



Исследования
и разработки
Москва 2016

Приоритетное направление:
Науки о жизни

Программное мероприятие:
2.2. Поддержка исследований в
рамках сотрудничества с
государствами — членами
Европейского союза

Федеральная целевая программа «Исследования и разработки по приоритетным направлениям развития научно-технологического комплекса России на 2014—2020 годы»

Соглашение № 14.616.21.0038 от 24.08.2015 на период 2015 - 2017 гг.

Тема: «Влияние аварийных разливов нефти на микробное разнообразие в поверхностных водах и седиментах Балтийского моря в летний и зимний периоды»

Руководитель проекта: член-корр. РАН, проф. А.М. Боронин

Получатель субсидии

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки
Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина
Российской академии наук

Индустриальный партнер

Институт молекулярной и клеточной биологии Университета Тарту, Тарту,
Эстония.

<http://www.tymri.ut.ee/en>

Департамент наук об окружающей среде Университета Хельсинки,
Хельсинки, Финляндия.

<http://www.helsinki.fi/ymparistotieteet/english/index.html>

Цели и задачи проекта

Целью данного проекта является детальное изучение биodeградативного потенциала микробных сообществ в поверхностных водах и седиментах Балтийского моря в летний и зимний периоды для развития современных стратегий биоремедиации и биоаугментации.

Задачами данного этапа проекта являлись выделение и характеристика микроорганизмов-деструкторов нефти и нефтепродуктов из образцов воды и седиментов Балтийского моря, а также исследование плазмидного профиля и наличия катаболических генов у выделенных штаммов.

Ожидаемые результаты проекта

- анализ изменения состава микробных популяций в зависимости от сезона и состояния окружающей среды;
- характеристика катаболических генов у исследуемых микроорганизмов деструкторов;
- результаты исследования генетических структур микроорганизмов-деструкторов, ответственных за катаболизм углеводов нефти;
- результаты исследований структуры и участия биосурфактантов в деградации алканов;
- результаты исследования процесса горизонтального переноса генов в естественных условиях;
- результаты исследований биоразлагаемых носителей микроорганизмов-деструкторов разных типов в модельных микро- и мезокомах.

Перспективы практического использования

Результаты, полученные в рамках выполнения проекта могут быть использованы при проведении опытно-технологических разработок, направленных на создание технологии ремедиации нефтезагрязненных участков акватории Балтийского моря с использованием углеводородоокисляющих микроорганизмов, сочетающих в себе механические, физико-химические и биологические методы очистки.

Текущие результаты проекта

%	Actinobacteria	Bacteroidetes	Proteobacteria			Неклассифицированные
			Alpha	Beta	Gamma	
Вода	10.3	5.1	-	10.3	58.9	15.4
Седимент	5.1	10.3	7.7	15.4	53.8	7.7

Таблица 1. Процентное соотношение различных классов бактерий в образцах воды и седиментов Балтийского моря.



Рис. 2. Одномерный пульс-электрофорез препаратов плазмидных ДНК, обработанных эндонуклеазой рестрикции EcoRI. М – маркерная ДНК.

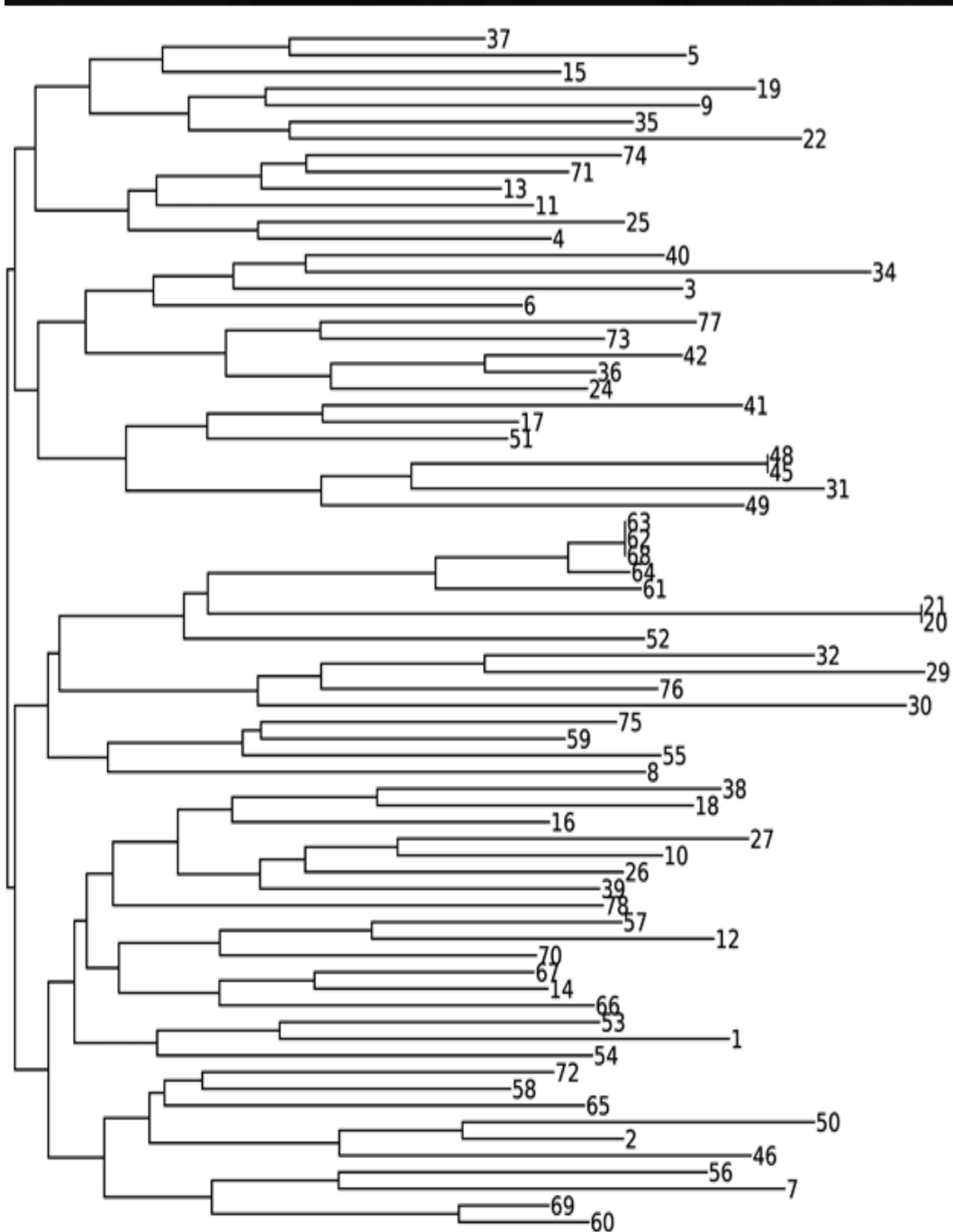
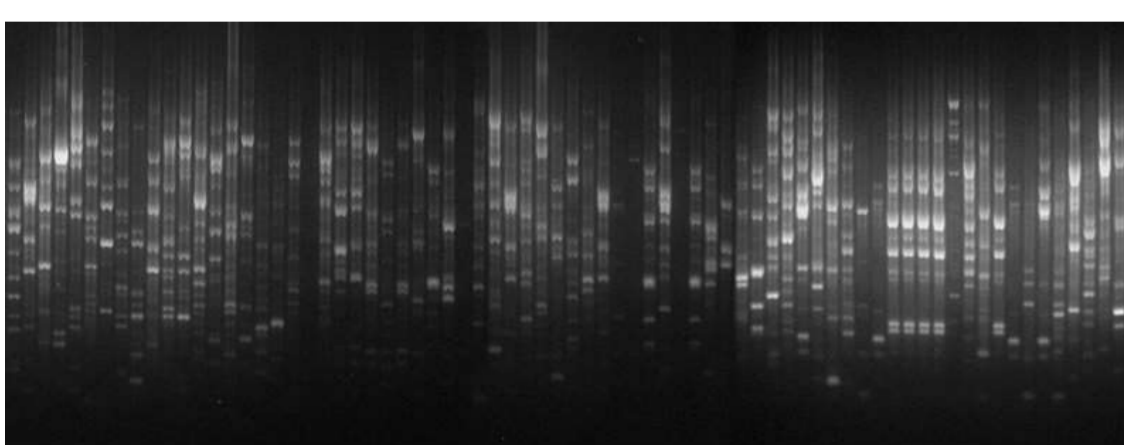


Рис. 1. BOXA1R-фингерпринт и кластерная диаграмма выделенных штаммов.

1. В ходе работы всего было изолировано и идентифицировано 78 штаммов-деструкторов углеводов нефти. Из них методом накопительного культивирования – 44 штамма, методом прямого высева – 34 штамма. В микробных сообществах как воды, так и седиментов Финского залива основными представителями являются *Gamma*proteobacteria (*Pseudomonas*, *Stenotrophomonas*). В отличие от воды, в седиментах присутствуют *Alphaproteobacteria* (*Brevundimonas* sp., *Ochrobactrum* sp.) (Табл. 1).

2. С использованием алгоритма neighbor joining и программы PyElph 1.4 была получена кластерная дендрограмма, которая показала высокое биоразнообразие у выделенных микробных штаммов (Рис. 1).

3. Гены катаболизма различных ароматических углеводов могут локализоваться в составе плазмид. Показано, что в трех штаммах присутствуют плазмиды IncP-9, в двух штаммах – плазмиды IncP-7.

4. Методом щелочного лизиса получены препараты плазмидных ДНК из семи бактериальных штаммов, в двух случаях плазмиды не принадлежат ни к группе IncP-7, ни к IncP-9. Размер обнаруженных IncP-9 плазмид составляет около 60 т.п.н., что меньше размера широко распространенных среди почвенных псевдомонад IncP-9 плазмид. Штамм *Ochrobactrum* sp. 11 на данный момент является единственным представителем класса *Alphaproteobacteria*, содержащим плазмиду IncP-7 (Рис. 2).