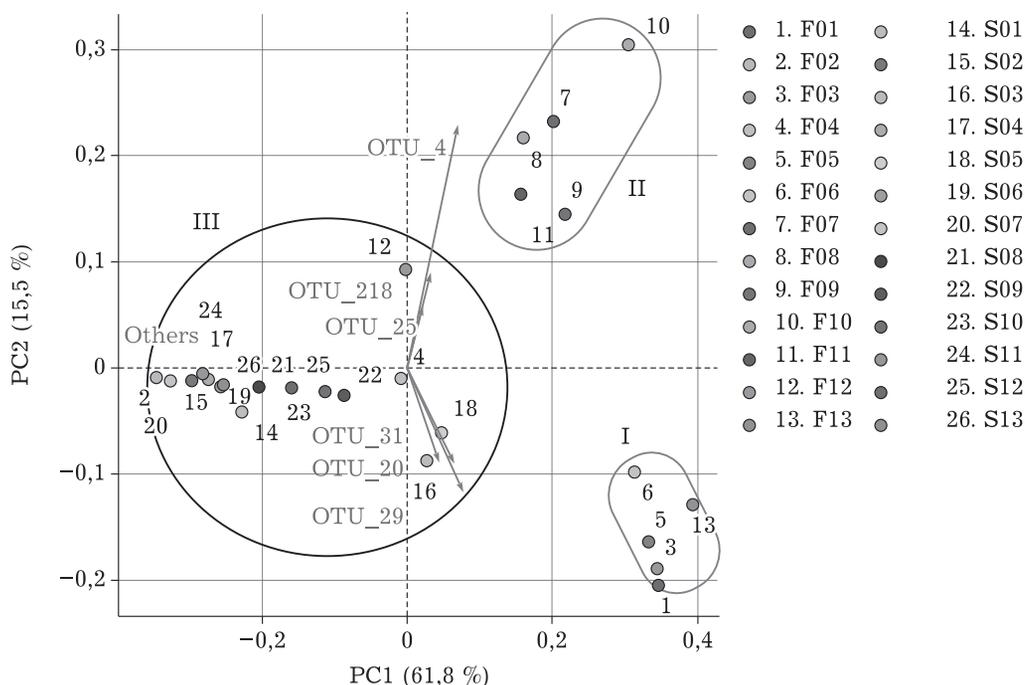
На рисунке представлены результаты анализа бета-разнообразия сообществ бактерий методом главных компонент. Первые две компоненты объясняют 77 % общей изменчивости. Можно выделить три четких кластера, расходящихся по обоим главным компонентам:

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.
- Fadros 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.