

БИОТЕХНОЛОГИЯ И МИКРОБИОЛОГИЯ

Научная статья

УДК 579.26

doi: 10.17223/19988591/65/2

Таксономическое и функциональное разнообразие бактерий, выделенных из техногенного щелочного водоёма

Юлия Игоревна Нечаева¹, Владислав Сергеевич Алеев²,
Елена Анатольевна Шестакова³, Анна Александровна Пьянкова⁴,
Елена Генриховна Плотникова⁵

^{1, 2, 3, 4, 5} Институт экологии и генетики микроорганизмов Уральского отделения
Российской академии наук – филиал ПФИЦ УрО РАН, Пермь, Россия

^{1, 5} Пермский государственный национальный исследовательский университет,
Пермь, Россия

¹ ulia-2012@mail.ru

² vl.vvv132@yandex.ru

³ shestakova.e@ieg.ru

⁴ annpjankva@mail.ru

⁵ peg_el@mail.ru

Аннотация. Из щелочного техногенного водоёма, расположенного на территории Верхнекамского месторождения калийно-магнєвєвых солей (Пермский край, г. Березники), выделено 33 штамма алкалотолерантных и галофильных / галотолерантных бактерий. На основании результатов анализа нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК установлено, что выделенные штаммы относятся к классам *Bacilli* (семейство *Bacillaceae*), *Gammaproteobacteria* (семейство *Halomonadaceae*), *Alphaproteobacteria* (семейство *Paracoccaceae*) и *Actinomycetes* (семейства *Micrococcaceae*, *Microbacteriaceae*, *Brevibacteriaceae*, *Dietziaceae*, *Ornithinimicrobiaceae*, *Dermabacteraceae*). Большинство исследованных штаммов являются экстремофильными микроорганизмами, способными расти при рН до 11 ед. и высоких концентрациях NaCl (до 250 г/л). Установлено, что некоторые штаммы обладают способностью к биодеградации в отношении различных ароматических соединений (нафталин, бифенил, орто-фталевая и бензойная кислоты) и компонентов дизельного топлива, в связи с этим в перспективе могут быть использованы в биотехнологических мероприятиях, которые направлены на восстановление загрязнённых территорий, характеризующихся высокой солёностью и щёлочностью среды.

Результаты идентификации выделенных бактериальных штаммов и их эколого-физиологические свойства описаны в прил. 1 и 2, размещенных на сайте журнала по адресу: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383

Ключевые слова: Верхнекамское месторождение солей, галофильные и галотолерантные бактерии, алкалофильные бактерии, щелочной техногенный водоём

Источник финансирования: работа выполнена в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации, номер государственной регистрации темы: 124020500028-4.

Для цитирования: Нечаева Ю.И., Алеев В.С., Шестакова Е.А., Пьянкова А.А., Плотникова Е.Г. Таксономическое и функциональное разнообразие бактерий, выделенных из техногенного щелочного водоёма // Вестник Томского государственного университета. Биология. 2024. № 65. С. 27–51. doi: 10.17223/19988591/65/2

Taxonomic and functional diversity of bacteria isolated from technogenic alkaline reservoir

Yulia I. Nechaeva¹, Vladislav S. Aleev², Elena A. Shestakova³,
Anna A. Pyankova⁴, Elena G. Plotnikova⁵

^{1, 2, 3, 4, 5} Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms, UB RAS,
Perm, Russian Federation

^{1, 5} Perm State University, Perm, Russian Federation

¹ ulia-2012@mail.ru

² v1.vvv132@yandex.ru

³ shestakova.e@ieg.m.ru

⁴ annpjankva@mail.ru

⁵ peg_el@mail.ru

Summary. Currently, more and more attention is paid to the study of microorganisms living in various extreme environments and those characterized by high salinity and alkalinity, in particular. The microbial communities of natural halo-alkaline ecosystems have been studied well. However, there is insufficient knowledge about the microorganisms of artificial ecosystems formed under the influence of technogenic factors. This work was aimed to study the diversity of cultivated bacteria in the microbial community of the bottom sediments of an alkaline technogenic reservoir located on the territory of the Verkhnekamsk potassium-magnesium salt deposit (Perm Krai, Russia). The studied reservoir is an extreme ecosystem characterized by a high content of water-soluble salts, heavy metals, and alkalinity of the environment. Various organic pollutants, namely, aromatic and aliphatic compounds can be found there as well. In this regard, the study was aimed to search for haloalkaliphilic destructor bacteria that are promising for bioremediation of saline/alkaline media (soils, water bodies) contaminated with toxic organic compounds.

Thirty-three strains of alkalitolerant and halophilic/halotolerant bacteria were isolated from the bottom sediments of the alkaline technogenic reservoir. Based on the analysis of the nucleotide sequences of the 16S rRNA gene, the isolated strains belonged to the classes *Bacilli*, *Gammaproteobacteria*, *Alphaproteobacteria*, and *Actinomycetes*. The dominant group among the identified cultivated microorganisms were bacteria of the *Bacillaceae* family (13 strains), represented by the genera *Evansella*, *Oceanobacillus*, *Bacillus*, *Alkalihalobacillus*, *Paralkalibacillus*, *Salipaludibacillus*, *Cytobacillus* and *Exiguobacterium*.

Most of the isolates were extremophiles capable of growing at high concentrations of NaCl (up to 250 g/l) and pH 7-11. Strains *Microbacterium* sp. CXP-56, *Brachybacterium* sp. CXP-58, *Salipaludibacillus* sp. CX3-6 and *Alkalihalobacillus* sp. CX2-3.1 were obligate alkalophiles which grow in the pH range of 9.5-10.5. *Alkalihalobacillus* spp. CX2-3 and CX2-3.1, *Salipaludibacillus* sp. CX3-6 may be described as new taxa because these new strains had low percentage of similarity in 16S rRNA genes (97.27; 97.12 and 97.75%) with closely related type strains.

Most of the isolated strains had biodegradable properties and were able to use naphthalene, biphenyl, *ortho*-phthalic, benzoic acids, and diesel fuel as the sole source of carbon and energy. The destructor strains, which carry out effective decomposition of aromatic compounds at high alkalinity and salinity of the environment, presented interest, namely, *Kocuria* sp. CXP-33, *Evansella* sp. CX2-1, *Halomonas* sp. CX2-8, *Micrococcus* sp. CXP-15, *Brevibacterium* spp. CXP-21, CXP-53, and *Brachybacterium* spp. CXP-46, CXP-58.

The results obtained in this study are of fundamental importance and of interest for possible practical application in the restoration of saline/alkaline soils and water bodies contaminated with various organic compounds.

Data on the identification of the bacterial strains and on their ecological and physiological characteristics are available in supplements on the journal's website: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383

The article contains 2 Figures, 2 Supplements, 58 References.

Keywords: Verkhnekamsk salt deposit, halophilic and halotolerant bacteria, alkalophilic bacteria, alkaline waste stabilization ponds

Funding: This work was financially supported by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation under the State Assignment # 124020500028-4.

For citation: Nechaeva YI, Aleev VS, Shestakova EA, Pyankova AA, Plotnikova EG. Taxonomic and functional diversity of bacteria isolated from technogenic alkaline reservoir. *Vestnik Tomskogo gosudarstvennogo universiteta. Biologiya* = *Tomsk State University Journal of Biology*. 2024;65:27-51. doi: 10.17223/19988591/65/2

Введение

В настоящее время все большее внимание уделяется изучению микроорганизмов, обитающих в различных средах с экстремальными значениями факторов среды, в частности, характеризующихся высокой соленостью и щелочностью. Достаточно хорошо изучены микробные сообщества природных галощелочных экосистем, таких как содовые и соленые озера, донные отложения щелочных и засоленных водоемов, солончаковые почвы [1]. Однако знаний о микроорганизмах искусственных экосистем, сформированных под воздействием техногенных факторов, крайне недостаточно.

Щелочной техногенный водоём, расположенный на территории Верхнекамского месторождения калийно-магниевых солей (ВМКМС), представляет собой специфический и экстремальный тип экосистемы. Водоём на протяжении 50 лет использовался в качестве временного резервного накопителя отходов производства Березниковского содового завода, а также являлся резервуаром для сточных вод из отводного канала промышленных стоков предприятий Березниковского промышленного узла. В связи с этим наряду с отходами содового производства в водоём поступали стоки с титано-магниевого комбината, предприятий органического синтеза, производств силиката свинца, металлического натрия, хлорбензола, ртутного каустика, едкого калия и ряда других веществ. В водоёме сформированы осадочные породы (донные отложения), характеризующиеся щёлочностью среды, высоким содержанием водорастворимых солей и тяжёлых металлов, а также наличием органических загрязнителей (в том числе ароматических и алифатических соединений) [2]. Сочетание высокой солёности и щелочности среды, а также наличие различных токсичных органических и неорганических соединений позволяет предположить, что в исследуемом техногенном водоёме сформированы уникальные микробные сообщества, в составе которых присутствуют бактерии, обладающие высоким биотехнологическим потенциалом. Ранее из района промышленных разработок ВМКМС (солеотвалов, соляных шахт, засоленных почв и грунтов, шламо-

хранилищ) были выделены галофильные и галотолерантные бактерии-деструкторы моно(поли)циклических ароматических углеводов, фталатов, нефтяных углеводов и дизельного топлива классов *Gamma*proteobacteria, *Actinomycetes*, *Bacilli*, *Alphaproteobacteria* [3–8].

Известно, что многие ароматические и алифатические соединения являются широко распространенными загрязнителями наземных и водных экосистем, оказывают негативное хроническое воздействие на здоровье человека [9]. Накопление таких органических загрязнителей в почвах, воде, донных отложениях представляет угрозу для нормального функционирования экосистем, поскольку удаление многих органических соединений достаточно трудоемко в связи с их низкой растворимостью, повышенной стабильностью и гидрофобной природой [10]. К неблагоприятным факторам, затрудняющим процессы микробной деструкции органических загрязнителей, относятся также засоленность и щелочность объектов рекультивации (почв, водных экосистем), что вызывает необходимость поиска галоалкалофильных / толерантных бактерий-деструкторов, способных к эффективному разложению таких соединений.

Целью работы является исследование разнообразия культивируемых бактерий микробного сообщества донных отложений щелочного техногенного водоема, расположенного на территории Верхнекамского месторождения калийно-магниевых солей, и поиск галоалкалофильных бактерий-деструкторов, перспективных для биоремедиации засоленных/щелочных сред (почв, водоемов), загрязнённых ароматическими и алифатическими соединениями.

Материалы и методики исследования

Образцы донных отложений отбирали из техногенного водоёма, расположенного на территории Верхнекамского месторождения солей (г. Березники, Пермский край, Россия). Площадь водоёма составляет 17 га, диаметр около 500 м. Около 50 лет в водоем поступали отходы содового производства, которые характеризовались сильнощелочным pH (10–12), высокими концентрациями хлорид-ионов, ионов кальция, натрия, калия, а также наличием примесей (тяжёлые металлы и мышьяк). За время существования водоёма в нем накопился мощный слой (до 4,5 м) донного осадка.

Образцы донных осадков отбирали в сентябре 2021 г. с использованием метода проходки колонок (скважин) и отбора непрерывного керна. Исследованы осадки с двух участков, обозначенных № 2 [59°25'15.22"N, 56°43'59.63"E] и № 3 [59°25'20.36"N, 56°44'17.38"E]. Для микробиологических исследований использовали 18 образцов донных отложений, отобранных из внутренней части двух колонок, включающих 9 слоев, отличающихся значениями pH (9,89–11,59), содержанием солей (K^+ 226–29447 мг/кг, Na^+ 5610–39078 мг/кг, Mg^{2+} 1–4510 мг/кг, Ca^{2+} 1960–42137 мг/кг, Cl^- 24475–114600 мг/кг, SO_4^{2-} 991–17020 мг/кг, NO_2^- 0,17–9,1 мг/кг, NO_3^- 3–862 мг/кг), а также содержанием органического вещества (1,72–5,3%).

Для выделения и культивирования микроорганизмов использовали модифицированную минеральную среду Пфеннига (сПф) [11] следующего состава (г/л): NH_4Cl – 0,5; KH_2PO_4 – 0,5; $MgCl_2 \times 6H_2O$ – 0,5; $CaCl_2 \times 2H_2O$ –

0,05; NaCl – 50 или 100. Для поддержания в среде pH 9,5 добавляли бикарбонатно-карбонатный буфер (Na_2CO_3 и NaHCO_3). В качестве источников углерода добавляли пептон – 5,0 г/л, дрожжевой экстракт – 0,5 г/л или органические соединения (1,0 г/л): нафталин, бифенил, бензойную кислоту, *орто*-фталевую кислоту, дизельное топливо.

Для получения накопительных культур (НК) в колбы со 100 мл сПф, содержащей 100 г/л NaCl, добавляли по 1 г образца донных отложений. Культивирование проводили в течение 3 недель на термостатируемом шейкере при 100 об/мин и температуре 28°C, после чего осуществляли высев НК на агаризованную среду сПф (20 г/л агара) с содержанием 50 и 100 г/л NaCl.

Выделение чистых культур бактерий также проводили методом прямого посева на плотную среду с последующим изолированием отдельных колоний. Для этого образцы (1 г) помещали в 10 мл стерильной сПф, содержащей 50 г/л NaCl, и перемешивали на шейкере в течение 1 ч при 100 об/мин. После чего 100 мкл суспензии высевали на агаризованную сПф (50 г/л NaCl) и инкубировали при 28°C до появления колоний. Отдельные колонии, отличающиеся по цвету, размеру и форме, отбирали для дальнейших исследований. Чистые культуры бактерий для долгосрочного хранения замораживали при температуре –80°C в 20% растворе глицерола [12]. Штаммы, выделенные с помощью метода прямого посева, обозначены «СХР», а с использованием накопительного культивирования – «СХ».

Морфологические признаки и численность бактерий изучали по общепринятым методикам [12]. Рост бактерий оценивали при культивировании на агаризованной сПф с добавлением пептона 5,0 г/л, дрожжевого экстракта – 0,5 г/л, а также на богатой среде Раймонда (БСР) [3] в присутствии 50 г/л NaCl. Культивирование осуществляли в термостате при 28°C в течение 7 суток.

Рост бактерий при разных значениях pH определяли при культивировании в жидкой среде Пфеннига (pH 9–11; 50 г/л NaCl) и БСР (pH 7–9; 50 г/л NaCl). Для выявления способности бактерий к росту при разных концентрациях хлорида натрия (до 300 г/л) использовалась среда Пфеннига (pH 9,5). Способность изолятов к деградации ароматических и алифатических углеводородов оценивали с помощью культивирования в жидкой сПф (pH 9,5; 50 г/л NaCl) с добавлением нафталена, бифенила, бензойной и *орто*-фталевой кислот, дизельного топлива в качестве единственного источника углерода и энергии. Источники углерода добавляли в среду до конечной концентрации 1 г/л. Культивирование бактерий в жидких средах осуществляли на термостатируемом шейкере при скорости вращения 140 об/мин и температуре 28°C в течение 7–14 суток. Оценку роста проводили путем измерения оптической плотности (ОП) культуральной жидкости на спектрофотометре UV-Visible BioSpec-mini («Shimadzu», Япония) при длине волны 600 нм по отношению к абиотическому контролю.

Из чистых культур бактерий выделяли ДНК общепринятым методом – фенол-хлороформной экстракцией [13]. Идентификацию бактерий проводили на основе определения и анализа нуклеотидных последовательностей гена 16S рПНК. Амплификацию гена 16S рПНК осуществляли с использованием универсальных бактериальных праймеров: 27F [5'–AGAGTTTGATC(A/C)TGGCTCAG–3'] и 1492R [5'–ACGG(C/T)TACCTTGT

TACGACTT–3'] [14] на приборе C1000 Touch™ Thermal Cycler («Bio-Rad Laboratories», США). Определение нуклеотидных последовательностей гена 16S рПНК осуществляли с применением набора реактивов Big Dye Terminator Cycle Sequencing Kit на автоматическом секвенаторе Genetic Analyser 3500XL («Applied Biosystems», США), согласно рекомендациям производителя. Филогенетический анализ полученных нуклеотидных последовательностей гена 16S рПНК проводили с использованием программ Sequence Scanner v. 2.0. и MEGA 11 [15]. Поиск гомологичных последовательностей осуществляли в международных базах данных GenBank [16] и EzBioCloud [17]. Построение филогенетических деревьев проводили с использованием кластерного метода «neighbor-joining», встроенного в программу MEGA 11. Статистическую достоверность ветвления («bootstrap»-анализ) оценивали на основе 1 000 альтернативных деревьев.

Нуклеотидные последовательности генов 16S рПНК исследуемых штаммов депонированы в базу данных GenBank под номерами OQ359534–OQ359564, OQ402688, OP787986.

Результаты исследования и обсуждение

Общая численность бактерий в образцах донных отложений щелочного водоема (ВМКМС, г. Березники) при высеве на агаризованную среду Пфенинга (рН 9,5), содержащую 50 г/л хлорида натрия, не превышала 10^3 клеток/мл. Всего из исследуемых образцов в чистую культуру путем прямого посева и при накопительном культивировании (НК) выделено 85 галофильных/галотолерантных штаммов бактерий, для каждого из которых проведено морфологическое описание и идентификация на основании анализа нуклеотидной последовательности гена 16S рПНК. В соответствии с морфо-физиологическими и генетическими характеристиками данные изоляты разделены на группы. В дальнейшем для работы отобрано по одному репрезентативному представителю из каждой выделенной группы, а именно 33 штамма алкало-толерантных и галофильных / галотолерантных бактерий, которые представлены в прил. 1 (https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383).

В результате сравнения полученных нуклеотидных последовательностей гена 16S рПНК с последовательностями типовых штаммов из базы данных EzBioCloud [17] 13 штаммов отнесены к семейству *Bacillaceae*, 9 штаммов – к семейству *Micrococcaceae*, по два штамма – к семействам *Dermabacteraceae*, *Halomonadaceae*, *Brevibacteriaceae* и *Microbacteriaceae*, по одному штамму – к семействам *Ornithinimicrobiaceae*, *Dietziaceae*, *Paracoccaceae*. Уровень сходства по гену 16S рПНК изолятов с типовыми штаммами валидных видов находится в пределах от 97,12 до 100% (прил. 1: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383).

Установлено, что большинство изолятов являются гало- и алкалотолерантными микроорганизмами, адаптированными к условиям высокой щелочности (до рН 11,0) и солёности (до 250 г/л NaCl) среды. Кроме того, показано, что некоторые штаммы в таких экстремальных условиях способны

использовать различные ароматические (нафталин, бифенил, орто-фталевая и бензойная кислоты) и алифатические (в составе дизельного топлива) соединения в качестве единственного источника углерода и энергии (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383).

Семейство *Bacillaceae* насчитывает 117 родов [18]. Представители *Bacillaceae* широко распространены в различных средах обитания по всему миру, в том числе в почве, осадочных породах, воздухе, пресноводных и морских экосистемах, в активном иле, а также в организме человека и животных. Кроме того, большое количество родов бактерий, относящихся к семейству *Bacillaceae*, обнаружено в экстремальных местах обитания, таких как горячие источники, соленые и содовые озера, солончаки и засоленные почвы [19]. При исследовании донных отложений техногенного щелочного водоема (г. Березники) установлено, что среди изолятов семейства *Bacillaceae* обнаружены штаммы, близкородственные родам *Evansella*, *Oceanobacillus*, *Bacillus*, *Alkalihalobacillus*, *Paralkalibacillus*, *Salipaludibacillus*, *Cytobacillus* и *Exiguobacterium*. Штаммы родов *Evansella* и *Oceanobacillus* представлены наиболее широко, они выделены из большинства слоев донных отложений (прил. 1: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). На рис. 1 показано положение исследуемых штаммов семейства *Bacillaceae* с близкородственными типовыми штаммами на филогенетическом дереве. Показано, что большинство штаммов семейства являются алкало- и / или галотолерантными микроорганизмами, способными к росту при pH 7,0–11,0 и концентрациях NaCl в среде культивирования в пределах 0–250 г/л (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383).

Представители рода *Evansella*, штаммы CX2-1, CX3-18, CX3-5 выделены из образцов донных отложений, отобранных с глубины 0,16–2,13 м. Установлено, что штаммы близкородственны видам *E. clarkii*, *E. polygoni* и *E. cellulositytica* (прил. 1: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Уровень идентичности по гену 16S рРНК штаммов CX2-1, CX3-18 с типовыми штаммами видов *E. clarkii*, *E. polygoni* составлял 100%. В то же время штамм CX3-5 имел более низкий процент сходства (98,35%) с наиболее близким типовым штаммом вида *E. cellulositytica* и в перспективе может быть описан как новый таксон. Для штаммов CX2-1, CX3-18 отмечена способность к росту при концентрациях NaCl в пределах 0–200 г/л, для штамма CX3-5 – от 0 до 100 г/л NaCl. Диапазон pH для роста штаммов рода *Evansella* составлял от 7,0 до 11,0, при оптимуме pH 7,0. Для типовых штаммов рода *Evansella* способность к росту при pH 7,0 не описана, а оптимальные значения pH в среде культивирования для представителей рода *Evansella* составляют от 8 до 10 [20]. Для штаммов CX2-1 и CX3-18 отмечена способность использовать в качестве единственного источника углерода и энергии нафталин, бифенил и дизельное топливо, а для штамма CX3-5 – орто-фталевую кислоту (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383).

Штамм CX3-2, относящийся к роду *Oceanobacillus*, выделен из 4 слоев донных отложений (глубина 0,12–1,82 м). Представители данного вида обнаружены только в образцах колонки № 3. При анализе нуклеотидной последовательности гена 16S рРНК выявлено, что штамм CX3-2 имеет

100%-ное сходство с типовым штаммом *O. kimchii* (прил. 1: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383).

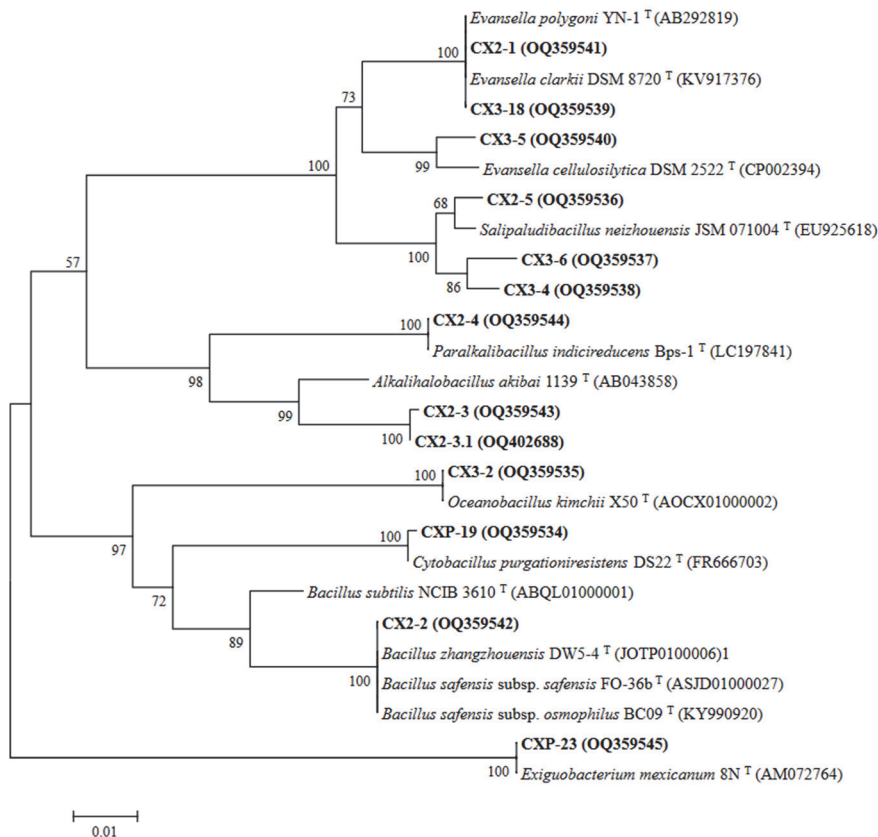


Рис. 1. Положение исследуемых штаммов семейства *Bacillaceae* на филогенетическом дереве, построенном на основании сравнительного анализа нуклеотидных последовательностей фрагментов генов 16S рРНК изолятов и близкородственных типовых штаммов семейства с использованием метода «neighbor-joining». Эволюционные расстояния рассчитаны с использованием метода «Jukes-Cantor». Цифрами показана статистическая достоверность порядка ветвления, установленная с помощью «bootstrap»-анализа 1 000 альтернативных деревьев (приведены значения выше 50%). Масштаб соответствует 1 нуклеотидной замене на каждые 100 нуклеотидов.

В скобках указаны номера в базе данных GenBank

[**Fig. 1.** The position of the studied strains of the family *Bacillaceae* on the phylogenetic tree constructed on the basis of a comparative analysis of the nucleotide sequences of 16S rRNA gene fragments of isolates and closely related typical strains of the family using the "neighbor-joining" method, the evolutionary distances were calculated using the "Jukes-Cantor" method. The figures show the statistical reliability of the branching order, established using a "bootstrap" analysis of 1000 alternative trees (values above 50% are given). The scale corresponds to 1 nucleotide substitution for every 100 nucleotides. Numbers in the GenBank database are shown in parentheses]

Изолят CX3-2 является гало- и алкалотолерантным микроорганизмом, способным к росту при pH 9,0 как в отсутствие NaCl, так и в присутствии

хлорида натрия в концентрациях до 250 г/л. Галоалкалофильные представители рода *Oceanobacillus* ранее были выделены из соленых озер [21], морской воды и гиперсоленых отложений [22], а также из солено-щелочных почв [23]. Описана способность штаммов рода *Oceanobacillus* расти в диапазоне pH 7,0–12,0 [24] и концентрациях NaCl в среде культивирования от 0 до 250 г/л. Кроме того, отмечается высокий биотехнологический потенциал различных штаммов рода *Oceanobacillus*, в частности, для представителя рода показана способность к утилизации компонентов нефти в составе бактериального консорциума [25]. В настоящем исследовании выявлена способность штамма CX3-2 к использованию в качестве единственного источника углерода и энергии ароматических соединений, таких как нафталин, бифенил, и дизельное топливо (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383).

Штаммы рода *Bacillus* выделены из образцов донных отложений (колонка № 2), отобранных с глубины 1,04–1,88 м (прил. 1: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Анализ частичной нуклеотидной последовательности гена 16S рРНК длиной 904 п.н. показал, что штамм *Bacillus* sp. CX2-2 имеет 100%-ное сходство с типовыми штаммами видов *B. zhangzhouensis*, *B. safensis* subsp. *safensis* и *B. safensis* subsp. *osmophilus*. Максимальная соленость среды, при которой осуществляется рост штамма CX2-2, составляет 50 г/л NaCl. Штамм растет как в нейтральной среде, так и в щелочной (до pH 10,5). Штамм способен к росту на бифениле, орто-фталевой и бензойной кислотах (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383).

Изоляты CX2-3 и CX2-3.1, которые отнесены к роду *Alkalihalobacillus*, выделены из донных отложений колонки № 2 с глубины 1,04–1,31 м. В колонке № 3 представителей данного рода не обнаружено. Ранее штаммы рода *Alkalihalobacillus* выделены из различных галощелочных сред, включая почву и отложения содовых и гиперсоленых озер [26]. Анализ нуклеотидной последовательности гена 16S рРНК у штаммов CX2-3 и CX2-3.1 показал, что уровень сходства с ближайшим типовым штаммом *A. akibai* 1139^T составляет 97,27 и 97,12% соответственно. В связи с низким процентом сходства с близкородственными штаммами в перспективе данные изоляты могут быть описаны как новые виды.

Штаммы *Alkalihalobacillus* sp. CX2-3 и *Alkalihalobacillus* sp. CX2-3.1 являются галотолерантными микроорганизмами, способными к росту при концентрациях NaCl в пределах от 0 до 100 г/л. Штамм CX2-3 проявляет широкие адаптивные свойства в отношении pH среды, в частности, способен к росту при pH в диапазоне от 7,0 до 10,5. Изолят CX2-3.1 в отличие от вышеуказанного штамма является алкалофилом, не способным к росту в нейтральной среде, оптимальные для роста значения pH находятся в узких пределах от 9,5 до 10,5. По литературным данным, большинство представителей рода *Alkalihalobacillus* являются алкалотолерантными (оптимум pH 9,0–10,0) и галотолерантными / галофильными микроорганизмами (NaCl от 0 до 120 г/л). Отмечается, что данные виды способны без последствий адаптироваться к внезапному повышению концентраций NaCl от 0,5 до 12%, при этом резкий сдвиг pH среды с 7,0 до 11,0 оказывает серьезное воздействие на жизнеспособность клеток [27]. Исследуемые штаммы CX2-3.1 и CX2-3

отличаются субстратной специфичностью, а именно штамм CX2-3.1 способен использовать в качестве единственного источника углерода и энергии бифенил, дизельное топливо и нафталин, а *Alkalihalobacillus* sp. CX2-3 – только бифенил (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Ранее для рода *Alkalihalobacillus* описана способность использовать бензоат в качестве единственного источника углерода и энергии [28].

Изолят рода *Paralkalibacillus* (штамм CX2-4) выделен из образца донных отложений колонки № 2, отобранного с глубины 0,51–0,68 м. Анализ нуклеотидной последовательности гена 16S рРНК показал, что данный изолят имеет 100%-ное сходство с *P. indicireducens* Bps-1^T, который ранее был выделен из раствора индиго, используемого для окрашивания [29]. Вид *P. indicireducens* является единственным в составе рода *Paralkalibacillus*. Исследуемый изолят CX2-4 растет в среде с содержанием хлорида натрия до 100 г/л в диапазоне pH 7,0–11,0, что в целом согласуется с физиологическими характеристиками типового штамма за исключением того, что штамм CX2-4 способен также к росту в нейтральной среде, что не описано для штамма *P. indicireducens* Bps-1^T [29]. Выявлена способность штамма CX2-4 использовать бензойную кислоту в качестве единственного источника углерода и энергии, подобные свойства для представителей рода *Paralkalibacillus* ранее не описаны (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383).

Штаммы CX3-4, CX3-6, CX2-5 рода *Salipaludibacillus* выделены из образцов, отобранных с глубин 0,51–0,68, 0,85–1,02 и 1,52–1,82 м. Представители данного рода широко распространены в средах, характеризующихся высокой соленостью и щелочностью среды, в содовых озерах [30]. Анализ нуклеотидной последовательности гена 16S рРНК штаммов CX3-4, CX3-6, CX2-5 показал, что уровень сходства с ближайшим типовым штаммом вида *S. neizhouensis* составляет 98,71; 97,75 и 99,18% соответственно (прил. 1: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Для штамма *S. neizhouensis* JSM071004^T характерен рост при концентрациях хлорида натрия в среде до 10% в пределах pH 6,5–10,0 [31]. В отличие от штамма *S. neizhouensis* JSM071004^T изоляты CX2-5 и CX3-4 способны расти в среде культивирования с содержанием NaCl от 0 до 200 г/л при pH 7,0–10,5. Штамм CX3-6 является алкалофильным и галотолерантным организмом, растущим только в щелочных условиях (pH 9,5–10,5) как без хлорида натрия в среде культивирования, так и в его присутствии до 250 г/л (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Стоит отметить, что в отличие от штаммов CX3-6 и CX2-5, изолят CX3-4 может использовать дизельное топливо в качестве единственного источника углерода и энергии (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Ранее у штаммов рода *Salipaludibacillus* способности к разложению алифатических соединений не описано. Штаммы рода *Salipaludibacillus*, выделенные из донных отложений, в перспективе могут быть описаны как новые таксономические единицы в связи с их физиологическими и генетическими отличиями от ближайшего типового штамма *S. neizhouensis* JSM071004^T. Поскольку данные штаммы устойчивы к высоким концентрациям хлорида натрия и щелочности среды, они потенциально могут быть

использованы в различных биотехнологических областях, поэтому изоляты СХЗ-4, СХЗ-6, СХЗ-5 представляют большой интерес для дальнейших исследований.

Изолят рода *Cytobacillus* (штамм СХР-19) выделен методом прямого посева (сПф, 50 г/л NaCl) из образцов донных отложений, отобранных с глубины 0,51–0,68 м. Анализ нуклеотидной последовательности гена 16S рРНК показал, что данный штамм имеет наибольший уровень сходства (99,76%) с *C. purgationiresistens* DS22^T. Ранее описаны галофильные штаммы рода *Cytobacillus*, изолированные из морских отложений [32] и гидротермального солёного источника [33]. Штамм *Cytobacillus* sp. СХР-19 является галоалкалотолерантным организмом: способен расти без содержания соли в среде культивирования и в присутствии NaCl до 100 г/л при значениях pH среды от 7,0 до 9,5, что согласуется с данными для типового штамма вида *C. purgationiresistens* [32]. Установлено, что штамм способен использовать в качестве единственного источника углерода и энергии бифенил и *орто*-фталевую кислоту (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Ранее у штаммов рода *Cytobacillus* описана способность к деградации ди-(2-этилгексил)фталата (ДЕНП) и продуктов его разложения, таких как моно(2-этилгексил)фталат, монобутилфталат, 2-этилгексанол, *орто*-фталевая и протокатеховая кислоты [34].

Штамм СХР-23, представитель рода *Exiguobacterium*, имеет 100%-ный уровень сходства по гену 16S рРНК с типовым штаммом вида *E. mexicanum* (прил. 1: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Изолят СХР-23 выделен из поверхностного слоя донных отложений колонки № 2. По литературным данным, штаммы рода *Exiguobacterium* выделены из разнообразных местообитаний, в том числе из донных отложений, щелочных сточных вод, ледников, гидротермальных источников и промышленных стоков [35]. Представители рода устойчивы к широкому спектру условий среды, в том числе к перепаду температур (от 12 до 55°C), широкому диапазону pH, ультрафиолетовому излучению, тяжёлым металлам, различному качественному и количественному составу солей в среде [35]. Кроме того, некоторые штаммы рода *Exiguobacterium* способны к деградации полиэтилена низкой плотности [36]. Исследуемый штамм *Exiguobacterium* sp. СХР-23 растет в среде культивирования при pH от 7,0 до 9,5 как в отсутствие NaCl, так и в присутствии соли до 100 г/л в среде культивирования. Показана способность штамма СХР-23 использовать в качестве единственного источника углерода и энергии ряд ароматических и алифатических соединений, таких как нафталин, бифенил, *орто*-фталевая и бензойная кислоты, а также дизельное топливо (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). В связи с описанными для представителей рода уникальными способностями штамм СХР23 может быть интересен для дальнейшего более глубокого исследования с целью возможности использования в биотехнологических целях, в том числе в биоремедиации.

Семейство *Micrococcaceae* представлено 28 родами [18]. Бактерии семейства изолированы из различных природных сред обитания, в том числе

характеризующихся экстремальными условиями (высокая соленость, щелочность, высокие концентрации тяжелых металлов и других токсичных элементов) [37]. Ранее большой массив штаммов семейства *Micrococcaceae* был выделен из образцов соляной породы (каменная соль, карналлит) Верхнекамского месторождения калийно-магниевых солей, а также из почв, грунтов и донных отложений, загрязненных отходами химических и соледобывающих производств [6].

Из донных отложений техногенного щелочного водоема, расположенного на территории ВМКМС, выделены бактерии семейства *Micrococcaceae*, родов *Micrococcus* и *Kocuria* (прил. 1: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Изоляты демонстрировали эффективный рост при pH от 7,0 до 10,0 и концентрациях соли в среде культивирования в пределах 0–150 г/л (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383), за исключением двух галофильных штаммов (*Micrococcus* sp. CXP-15, *Kocuria* sp. CXP-13), которые не способны к росту в среде без хлорида натрия. На рис. 2 показано положение исследуемых штаммов семейства *Micrococcaceae* с близкородственными типовыми штаммами на филогенетическом дереве.

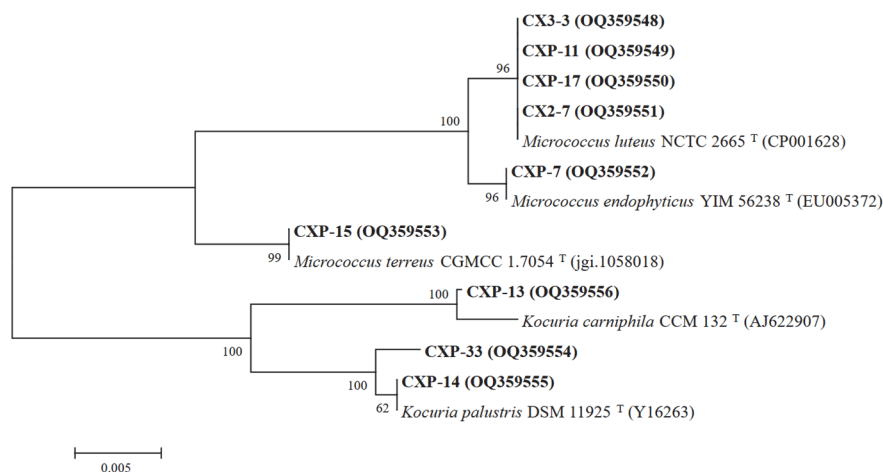


Рис. 2. Положение исследуемых штаммов семейства *Micrococcaceae* на филогенетическом дереве, построенном на основании сравнительного анализа нуклеотидных последовательностей фрагментов генов 16S рРНК изолятов и близкородственных типовых штаммов семейства с использованием метода «neighbor-joining». Эволюционные расстояния рассчитаны с использованием метода «Jukes-Cantor». Цифрами показана статистическая достоверность порядка ветвления, установленная с помощью «bootstrap»-анализа 1 000 альтернативных деревьев (приведены значения выше 50%). Масштаб соответствует 5 нуклеотидным заменам на каждые 1 000 нуклеотидов. В скобках указаны номера в базе данных GenBank [Fig. 2. The position of the studied strains of the family *Micrococcaceae* on the phylogenetic tree constructed on the basis of a comparative analysis of the nucleotide sequences of 16S rRNA gene fragments of isolates and closely related typical strains of the family using the "neighbor-joining" method. The evolutionary distances are calculated using the "Jukes-Cantor" method. The figures show the statistical reliability of the branching order, established using a "bootstrap" analysis of 1000 alternative trees (values above 50% are given). The scale corresponds to 5 nucleotide substitutions for every 1000 nucleotides. Numbers in the GenBank database are shown in parentheses]

Два штамма рода *Micrococcus* (СХР-17 и СХ2-7) имели 100%-ный уровень сходства по генам 16S рПНК, штаммы СХ3-3 и СХР-11 – около 99,8% сходства с типовым штаммом вида *M. luteus*, а штаммы СХР-7 и СХР-15 близкородственны (сходство 100%) с типовыми штаммами видов *M. endophyticus* и *M. terreus* соответственно (прил. 1: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Все изоляты отличались по ВОХ-профилям (данные не приводятся). Штаммы рода *Micrococcus* способны расти в диапазоне pH от 7,0 до 10,5 как в отсутствие NaCl, так и в присутствии до 150 г/л соли в среде культивирования за исключением изолятов СХ3-3 и СХР-11, для которых предельные концентрации соли в среде составляли 50 и 100 г/л, соответственно. В предыдущих исследованиях показано, что типовые штаммы *M. luteus*, *M. endophyticus*, *M. terreus* растут при pH 5,5–9,0 и содержании в среде культивирования NaCl до 100 г/л [37]. Для некоторых штаммов рода *Micrococcus* ранее описана способность к разложению фенантрена, антрацена, нафталина [38], 2-нитротолуола [39], а также эфиров фталевых кислот [8, 34]. Штаммы из донных отложений техногенного водоема также характеризуются способностью использовать в качестве единственного источника углерода и энергии различные алифатические и ароматические соединения (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383).

Штаммы СХР-33 и СХР-14 рода *Kocuria*, выделенные из исследуемых образцов, согласно анализу нуклеотидных последовательностей гена 16S рПНК являются близкородственными типовому штамму вида *K. palustris* (сходство на уровне 99,47 и 99,65%, соответственно). Штамм СХР-13 имеет наибольшее сходство (99,65%) с типовым штаммом вида *K. carniphila* (прил. 1: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Штамм *K. carniphila* CCM 132^T рос при pH от 5,0 до 10,0 без соли и концентрациях NaCl до 100 г/л [40], а штамм *K. palustris* DSM 11925^T – при pH 5,0–8,0 и содержании NaCl до 70 г/л [41]. Изоляты СХР-33 и СХР-14 способны расти в среде культивирования, содержащей до 150 г/л соли (при pH 7,0–9,5), а штамм СХР-13 является галофилом и не растет в среде без NaCl (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Выделенные штаммы показали способность к эффективному использованию дизельного топлива, бифенила, нафталина, орто-фталевой и бензойной кислот в качестве единственного источника углерода и энергии (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Ранее были выявлены штаммы рода *Kocuria* – деструкторы ароматических (нафталин, фенантрен, хлорфенолы) и алифатических соединений [6, 11].

Семейство *Paracoccaceae* включает 60 родов [18]. Представители семейства *Paracoccaceae* широко распространены в естественной среде, особенно в морских экосистемах, в содовых и соленых озерах [42]. Выделенный из донных отложений штамм СХР-20 имеет 100%-ный уровень сходства по гену 16S рПНК с типовым штаммом вида *P. aerius* [43]. *Paracoccus* sp. СХР-20 способен к росту в отсутствие NaCl и в присутствии до 100 г/л в среде культивирования и при pH 7,0–10,0, что соответствует характеристикам штамма *P. aerius* 011410^T. У штамма обнаружена способность к росту на орто-фталевой и бензойной кислотах. У представителей нескольких видов рода

Paracoccus описана способность к разложению полиароматических соединений [44] и сложных эфиров фталевых кислот [45]. Однако у штаммов вида *P. aerius* способность к деструкции ароматических соединений ранее описана не была.

Семейство *Microbacteriaceae* представлено 60 родами [18]. Бактерии семейства широко распространены в различных наземных и водных экосистемах, присутствуют в ассоциациях с растениями. Галофильные представители рода *Microbacterium* (семейство *Microbacteriaceae*) ранее были изолированы из галофильных растений [46] и засоленных почв [47]. Штаммы СХР-26 и СХР-56, согласно анализу генов 16S рРНК, близкородственны типовым штаммам *Microbacterium paraoxydans* NBRC 103076^T и *Microbacterium algeriense* G1^T, соответственно (прил. 1: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Штаммы являются галоалкалотолерантными организмами: могут расти в среде культивирования без содержания хлорида натрия и в присутствии до 100 г/л (штамм СХР-26) или до 150 г/л (штамм СХР-56), а также при значениях pH среды от 7,0 до 9,5. Также у исследуемых штаммов обнаружена способность к использованию в качестве единственного источника углерода и энергии дизельного топлива и бифенила. Штамм СХР-56 способен к разложению нафталина, *орто*-фталевой и бензойной кислот (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383).

Семейство *Dermabacteraceae* включает в себя 4 рода [18], в том числе род *Brachybacterium*, представители которого распространены в морских и наземных экосистемах, в ризосфере, тканях растений [48], а также в средах, загрязнённых различными поллютантами [49]. Штамм СХР-58, выделенный из поверхностного слоя донных отложений, имеет 99,87% сходства (по гену 16S рРНК) с типовым штаммом вида *B. paraconglomeratum* (прил. 1: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Штамм СХР-46 выделен из донных отложений с глубины 0,38–0,69 м, согласно анализу нуклеотидной последовательности гена 16S рРНК, имеет 100%-ное сходство с *Brachybacterium muris* C3H-21^T [50]. Штаммы являются галотолерантными организмами (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383), что по литературным данным соответствует физиологическим характеристикам близкородственных типовых штаммов рода *Brachybacterium* [51]. В ходе исследования показана способность штаммов *Brachybacterium* spp. СХР-58 и СХР-46 к использованию в качестве ростовых субстратов различных моно- и полиароматических соединений, а также дизельного топлива (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383).

Семейство *Brevibacteriaceae* включает в себя 3 рода [18]: *Brevibacterium*, *Sediminivirga*, *Spelaecoccus*. Большинство представителей рода *Brevibacterium* являются галотолерантными микроорганизмами и преимущественно встречаются в средах с повышенными концентрациями соли, таких как морская вода, соленые продукты, засоленные почвы, глубоководные отложения океана, морей и соленых озер [52]. Штаммы рода *Brevibacterium* (СХР-21, СХР-53), выделенные из донных отложений, имеют 99,87–100%-ный уровень сходства по гену 16S рРНК с типовым штаммом вида

B. ptyocampae (прил. 1: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Как и штамм *B. ptyocampae* DSM 21720^T, изоляты СХР-21 и СХР-53 способны расти в щелочных условиях (рН до 10). Штамм СХР-21, как и типовой штамм, рос в среде культивирования как без соли, так и с содержанием NaCl до 100 г/л, а штамм СХР-53 способен к росту при концентрациях соли до 150 г/л. Стоит также отметить способность изолятов СХР-21 и СХР-53 к использованию в качестве единственного источника углерода и энергии дизельного топлива и различных ароматических соединений (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). В целом род *Brevibacterium* представляет большой интерес для исследователей, ранее охарактеризована способность некоторых штаммов к разложению алифатических углеводов [53].

Семейство *Ornithinimicrobiaceae* сформировано в 2018 г. [18] и в него включены 2 рода, в частности *Ornithinimicrobium* и *Serinicoccus*. Ранее представители рода *Ornithinimicrobium* выделены из различных почв, активного ила, водорослей, тканей растений, карстовой пещеры, а также из сред с высокой соленостью [54]. В настоящем исследовании из образца колонки № 3, взятого с глубины 0,38–0,69 м, выделен штамм СХР-45, который отнесён к роду *Ornithinimicrobium*. Анализ нуклеотидной последовательности гена 16S рПНК показал, что данный штамм имеет сходство 98,66% со штаммами *O. algicola* JC311^T и *O. pratense* W204^T (прил. 1: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Штамм СХР-45 растет при рН от 7,0 до 9,5 и содержании хлорида натрия в среде культивирования – до 50 г/л. Физиологические характеристики штамма СХР-45 и типовых штаммов рода *Ornithinimicrobium* отличаются. В частности, для штамма *O. algicola* JC311^T допустимыми значениями рН являются 6–8, а концентрации NaCl в среде – от 10 до 80 г/л. Штамм *O. pratense* W204^T – галотолерантный и алкалотолерантный микроорганизм: растет в широком диапазоне рН от 7 до 11 как в отсутствие хлорида натрия, так и при его концентрациях в среде культивирования до 100 г/л. На основании полученных данных можно сделать заключение, что штамм *Ornithinimicrobium* sp. СХР-45, отличающийся по физиологическим характеристикам и гену 16S рПНК от близкородственных типовых штаммов рода *Ornithinimicrobium*, в перспективе может быть описан как новый таксон.

Семейство *Halomonadaceae* насчитывает 14 родов [18], представители которых широко распространены в различных засоленных экосистемах, таких как соленые озера, морская вода, солончаки, засоленная почва, морепродукты, морские беспозвоночные, сточные воды и гидротермальные источники [55]. Виды рода *Halomonas*, относящиеся к семейству *Halomonadaceae*, широко изучаются как модельные организмы галофильности, а также представляют интерес для применения в биотехнологических целях, таких как производство осмопротекторов, биополимеров, биосурфактантов, а также использования в процессах биоремедиации окружающей среды [55]. Изолированные штаммы СХ2-8 и СХ3-1, согласно анализу генов 16S рПНК, наиболее близки типовым штаммам видов *H. meridiana* и *H. alkalicola*, соответственно

(прил. 1: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Штаммы являются алкалогалотолерантными микроорганизмами, могут расти в среде без содержания соли и с хлоридом натрия до 250 г/л при pH от 7,0 до 10,5. Получены данные о способности исследуемых штаммов использовать в качестве ростовых субстратов алифатические и ароматические соединения (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Ранее было показано, что представители рода *Halomonas*, выделенные из района солеразработок ВМКМС, способны расти в среде культивирования с содержанием хлорида натрия до 300 г/л, а также использовать бензойную кислоту в качестве единственного источника углерода и энергии [3, 4].

Семейство *Dietziaceae* на настоящий момент включает единственный род *Dietzia* [18], который насчитывает 12 видов. Представители рода *Dietzia* изолированы из почв, соленых местообитаний, пресноводных озер, с поверхности рыб и растений, а также из клинических проб [57]. Бактерии рода *Dietzia* применяются в широком спектре отраслей промышленности, особенно в медицинской, химической и пищевой. Некоторые виды рода *Dietzia* способны к деструкции ароматических и алифатических углеводородов и перспективны для использования в биодеградациии при низких температурах, в условиях высокой солёности и в широком интервале pH [56, 57]. Изолят СХР-24 имеет 100%-ное сходство по гену 16S рРНК с штаммом *Dietzia kunjomensis* subsp. *kunjomensis* DSM 44907^T (прил. 1: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383). Штамм является гало- и алкалотолерантным микроорганизмом, способным к росту при pH 7,0–9,5 как в отсутствие NaCl в среде культивирования, так и при концентрациях до 100 г/л. Показана способность штамма СХР-24 к деструкции бензойной кислоты и дизельного топлива (прил. 2: https://journals.tsu.ru/biology/&journal_page=archive&id=2383), что ранее было описано для других штаммов рода *Dietzia* [57].

Выделенные и охарактеризованные штаммы бактерий, согласно санитарно-эпидемиологическим правилам СП 3.3686-21 «Санитарно-эпидемиологические требования по профилактике инфекционных болезней» [58], не относятся к патогенным для человека микроорганизмам.

Заключение

В результате исследования донных отложений щелочного техногенного водоема, расположенного на территории Верхнекамского месторождения калийно-магниевых солей, выделено 33 штамма алкалотолерантных и галофильных / галотолерантных бактерий, относящихся к семействам *Bacillaceae*, *Micrococcaceae*, *Dermbacteraceae*, *Halomonadaceae*, *Brevibacteriaceae*, *Microbacteriaceae*, *Ornithinimicrobiaceae*, *Dietziaceae* и *Paracoccaceae*. Ряд штаммов (*Alkalihalobacillus* spp. СХ2-3 и СХ2-3.1, *Salipaludibacillus* sp. СХ3-6) имели низкий уровень сходства последовательностей генов 16S рРНК (97,27; 97,12 и 97,75% соответственно) с близкородственными типовыми штаммами и в перспективе могут быть описаны в ка-

честве новых таксонов. Большинство изолятов являются экстремофильными бактериями, способными расти при высоких концентрациях соли (до 250 г/л NaCl) и pH 7–11. Штаммы *Microbacterium* sp. CXP-56, *Brachybacterium* sp. CXP-58, *Salipaludibacillus* sp. CX3-6 и *Alkalihalobacillus* sp. CX2-3.1 являются облигатными алкалофилами (оптимальный рост при pH 9,5–10,5). Исследуемые бактериальные культуры способны использовать различные ароматические (нафталин, бифенил, орто-фталевую и бензойную кислоты) и алифатические (в составе дизельного топлива) соединения в качестве единственного источника углерода и энергии. Особый интерес представляют штаммы *Kocuria* sp. CXP-33, *Evansella* sp. CX2-1, *Halomonas* sp. CX2-8, *Micrococcus* spp. CXP-15, *Brevibacterium* spp. CXP-21, CXP-53, *Brachybacterium* spp. CXP-46, CXP-58, способные к эффективной деградации ароматических углеводородов в условиях повышенной солености и щелочности. Таким образом, выделенные бактерии-деструкторы представляют большой интерес для разработки эффективных биотехнологий, направленных на восстановление загрязненных почв и водоёмов, характеризующихся высоким засолением и щёлочностью.

Список источников

1. Martínez G.M., Pire C., Martínez-Espinosa R.M. Hypersaline environments as natural sources of microbes with potential applications in biotechnology: the case of solar evaporation systems to produce salt in Alicante County (Spain) // Current research in microbial sciences. 2022. Vol. 3. P. 100136. doi: 10.1016/j.crmicr.2022.100136
2. Нечаева Ю.И., Белкин П.А., Плотникова Е.Г. Анализ структуры микробных сообществ донных осадков техногенного водоема (г. Березники, Пермский край) // Симбиоз-Россия 2022 : сборник статей XIII Международной конференции ученых-биологов (г. Пермь, ПГНИУ, 24–25 октября 2022 г.). Пермь, 2023. С. 833–837. doi: 10.17072/simbioz-2022-848-853
3. Корсакова Е.С., Ананьина Л.Н., Назаров А.В., Бачурин Б.А., Плотникова Е.Г. Разнообразие бактерий семейства *Halomonadaceae* района разработок Верхнекамского месторождения солей // Микробиология. 2013. Т. 82, № 2. С. 247–247. doi: 10.7868/S0026365613020079
4. Пьянкова А.А., Плотникова Е.Г. Бактерии-деструкторы бензойной кислоты семейства *Halomonadaceae*, выделенные из района солеразработок: видовое разнообразие и анализ *benA*-генов // Микробиология. 2022. Т. 91, № 1. С. 102–115. doi: 10.31857/S0026365622010104
5. Плотникова Е.Г., Ястребова О.В., Корсакова Е.С., Пьянкова А.А., Ананьина Л.Н. Изучение бактерий-деструкторов моно(поли)ароматических соединений семейства *Micrococcaceae*, перспективных для разработки биотехнологий очистки промышленных территорий Пермского края // Вестник Пермского федерального исследовательского центра. 2022. № 2. С. 47–55. doi: 10.7242/2658-705X/2022.2.5
6. Ястребова О.В., Плотникова Е.Г. Филогенетическое разнообразие бактерий семейства *Micrococcaceae*, выделенных из биотопов с различным антропогенным воздействием // Вестник Пермского университета. Серия: Биология. 2020. Т. 4. С. 321–333. doi: 10.17072/1994-9952-2020-4-321-333
7. Yastrebova O.V., Plotnikova E.G., Ananina L.N., Demakov V.A. Aerobic spore-forming bacteria from the region of salt mining // Russian journal of ecology. 2009. Vol. 40. PP. 516–521. doi: 10.1134/S1067413609070108
8. Ястребова О.В., Пьянкова А.А., Плотникова Е.Г. Бактерии-деструкторы фталатов, выделенные из района промышленной добычи и переработки калийно-магниевых

- солей // Прикладная биохимия и микробиология. 2019. Т. 55, № 4. С. 378–385. doi: 10.1134/S0555109919040159
9. Thacharodi A., Hassan S., Singh T., Mandal R., Khan H.A., Hussain M.A., Pugazhendhi A. Bioremediation of polycyclic aromatic hydrocarbons: an updated microbiological review // *Chemosphere*. 2023. Vol. 328. P. 138498. doi: 10.1016/j.chemosphere.2023.138498
10. Chattopadhyay S., Sachan S. Biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbons and the impact of various genes for their enhanced degradation // *Letters in applied microbiology*. 2023. Vol. 76, № 2. P. ovac062. doi: 10.1093/lambio/ovac062
11. Pfennig N., Biebl H. *Desulfuromonas acetoxidans* gen. nov. and sp. nov., a new anaerobic, sulfur-reducing, acetate-oxidizing bacterium // *Archives of Microbiology*. 1976. Vol. 110, № 1. PP. 3–12. doi: 10.1007/BF00416962
12. Нетрусов А.И., Егорова М.А., Захарчук Л.М. Практикум по микробиологии : учеб. пособие для студ. высш. учеб. заведений. М. : Академия, 2005. 608 с.
13. Ausubel F.M., Brent R., Kingston R.E., Moore D.D., Seidman J.G., Smith J.A., Struhl K. *Short Protocols in molecular biology*. New York : Wiley, 1995. 900 p. doi: 10.1086/417163
14. Lane D.J. 16S/23S rRNA sequencing // *Nucleic acid techniques in bacterial systematic* / eds by E. Stackebrandt, M. Goodfellow. N.Y. : John Wiley & Sons, 1991. P. 115–175.
15. Tamura K., Stecher G., Kumar S. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11 // *Molecular biology and evolution*. 2021. Vol. 38, № 7. PP. 3022–3027. doi: 10.1093/molbev/msab120
16. The National Center for Biotechnology Information. URL: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov> (дата обращения: 14.07.2023).
17. EzBioCloud Database. Available at: <http://www.ezbiocloud.net> (дата обращения: 14.07.2023).
18. List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature. URL: <https://lpsn.dsmz.de> (дата обращения: 14.07.2023).
19. Mandic-Mulec I., Stefanic P., van Elsas J.D. Ecology of *Bacillaceae* // *The bacterial spore: from molecules to systems* / eds by A. Driks, P. Eichenberger. New York : Wiley, 2016. PP. 59–85. doi: 10.1128/9781555819323.ch3
20. Liu G.H., Narsing Rao M.P., Chen Q.Q., Che J.M., Shi H., Liu B., Li W.J. *Evansella halocellulosilytic* a sp. nov., an alkali-halotolerant and cellulose-dissolving bacterium isolated from bauxite residue // *Extremophiles*. 2022. Vol. 26, № 2. P. 19. doi: 10.1007/s00792-022-01267-y
21. Zhu W.Y., Yang L., Shi Y.J., Mu C.G., Wang Y., Kou Y.R., Tang S.K. *Oceanobacillus halotolerans* sp. nov., a bacterium isolated from salt lake in Xinjiang province, north-west China // *Archives of microbiology*. 2020. Vol. 202. PP. 1545–1549. doi: 10.1007/s00203-020-01865-4
22. Yongchang O., Xiang W., Wang G. *Oceanobacillus bengalensis* sp. nov., a bacterium isolated from seawater of the Bay of Bengal // *Antonie Van Leeuwenhoek*. 2015. Vol. 108. PP. 1189–1196. doi: 10.1007/s10482-015-0573-5
23. OuYang Y., Li M.M., Lv A.P., Jin P.J., Liu L., Liu Z.T., Wang S. *Oceanobacillus saliphilus* sp. nov., isolated from saline-alkali soil in Heilongjiang province, China // *Current microbiology*. 2022. Vol. 79, № 10. P. 301. doi: 10.1007/s00284-022-02997-0
24. Hirota K., Aino K., Nodasaka Y., Yumoto I. *Oceanobacillus indicireducens* sp. nov., a facultative alkaliphile that reduces an indigo dye // *International journal of systematic and evolutionary microbiology*. 2013. Vol. 63, № 4. PP. 1437–1442. doi: 10.1099/ij.s.0.034579-0
25. Kumar A.G., Rajan N.N., Kirubakaran R., Dharani G. Biodegradation of crude oil using self-immobilized hydrocarbonoclastic deep sea bacterial consortium // *Marine pollution bulletin*. 2019. Vol. 146. PP. 741–750. doi: 10.1016/j.marpolbul.2019.07.006
26. Joshi A., Thite S., Karodi P., Joseph N., Lodha T. *Alkalihalobacterium elongatum* gen. nov. sp. nov.: an antibiotic-producing bacterium isolated from Lonar Lake and reclassification of the genus *Alkalihalobacillus* into seven novel genera // *Frontiers in microbiology*. 2021. Vol. 12. P. 722369. doi: 10.3389/fmicb.2021.722369

27. Krishna P., Raghunathan S., Prakash J. Comparative genome analysis of *Alkalihalobacillus okhensis* Kh10-101^T reveals insights into adaptive mechanisms for halo-alkali tolerance // 3 Biotech. 2021. Vol. 11. PP. 1–18. doi: 10.1007/s13205-021-02938-x
28. Yumoto I., Yamaga S., Sogabe Y., Nodasaka Y., Matsuyama H., Nakajima K., Suemori A. *Bacillus krulwichiae* sp. nov., a halotolerant obligate alkaliphile that utilizes benzoate and m-hydroxybenzoate // International journal of systematic and evolutionary microbiology. 2003. Vol. 53, № 5. PP. 1531–1536. doi: 10.1099/ijs.0.02596-0
29. Hirota K., Nishita M., Matsuyama H., Yumoto I. *Paralkalibacillus indicireducens* gen. nov., sp. nov., an indigo-reducing obligate alkaliphile isolated from indigo fermentation liquor used for dyeing // International journal of systematic and evolutionary microbiology. 2017. Vol. 67, № 10. PP. 4050–4056. doi: 10.1099/ijs.0.002248
30. Wang S., Dong L., Zhao B., Zhang X., Xu S., Wu K., Wang H. *Salipaludibacillus keqinensis* sp. nov., a moderately halophilic bacterium isolated from a saline–alkaline lake // Antonie van Leeuwenhoek. 2019. Vol. 112. PP. 897–903. doi: 10.1007/s10482-018-01224-w
31. Chen Y.G., Zhang Y.Q., Wang Y.X., Liu Z.X., Klenk H.P., Xiao H.D., Li W.J. *Bacillus neizhouensis* sp. nov., a halophilic marine bacterium isolated from a sea anemone // International journal of systematic and evolutionary microbiology. 2009. Vol. 59, № 12. PP. 3035–3039. doi: 10.1099/ijs.0.009522-0
32. Patel S., Gupta R.S. A phylogenomic and comparative genomic framework for resolving the polyphyly of the genus *Bacillus*: proposal for six new genera of *Bacillus* species, *Peribacillus* gen. nov., *Cytobacillus* gen. nov., *Mesobacillus* gen. nov., *Neobacillus* gen. nov., *Metabacillus* gen. nov. and *Alkalihalobacillus* gen. nov // International journal of systematic and evolutionary microbiology. 2020. Vol. 70, № 1. PP. 406–438. doi: 10.1099/ijs.0.003775
33. Tarasov K., Yakhnenko A., Zarubin M., Gangapshv A., Potekhina N.V., Avtukh A.N., Kravchenko E. *Cytobacillus pseudoceanisediminis* sp. nov., a novel facultative methylotrophic bacterium with high heavy metal resistance isolated from the deep underground saline spring // Current microbiology. 2023. Vol. 80, № 1. P. 31. doi: 10.1007/s00284-022-03141-8
34. Ningthoujam R., Satiraphan M., Sompongchaiyakul P., Bureekul S., Luadnakrob P., Pinyakong O. Bacterial community shifts in a di-(2-ethylhexyl) phthalate-degrading enriched consortium and the isolation and characterization of degraders predicted through network analyses // Chemosphere. 2023. Vol. 310. P. 136730. doi: 10.1016/j.chemosphere.2022.136730
35. López M.C., Galán B., Carmona M., Navarro Llorens J.M., Peretó J., Porcar M., García J.L. Xerotolerance: a new property in *Exiguobacterium* genus // Microorganisms. 2021. Vol. 9, № 12. P. 2455. doi: 10.3390/microorganisms9122455
36. Maroof L., Khan I., Hassan H., Azam S., Khan W. Microbial degradation of low density polyethylene by *Exiguobacterium* sp. strain LM-IK2 isolated from plastic dumped soil // World journal of microbiology and biotechnology. 2022. Vol. 38, № 11. P. 197. doi: 10.1007/s11274-022-03389-z
37. Dastager S., Krishnamurthi S., Rameshkumar N., Dharne M. The Family *Micrococcaceae* // *The Prokaryotes* / eds by E. Rosenberg, E.F. DeLong, S. Lory, E. Stackebrandt, F. Thompson. Springer, Berlin, Heidelberg, 2014. PP. 455–498. doi: 10.1007/978-3-642-30138-4_168
38. Jegan J., Vijayaraghavan K., Senthilkumar R., Velan M. Naphthalene degradation kinetics of *Micrococcus* sp., isolated from activated sludge // CLEAN–Soil, Air, Water. 2010. Vol. 38, № 9. PP. 837–842. doi: 10.1002/clen.200900148
39. Mulla S.I., Talwar M.P., Bagewadi Z.K., Hoskeri R.S., Ninnekar H.Z. Enhanced degradation of 2-nitrotoluene by immobilized cells of *Micrococcus* sp. strain SMN-1 // Chemosphere. 2013. Vol. 90, № 6. PP. 1920–1924. doi: 10.1016/j.chemosphere.2012.10.030
40. Tvřzová L., Schumann P., Sedláček I., Páčová Z., Spröer C., Verbarg S., Kroppenstedt R.M. Reclassification of strain CCM 132, previously classified as *Kocuria*

- varians, as *Kocuria carniphila* sp. nov. // International journal of systematic and evolutionary microbiology. 2005. Vol. 55, № 1. PP. 139–142. doi: 10.1099/ijls.0.63304-0
41. Kovács G., Burghardt J., Pradella S., Schumann P., Stackebrandt E., Máriaiget K. *Kocuria palustris* sp. nov. and *Kocuria rhizophila* sp. nov., isolated from the rhizoplane of the narrow-leaved cattail (*Typha angustifolia*) // International journal of systematic and evolutionary microbiology. 1999. Vol. 49, № 1. PP. 167–173. doi: 10.1099/00207713-49-1-167
42. Zhang G., Xian W., Yang J., Liu W., Jiang H., Li W. *Paracoccus gahaiensis* sp. nov. isolated from sediment of Gahai Lake, Qinghai-Tibetan Plateau, China // Archives of microbiology. 2016. Vol. 198. PP. 227–232. doi: 10.1007/s00203-015-1184-2
43. Xue H., Piao C.G., Guo M.W., Wang L.F., Li Y. *Paracoccus aerius* sp. nov., isolated from air // International journal of systematic and evolutionary microbiology. 2017. Vol. 67, № 8. PP. 2586–2591. doi: 10.1099/ijsem.0.001976
44. Gan X., Teng Y., Zhao L., Ren W., Chen W., Hao J., Luo Y. Influencing mechanisms of hematite on benzo (a) pyrene degradation by the PAH-degrading bacterium *Paracoccus* sp. strain HPD-2: insight from benzo (a) pyrene bioaccessibility and bacteria activity // Journal of hazardous materials. 2018. Vol. 359. PP. 348–355. doi: 10.1016/j.jhazmat.2018.07.070
45. Xu Y., Minhazul K.A., Wang X., Liu X., Li X., Meng Q., Sun B. Biodegradation of phthalate esters by *Paracoccus kondratievae* BJQ0001 isolated from Jiuqu (Baijiu fermentation starter) and identification of the ester bond hydrolysis enzyme // Environmental pollution. 2020. Vol. 263. P. 114506. doi: 10.1016/j.envpol.2020.114506
46. Zhu Q.H., Yang C.L., Luo X.X., Zhang L.L., Xia Z.F. *Microbacterium karelineae* sp. nov. isolated from a halophyte plant in the Taklamakan desert // International Journal of systematic and evolutionary microbiology. 2021. Vol. 71, № 2. P. 004629. doi: 10.1099/ijsem.0.004629
47. Li W.J., Chen H.H., Kim C.J., Park D.J., Tang S.K., Lee J.C., Jiang C.L. *Microbacterium halotolerans* sp. nov., isolated from a saline soil in the west of China // International journal of systematic and evolutionary microbiology. 2005. Vol. 55, № 1. PP. 67–70. doi: 10.1099/ijls.0.63239-0
48. Tuo L., Yan X.R., Li F.N., Bao Y.X., Shi H.C., Li H.Y., Sun C.H. *Brachybacterium endophyticum* sp. nov., a novel endophytic actinobacterium isolated from bark of *Scutellaria baicalensis* Georgi // International journal of systematic and evolutionary microbiology. 2018. Vol. 68, № 11. PP. 3563–3568. doi: 10.1099/ijsem.0.003032
49. Harboul K., Alouiz I., Hammani K., El-Karkouri A. Isotherm and kinetics modeling of biosorption and bioreduction of the Cr (VI) by *Brachybacterium paraconglomeratum* ER41 // Extremophiles. 2022. Vol. 26, № 3. P. 30. doi: 10.1007/s00792-022-01278-9
50. Buczolits S., Schumann P., Weidler G., Radax C., Busse H.J. *Brachybacterium muris* sp. nov., isolated from the liver of a laboratory mouse strain // International journal of systematic and evolutionary microbiology. 2003. Vol. 53. PP. 1955–1960. doi: 10.1099/ijls.0.02728-0
51. Takeuchi M., Fang C.X., Yokota A. Taxonomic study of the genus *Brachybacterium*: proposal of *Brachybacterium conglomeratum* sp. nov., nom. rev., *Brachybacterium paraconglomeratum* sp. nov., and *Brachybacterium rhamnsum* sp. nov. // International journal of systematic and evolutionary microbiology. 1995. Vol. 45, № 1. PP. 160–168. doi: 10.1099/00207713-45-1-160
52. Pei S., Xie F., Niu S., Ma L., Zhang R., Zhang G. *Brevibacterium profundum* sp. nov., isolated from deep-sea sediment of the Western Pacific Ocean // International journal of systematic and evolutionary microbiology. 2020. Vol. 70, № 11. PP. 5818–5823. doi: 10.1099/ijsem.0.004483
53. Ali N., Dashti N., Al-Mailem D., Eliyas M., Radwan S. Indigenous soil bacteria with the combined potential for hydrocarbon consumption and heavy metal resistance // Environmental science and pollution research. 2012. Vol. 19. PP. 812–820. doi: 10.1007/s11356-011-0624-z

54. Gao L., Fang B.Z., Liu Y.H., Huang Y., Jiao J.Y., Li L., Li W.J. *Ornithinimicrobium sediminis* sp. nov., a novel actinobacterium isolated from a saline lake sediment // Archives of microbiology. 2022. Vol. 204, № 5. P. 277. doi: 10.1007/s00203-022-02898-7
55. De la Haba R.R., Arahal D.R., Sánchez-Porro C., Ventosa A. The family *Halomonadaceae* // *The Prokaryotes* / eds by E. Rosenberg, E.F. DeLong, S. Lory, E. Stackebrandt, F. Thompson. Springer, Berlin, Heidelberg, 2014. PP. 325–360. doi: 10.1007/978-3-642-38922-1_235
56. Gharibzadeh S.M.T., Razavi S.H., Mousavi S.M. Characterization of bacteria of the genus *Dietzia*: an updated review // Annals of microbiology. 2014. Vol. 64, № 1. PP. 1–11. doi: 10.1007/s13213-013-0603-3
57. Fathepure B.Z. Recent studies in microbial degradation of petroleum hydrocarbons in hypersaline environments // Frontiers in microbiology. 2014. Vol. 5. P. 173. doi: 10.3389/fmicb.2014.00173
58. СП 3.3686–21 «Санитарно-эпидемиологические требования по профилактике инфекционных болезней» от 28 января 2021 г.

References

1. Martínez GM, Pire C, Martínez-Espinosa RM. Hypersaline environments as natural sources of microbes with potential applications in biotechnology: the case of solar evaporation systems to produce salt in Alicante County (Spain). *Current research in microbial sciences*. 2022;3:100136. doi: 10.1016/j.crmicr.2022.100136
2. Nechaeva YI, Belkin PA, Plotnikova EG. Analysis of the of microbial communities structure in bottom sediments of a technogenic water reservoir (Berezniki, Perm krai). In: *Simbioz-Rossiya 2022 [Elektronnyy resurs]: sbornik statey XIII Mezhdunarodnoy konferentsii uchenykh-biologov (g. Perm', PGNIU, 24–25 oktyabrya 2022 g.)* [Symbiosis-Russia 2022 [Electronic resource]: collection of articles of the XIII International Conference of Biological Scientists (Perm, Perm State University, October 24–25, 2022)]. Perm: Perm State University Publ.; 2023. pp. 833-837. doi:10.17072/simbioz-2022-848-853. In Russian, English summary
3. Korsakova ES, Anan'ina LN, Nazarov AV, Bachurin BA, Plotnikova EG. Diversity of bacteria of the family *Halomonadaceae* at the mining area of the Verkhnekamsk salt deposit. *Microbiology*. 2013;82(2):249-252. doi: 10.1134/S0026261713020070
4. Pyankova AA, Plotnikova EG. Benzoate-degrading bacteria of the family *Halomonadaceae* isolated from a salt mining area: species diversity and analysis of the *benA* genes. *Microbiology*. 2022;91(1):91-103. doi: 10.1134/S0026261722010106
5. Plotnikova EG, Yastrebova OV, Korsakova ES, Pyankova AA, Anan'ina LN. Study of bacteria of the family *Micrococcaceae* degrading mono(poly)aromatic compounds promising for the development of biotechnologies for purification of industrial territories of the Perm region]. *Journal of the Perm Federal Research Centre*. 2022;2:47-55. doi: 10.7242/2658-705X/2022.2.5. In Russian
6. Yastrebova OV, Plotnikova EG. Phylogenetic diversity of bacteria of the family *Micrococcaceae* isolated from biotopes with different anthropogenic impact. *Bulletin of Perm University. Biology*. 2020;4:321-333. doi: 10.17072/1994-9952-2020-4-321-333. In Russian, English summary
7. Yastrebova OV, Plotnikova EG, Ananina LN, Demakov VA. Aerobic spore-forming bacteria from the region of salt mining // *Russian journal of ecology*. 2009;40:516-521. doi: 10.1134/S1067413609070108
8. Yastrebova OV, Pyankova AA, Plotnikova EG. Phthalate-degrading bacteria isolated from an industrial mining area and the processing of potassium and magnesium salts. *Applied Biochemistry and Microbiology*. 2019;55(4):397-404. doi: 10.1134/S000368381904015X
9. Thacharodi A, Hassan S, Singh T, Mandal R, Khan HA, Hussain MA, Pugazhendhi A. Bioremediation of polycyclic aromatic hydrocarbons: an updated microbiological review. *Chemosphere*. 2023;328:138498. doi: 10.1016/j.chemosphere.2023.138498

10. Chattopadhyay S, Sachan S. Biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbons and the impact of various genes for their enhanced degradation. *Letters in applied microbiology*. 2023;76(2):ovac062. doi: 10.1093/lambio/ovac069
11. Pfennig N, Biebl H. *Desulfuromonas acetoxidans* gen. nov. and sp. nov., a new anaerobic, sulfur-reducing, acetate-oxidizing bacterium. *Archives of Microbiology*. 1976;110(1):3-12. doi: 10.1007/BF00416962
12. Netrusov AI, Egorova MA, Zakharchuk LM. Praktikum po mikrobiologii: Ucheb. posobie dlya stud. vyssh. ucheb. zavedeniy [Workshops in microbiology: Practical guide for students]. Moscow: "Akademiya" Publ.; 2005. 608 p. In Russian
13. Ausubel FM, Brent R, Kingston RE, Moore DD, Seidman JG, Smith JA, Struhl K. Short Protocols in molecular biology. New York: Wiley; 1995. 900 p. doi: 10.1086/417163
14. Lane DJ. 16S/23S rRNA sequencing. In: *Nucleic acid techniques in bacterial systematics*. Stackebrandt E, Goodfellow M, editors. New York: John Wiley & Sons; 1991. pp. 115-175.
15. Tamura K, Stecher G, Kumar S. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular biology and evolution*. 2021;38(7):3022-3027. doi: 10.1093/molbev/msab120
16. The National Center for Biotechnology Information [Electronic resource]. Available at: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov> (accessed 14.07.2023).
17. EzBioCloud Database. Available at: <http://www.ezbiocloud.net> (accessed 14.07.2023).
18. List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature. Available at: <https://lpsn.dsmz.de> (accessed 14.07.2023).
19. Mandic-Mulec I, Stefanic P, van Elsas JD. Ecology of *Bacillaceae*. In: *The bacterial spore: from molecules to systems*. Driks A, Eichenberger P, editors. New York: Wiley; 2016. pp. 59-85. doi: 10.1128/9781555819323.ch3
20. Liu GH, Rao MPN, Chen QQ, Che JM, Shi H, Liu B, Li WJ. *Evansella halocellulosilytic* a sp. nov., an alkali-halotolerant and cellulose-dissolving bacterium isolated from bauxite residue. *Extremophiles*. 2022;26(2):19. doi: 10.1007/s00792-022-01267-y
21. Zhu WY., Yang L, Shi YJ, Mu CG, Wang Y, Kou YR, Tang SK. *Oceanobacillus halotolerans* sp. nov., a bacterium isolated from salt lake in Xinjiang province, north-west China. *Archives of microbiology*. 2020;202:1545-1549. doi: 10.1007/s00203-020-01865-4
22. Yongchang O, Xiang W, Wang G. *Oceanobacillus bengalensis* sp. nov., a bacterium isolated from seawater of the Bay of Bengal. *Antonie Van Leeuwenhoek*. 2015;108:1189-1196. doi: 10.1007/s10482-015-0573-5
23. OuYang YT, Li MM, Lv AP, Jin PJ, Liu L, Liu ZT, Wang S. *Oceanobacillus saliphilus* sp. nov., isolated from saline-alkali soil in Heilongjiang province, China. *Current microbiology*. 2022;79(10):301. doi: 10.1007/s00284-022-02997-0
24. Hirota K, Aino K, Nodasaka Y, Yumoto I. *Oceanobacillus indicireducens* sp. nov., a facultative alkaliphile that reduces an indigo dye. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*. 2013;63(4):1437-1442. doi: 10.1099/ij.s.0.034579-0
25. Kumar AG, Rajan NN, Kirubakaran R, Dharani G. Biodegradation of crude oil using self-immobilized hydrocarbonoclastic deep sea bacterial consortium. *Marine pollution bulletin*. 2019;146:741-750. doi: 10.1016/j.marpolbul.2019.07.006
26. Joshi A, Thite S, Karodi P, Joseph N, Lodha T. *Alkalihalobacterium elongatum* gen. nov. sp. nov.: an antibiotic-producing bacterium isolated from Lonar Lake and reclassification of the genus *Alkalihalobacillus* into seven novel genera. *Frontiers in microbiology*. 2021;12:722369. doi: 10.3389/fmicb.2021.722369
27. Krishna P, Raghunathan S, Prakash J. Comparative genome analysis of *Alkalihalobacillus okhensis* Kh10-101^T reveals insights into adaptive mechanisms for halo-alkali tolerance. *3 Biotech*. 2021;11:1-18. doi: 10.1007/s13205-021-02999-y
28. Yumoto I, Yamaga S, Sogabe Y, Nodasaka Y, Matsuyama H, Nakajima K, Suemori A. *Bacillus krulwichiae* sp. nov., a halotolerant obligate alkaliphile that utilizes benzoate and m-hydroxybenzoate. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*. 2003;53(5):1531-1536. doi: 10.1099/ij.s.0.02596-0

29. Hirota K, Nishita M, Matsuyama H, Yumoto I. *Paralkalibacillus indicireducens* gen., nov., sp. nov., an indigo-reducing obligate alkaliphile isolated from indigo fermentation liquor used for dyeing. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*. 2017;67(10):4050-4056. doi: 10.1099/ijsem.0.002248
30. Wang S, Dong L, Zhao B, Zhang X, Xu S, Wu K, Wang H. *Salipaludibacillus keqinensis* sp. nov., a moderately halophilic bacterium isolated from a saline-alkaline lake. *Antonie van Leeuwenhoek*. 2019;112:897-903. doi: 10.1007/s10482-018-01224-w
31. Chen YG, Zhang YQ, Wang YX, Liu ZX, Klenk HP, Xiao HD, Li WJ. *Bacillus neizhouensis* sp. nov., a halophilic marine bacterium isolated from a sea anemone. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*. 2009;59(12):3035-3039. doi: 10.1099/ijse.0.009522-0
32. Patel S, Gupta RS. A phylogenomic and comparative genomic framework for resolving the polyphyly of the genus *Bacillus*: proposal for six new genera of *Bacillus* species, *Peribacillus* gen. nov., *Cytobacillus* gen. nov., *Mesobacillus* gen. nov., *Neobacillus* gen. nov., *Metabacillus* gen. nov. and *Alkalihalobacillus* gen. nov. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*. 2020;70(1):406-438. doi: 10.1099/ijsem.0.003775
33. Tarasov K, Yakhnenko A, Zarubin M, Gangapshev A, Potekhina NV, Avtukh AN, Kravchenko E. *Cytobacillus pseudoceanisediminis* sp. nov., a novel facultative methylotrophic bacterium with high heavy metal resistance isolated from the deep underground saline spring. *Current microbiology*. 2023;80(1):31. doi: 10.1007/s00284-022-03141-8
34. Ningthoujam R, Satiraphan M, Sompongchaiyakul P, Bureekul S, Luadnakrob P, Pinyakong O. Bacterial community shifts in a di-(2-ethylhexyl) phthalate-degrading enriched consortium and the isolation and characterization of degraders predicted through network analyses. *Chemosphere*. 2023;310:136730. doi: 10.1016/j.chemosphere.2022.136730
35. López MC, Galán B, Carmona M, Llorens JMN, Peretó J, Porcar M, García JL. Xerotolerance: a new property in *Exiguobacterium* genus. *Microorganisms*. 2021;9(12):2455. doi: 10.3390/microorganisms9122455
36. Maroof L, Khan I, Hassan H, Azam S, Khan W. Microbial degradation of low density polyethylene by *Exiguobacterium* sp. strain LM-1K2 isolated from plastic dumped soil. *World journal of microbiology and biotechnology*. 2022;38(11):197. doi: 10.1007/s11274-022-03389-z
37. Dastager S, Krishnamurthi S, Rameshkumar N, Dharne M. The Family *Micrococcaceae*. In: *The prokaryotes*. Rosenberg E, DeLong EF, Lory S, Stackebrandt E, Thompson F, editors. Springer, Berlin, Heidelberg; 2014. pp. 455-498. doi: 10.1007/978-3-642-30138-4_168
38. Jegan J, Vijayaraghavan K, Senthilkumar R, Velan M. Naphthalene degradation kinetics of *Micrococcus* sp., isolated from activated sludge. *CLEAN–Soil, Air, Water*. 2010;38(9):837-842. doi: 10.1002/clen.200900148
39. Mulla SI, Talwar MP, Bagewadi ZK, Hoskeri RS, Ninnekar HZ. Enhanced degradation of 2-nitrotoluene by immobilized cells of *Micrococcus* sp. strain SMN-1. *Chemosphere*. 2013;90(6):1920-1924. doi: 10.1016/j.chemosphere.2012.10.030
40. Tvřzová L, Schumann P, Sedláček I, Páčová Z, Spröer C, Verbarg S, Kroppenstedt RM. Reclassification of strain CCM 132, previously classified as *Kocuria varians*, as *Kocuria carniphila* sp. nov. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*. 2005;55(1):139-142. doi: 10.1099/ijse.0.63304-0
41. Kovács G, Burghardt J, Pradella S, Schumann P, Stackebrandt E, Máriaiget K. *Kocuria palustris* sp. nov. and *Kocuria rhizophila* sp. nov., isolated from the rhizoplane of the narrow-leaved cattail (*Typha angustifolia*). *International journal of systematic and evolutionary microbiology*. 1999;49(1):167-173. doi: 10.1099/00207713-49-1-167
42. Zhang G, Xian W, Yang J, Liu W, Jiang H, Li W. *Paracoccus gahaiensis* sp. nov. isolated from sediment of Gahai Lake, Qinghai-Tibetan Plateau, China. *Archives of microbiology*. 2016;198:227-232. doi: 10.1007/s00203-015-1184-2

43. Xue H, Piao CG, Guo MW, Wang LF, Li Y. *Paracoccus aerius* sp. nov., isolated from air. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*. 2017;67(8):2586-2591. doi: 10.1099/ijsem.0.001756
44. Gan X, Teng Y, Zhao L, Ren W, Chen W, Hao J, Luo Y. Influencing mechanisms of hematite on benzo (a) pyrene degradation by the PAH-degrading bacterium *Paracoccus* sp. strain HPD-2: insight from benzo (a) pyrene bioaccessibility and bacteria activity. *Journal of hazardous materials*. 2018;359:348-355. doi: 10.1016/j.jhazmat.2018.07.070
45. Xu Y, Minhazul KA, Wang X, Liu X, Li X, Meng Q, Sun B. Biodegradation of phthalate esters by *Paracoccus kondratievae* BJQ0001 isolated from Jiuqu (Baijiu fermentation starter) and identification of the ester bond hydrolysis enzyme. *Environmental pollution*. 2020;263:114506. doi: 10.1016/j.envpol.2020.114506
46. Zhu QH, Yang CL, Luo XX, Zhang LL, Xia ZF. *Microbacterium karelineae* sp. nov. isolated from a halophyte plant in the Taklamakan desert. *International Journal of systematic and evolutionary microbiology*. 2021;71(2):004629. doi: 10.1099/ijsem.0.004629
47. Li WJ, Chen HH, Kim CJ, Park DJ, Tang SK, Lee JC, Jiang CL. *Microbacterium halotolerans* sp. nov., isolated from a saline soil in the west of China. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*. 2005;55(1):67-70. doi: 10.1099/ijse.0.63239-0
48. Tuo L, Yan XR, Li FN, Bao YX, Shi HC, Li HY, Sun CH. *Brachybacterium endophyticum* sp. nov., a novel endophytic actinobacterium isolated from bark of *Scutellaria baicalensis* Georgi. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*. 2018;68(11):3563-3568. doi: 10.1099/ijsem.0.003032
49. Harboul K, Alouiz I, Hammani K, El-Karkouri A. Isotherm and kinetics modeling of biosorption and bioreduction of the Cr(VI) by *Brachybacterium paraconglomeratum* ER41. *Extremophiles*. 2022;26(3):30. doi: 10.1007/s00792-022-01278-9
50. Buczolits S, Schumann P, Weidler G, Radax C, Busse HJ. *Brachybacterium muris* sp. nov., isolated from the liver of a laboratory mouse strain. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*. 2003;53:1955-1960. doi: 10.1099/ijse.0.02728-0
51. Takeuchi M, Fang CX, Yokota A. Taxonomic study of the genus *Brachybacterium*: proposal of *Brachybacterium conglomeratum* sp. nov., nom. rev., *Brachybacterium paraconglomeratum* sp. nov., and *Brachybacterium rhamnosum* sp. nov. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*. 1995;45(1):160-168. doi: 10.1099/00207713-45-1-116
52. Pei S, Xie F, Niu S, Ma L, Zhang R, Zhang G. *Brevibacterium profundum* sp. nov., isolated from deep-sea sediment of the Western Pacific Ocean. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*. 2020;70(11):5818-5823. doi: 10.1099/ijsem.0.004483
53. Ali N, Dashti N, Al-Mailem D, Eliyas M, Radwan S. Indigenous soil bacteria with the combined potential for hydrocarbon consumption and heavy metal resistance. *Environmental science and pollution research*. 2012;19:812-820. doi: 10.1007/s11356-011-0624-z
54. Gao L, Fang BZ, Liu YH, Huang Y, Jiao JY, Li L, Li WJ. *Ornithinimicrobium sediminis* sp. nov., a novel actinobacterium isolated from a saline lake sediment. *Archives of microbiology*. 2022;204(5):277. doi: 10.1007/s00203-022-02898-7
55. De la Haba RR, Arahal DR, Sánchez-Porro C, Ventosa A. The family *Halomonadaceae*. In: *The Prokaryotes*. Rosenberg E, DeLong EF, Lory S, Stackebrandt E, Thompson F, editors. Springer, Berlin, Heidelberg; 2014. pp. 325-360. doi: 10.1007/978-3-642-38922-1_235
56. Gharibzadeh SMT, Razavi SH, Mousavi SM. Characterization of bacteria of the genus *Dietzia*: an updated review. *Annals of microbiology*. 2014;64(1):1-11. doi: 10.1007/s13213-013-0603-3
57. Fathepure BZ. Recent studies in microbial degradation of petroleum hydrocarbons in hypersaline environments. *Frontiers in microbiology*. 2014;5:173. doi: 10.3389/fmicb.2016.00173
58. Санитарно-эпидемиологические требования по профилактике инфекционных болезней. Санитарно-эпидемиологические правила. СП 3.3686-21 [Sanitary and epidemiological requirements for the prevention of infectious diseases. Sanitary and epidemiological rules. SP 3.3686-21]. Moscow: Rospotrebnadzor. 2021.

Информация об авторах:

Нечаева Юлия Игоревна – инженер лаборатории микробиологии техногенных экосистем Института экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН – филиала Пермского федерального исследовательского центра УрО РАН (Пермь, Россия); аспирант Пермского государственного национального исследовательского университета (Пермь, Россия).

E-mail: ulia-2012@mail.ru

Алеев Владислав Сергеевич – инженер лаборатории микробиологии техногенных экосистем Института экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН – филиала Пермского федерального исследовательского центра УрО РАН (Пермь, Россия).

E-mail: v1.vvv132@yandex.ru

Шестакова Елена Анатольевна – ведущий инженер лаборатории микробиологии техногенных экосистем Института экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН – филиала Пермского федерального исследовательского центра УрО РАН (Пермь, Россия).

E-mail: shestakova.e@iegm.ru

Пьянкова Анна Александровна – м.н.с. лаборатории молекулярной иммунологии Института экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН – филиала Пермского федерального исследовательского центра УрО РАН (Пермь, Россия).

E-mail: annpjankva@mail.ru

Плотникова Елена Генриховна – д-р биол. наук, зав. лабораторией микробиологии техногенных экосистем Института экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН – филиал Пермского федерального исследовательского центра УрО РАН (Пермь, Россия); профессор кафедры ботаники и генетики растений Пермского государственного национального исследовательского университета (Пермь, Россия).

E-mail: peg_el@mail.ru

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Information about the authors:

Yulia I. Nechaeva, engineer of laboratory of microbiology of technogenic ecosystems, Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms UB RAS (Perm, Russian Federation); Postgraduate student of Perm State University (Perm, Russian Federation).

E-mail: ulia-2012@mail.ru

Vladislav S. Aleev, engineer of laboratory of microbiology of technogenic ecosystems, Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms UB RAS (Perm, Russian Federation).

E-mail: v1.vvv132@yandex.ru

Elena A. Shestakova, engineer of laboratory of microbiology of technogenic ecosystems, Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms UB RAS (Perm, Russian Federation).

E-mail: shestakova.e@iegm.ru

Anna A. Pyankova, junior researcher of laboratory of molecular immunology, Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms UB RAS (Perm, Russian Federation).

E-mail: annpjankva@mail.ru

Elena G. Plotnikova, doctor of biology, head of laboratory of microbiology of technogenic ecosystems, Institute of Ecology and Genetics of Microorganism UB RAS (Perm, Russian Federation); Professor of the department of botany and plant genetics, Perm State University (Perm, Russian Federation).

E-mail: peg_el@mail.ru

The Authors declare no conflict of interest.

*Статья поступила в редакцию 25.08.2023;
одобрена после рецензирования 03.10.2023; принята к публикации 18.03.2024.*

*The article was submitted 25.08.2023;
approved after reviewing 03.10.2023; accepted for publication 18.03.2024.*