

УДК 620.193.81

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ СОСТАВ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ ОБРАСТАНИЙ ТИТАНОВЫХ ПЛАСТИН В ПРИБРЕЖНОЙ ЗОНЕ ЧЕРНОГО И БЕЛОГО МОРЕЙ

© 2024 г. А. Л. Брюханов¹, А. С. Шутова², К. А. Комарова², Т. А. Семенова^{2, *},
А. А. Семенов¹, В. А. Карпов²

¹Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, биологический факультет,
Москва, 119234 Россия

²Институт проблем экологии и эволюции имени А.Н. Северцова РАН,
Москва, 119071 Россия

*e-mail: tashino@mail.ru

Поступила в редакцию 31.05.2024 г.

После доработки 21.06.2024 г.

Принята к публикации 05.07.2024 г.

С помощью высокопроизводительного секвенирования варибельного региона V3–V4 гена 16S рНК исследован полный филогенетический состав микробных сообществ, развивающихся на поверхности титановых пластин в водной толще прибрежной зоны Черного и Белого морей. Показано наличие в этих обрастаниях потенциально коррозионно-активных микроорганизмов различных физиологических групп, таких, как сульфатредуцирующие бактерии, ацидофильные железокисляющие бактерии и археи, сероокисляющие и нитрифицирующие бактерии. В обрастаниях титановых пластин, экспонированных в Черном море, наиболее распространенными микроорганизмами оказались некультивируемые сульфатредуцирующие бактерии порядка *Desulfotomaculales*, на которых приходилось 8.13% от всех прочтений последовательностей гена 16S рНК, а также ацидофильные железокисляющие бактерии родов *Acidiferrobacter* (5.47%), *Acidithiobacillus* (4.52%) и *Acidiphilium* (2.55%). Ацидофильные археи составляли вплоть до 7.97% от всех прочтений. В обрастаниях титановых пластин, экспонированных в Белом море, наиболее распространенными также оказались ацидофильные бактерии из порядков *Acidiferrobacterales* и *Acidithiobacillales* (7.68%), а также ацидофильные археи из порядка *Thermoplasmatales* (7.43%). В относительно большом количестве были представлены и некультивируемые сульфатредуцирующие бактерии порядка *Desulfotomaculales* (6.61%).

Ключевые слова: микробные сообщества, высокопроизводительное секвенирование, сульфатредуцирующие бактерии, ацидофильные железобактерии, титан, биокоррозия, Черное море, Белое море

DOI: 10.31857/S0555109924060046 EDN: QGSFY5

Микробиологическая коррозия имеет большое значение при эксплуатации изделий из различных металлов в морской воде. По этой причине необходимо выявлять связи между экологической обстановкой, физико-химическим состоянием исследуемых материалов из металлических сплавов, а также динамикой развития на них обрастаний и формирования биоповреждений. Особенно эти процессы интересны для изучения в морских экосистемах, где скорость биокоррозии может быть крайне высока.

Одной из наиболее опасных групп коррозионно-активных микроорганизмов являются анаэробные сульфатредуцирующие бактерии (СРБ), стимулирующие развитие и усиление биокоррозионных процессов как за счет образования ими весьма реакционноспособного сероводорода, так

и в ходе катодной деполяризации участков корродирующей металлической поверхности из-за потребления клетками водорода и формирования дополнительных гальванических пар неравномерно растущими биопленками и отложениями сульфидов металлов [1–3].

Также биокоррозию вызывают аэробные кислотообразующие бактерии, прежде всего, сероокисляющие, которые образуют серную кислоту в процессе окисления восстановленных неорганических серных соединений. Среди тиобацилл коррозионно-активными являются железокисляющие (например, *Thiobacillus ferrooxidans*) и ацидофильные (например, *Acidithiobacillus ferrooxidans* и *Acidithiobacillus thiooxidans*) виды [4]. К коррозионно-активным кислотообразующим микроорганизмам относят также нитрифицирующие бактерии,

которые окисляют ионы аммония и, на второй стадии, нитриты, образуя азотную кислоту [5].

Важнейшим фактором для развития обрастаний, приводящих к коррозионным процессам, являются окружающие условия, в которых эксплуатируются металлические изделия – освещенность, температура, соленость воды, рН, аэрация, концентрации ключевых биогенных элементов – эти параметры могут значительно различаться в разных морях. Выявление влияния филогенетического состава микробных сообществ на потенциальную коррозионность морских экосистем в разных климатических зонах является интересной и важной экспериментальной задачей.

На степень обрастания и коррозии изделий влияет и использование определенного металла или сплава. Сталь и стальные сплавы без биоцидного эффекта в процессе длительной экспозиции в морской среде подвержены значительной электрохимической и биологической коррозии с периодическим отслаиванием продуктов коррозии вместе с микробным сообществом. Более устойчивы к коррозионным процессам медьсодержащие сплавы с биоцидным эффектом, задерживающие развитие некоторых групп микроорганизмов, а также не подверженный глубинной коррозии нейтральный титан и его сплавы.

Цель работы – сравнительное исследование качественного и количественного филогенетического состава микробных сообществ, развивающихся на поверхности титановых пластин в прибрежных зонах Черного (в районе биоклиматической станции ИПЭЭ РАН, п. Малый Утриш, Краснодарский край) и Белого морей (в районе Беломорской биологической станции МГУ, п. Приморский, республика Карелия), а также определение доли микроорганизмов, в том числе и некультивируемых, потенциально способных к биокоррозии.

МЕТОДИКА

Исследование особенностей и динамики обрастаний титановых пластин на Черном море проводили в заливе в районе Биоклиматической Исследовательской станции (БКИС) ИПЭЭ РАН “Утриш” (Россия).

Титановые пластины (60 × 170 × 2 мм) были погружены в море в ноябре 2020 г. с плавучей платформы на глубину 1.5 м от поверхности воды в 25 м от береговой линии, глубина до дна составляла 6 м. Микроорганизмы, составлявшие основу образованных биопленок (бактерии и археи, диатомовые микроводоросли), начали развиваться на поверхности титановых пластин весной, когда вода в акватории прогрелась до 13–15°C. Летом 2021 г. температура морской воды достигала 27°C. Соскобы биопленок на молекулярный филогенетический

анализ проводили через 10 мес. экспозиции, в сентябре 2021 г.

Исследование особенностей и динамики обрастаний титановых пластин на Белом море проводили в заливе у полуострова Киндо в районе Беломорской биологической станции (ББС им. Н.А. Перцова) МГУ. Пластины (60 × 170 × 2 мм) были погружены в море в сентябре 2020 г. в 20 м от береговой линии на глубину 1.5–2.0 м от поверхности воды (в зависимости от прилива-отлива), глубина до дна составляла 6 м. В связи с периодом ледяного покрова образцы были установлены на специальной конструкции, закрепленной на нужной глубине (ниже уровня промерзания) с помощью грузов-якорей и поплавков. Соскобы биопленок на молекулярный филогенетический анализ проводили через 10 мес. экспозиции, в июне 2021 г.

Гидрологические и гидрохимические характеристики морской воды в период экспонирования образцов, включая концентрации ключевых биогенных элементов, приведены в табл. 1.

Электронное микроскопирование титановых образцов выполнено с использованием оборудования ЦКП “Инструментальные методы в экологии” при ИПЭЭ РАН: установки для напыления покрытий Q150R ES Plus (“Quorum Technologies Ltd.”, Великобритания) и растрового электронного микроскопа TESCAN MIRA 3 LMN (“TESCAN”, Чехия), оснащенного системой энерго-дисперсионного анализа AZtecOne X-act (“Oxford Instruments”, Великобритания), с катодом Шоттки.

Для анализа филогенетического состава микробных сообществ обрастаний титановых пластин применяли высокопроизводительное секвенирование фрагментов генов 16S рРНК, содержащих переменный регион V3–V4, с использованием в качестве ПЦР-матрицы геномной ДНК, выделенной из образцов соскобов обрастаний. После отбора образцы хранили при 4°C в буферном растворе,

Таблица 1. Среднегодовые гидрологические и гидрохимические характеристики морской воды в районах испытаний образцов в 2020–2021 гг.

Характеристики воды	БКИС “Утриш”	ББС
Температура, °C	14.7	7.3
Соленость, ‰	16.4	25.2
рН	8.38	8.0
Растворенный O ₂ , мг/л	8.8	12.0
PO ₄ ³⁻ , мкг/л	15.0	н/д
NO ₂ ⁻ , мкг/л	1.2	0.4
NO ₃ ⁻ , мкг/л	10.0	н/д
NH ₄ ⁺ , мкг/л	25.0	3.5

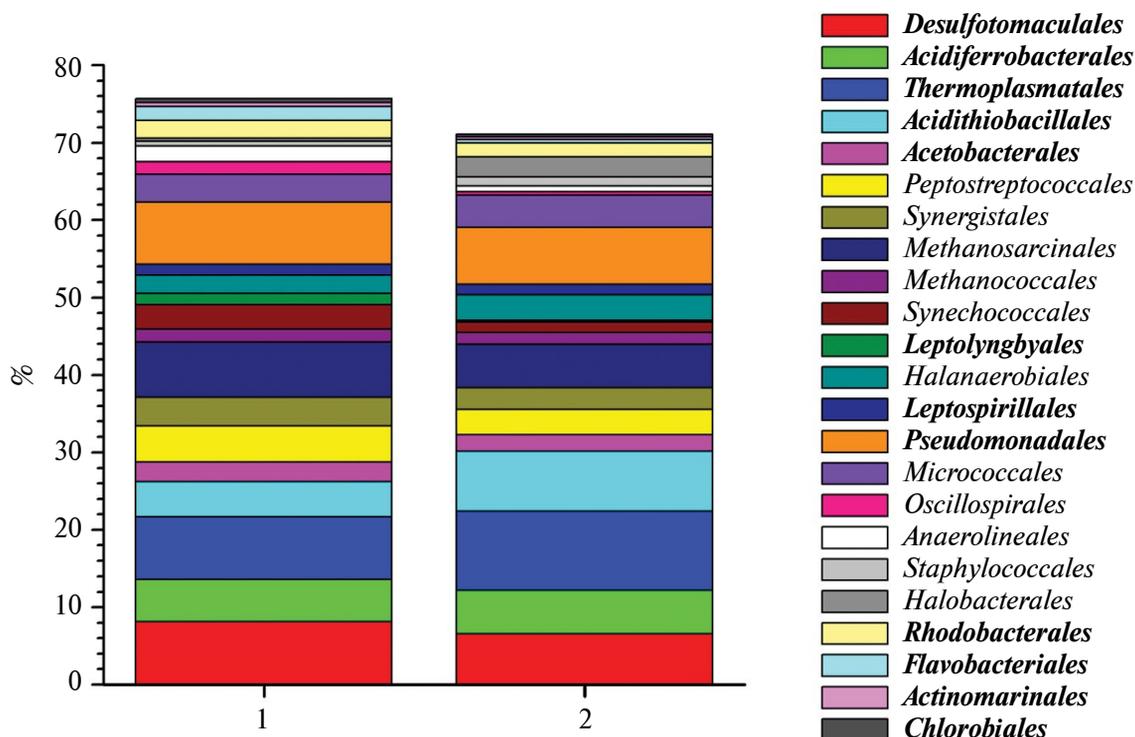


Рис. 1. Распределение ключевых групп микроорганизмов (в % от всех прочтений последовательностей гена 16S рРНК) на уровне порядков в обрастаниях титановых пластин, экспонировавшихся в прибрежной зоне Черного (1) и Белого (2) морей. Жирным шрифтом выделены группы, включающие коррозионно-активные микроорганизмы.

содержащем 0.15 M NaCl и 0.1 M Na₂ЭДТА (pH 8.0). Геномную ДНК выделяли с помощью набора FastDNA Spin Kit for Soil (“MP Biomedicals”, США) в соответствии с рекомендациями производителя. Секвенирование фрагментов генов 16S рРНК было выполнено с применением научного оборудования ЦКП “Биоинженерия” ФИЦ Биотехнологии РАН – на геномном анализаторе MiSeq (“Illumina”, США) с использованием набора MiSeq Reagent Kit v3 (600 циклов, чтение с двух концов). Парные пересекающиеся чтения объединяли с помощью программы FLASH [6]. Для определения размера кластеров (оперативных таксономических единиц, ОТЕ) в каждом образце, все исходные объединенные чтения накладывались на репрезентативные последовательности ОТЕ с минимальной идентичностью 97% по всей длине с помощью программы USEARCH v.11 [7]. Таксономическую классификацию полученных ОТЕ проводили по базе последовательностей 16S рРНК RDP database [8].

Полученные последовательности генов 16S рРНК были депонированы в NCBI Sequence Read Archive (SRA), они доступны в BioProject под номером PRJNA1184748.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

В северной (Белое море) и субтропической (Черное море) климатических зонах проведено

исследование полного состава микробных сообществ обрастаний титановых пластин в верхней освещенной части водной толщи прибрежной зоны, показано наличие потенциально коррозионно-активных микроорганизмов различных физиологических групп, таких, как сульфатредуцирующие бактерии, ацидофильные железокисляющие бактерии и археи, сероокисляющие и нитрифицирующие бактерии.

Филогенетический анализ состава микробного сообщества в обрастаниях титановой пластины, экспонировавшейся на Черном море в условиях освещенности. В образце обрастаний с титановой пластины, экспонировавшейся на Черном море в прибрежной зоне в условиях освещенности, был детектирован 851 вид микроорганизмов, включая некультивируемые и неидентифицированные до уровня вида группы. Наиболее распространенными микроорганизмами оказались строго анаэробные сульфатредуцирующие бактерии порядка *Desulfotomaculales* класса *Desulfotomaculia* филума *Firmicutes*, на которых приходилось 8.13% от всех прочтений последовательностей гена 16S рРНК (рис. 1). Бактерии порядка *Desulfotomaculales* весьма коррозионно активны, поскольку образуют H₂S в процессе диссимиляционной сульфатредукции, окисляют молекулярный водород и вызывают катодную деполяризацию на поверхности металла [9]. Представители порядка имеют форму палочек различной длины,

образуют эндоспоры, многие подвижны и способны к азотфиксации. Широко представлены в природе – их часто обнаруживают в почвах, морской водной толще и донных отложениях, геотермальных источниках, шахтных и сточных водах, пищеварительном тракте насекомых и рубце жвачных животных [10].

В относительно большом количестве в образце были представлены также бактерии рода *Acidiferrobacter* (семейство *Acidiferrobacteraceae* порядка *Acidiferrobacterales* класса *Gammaproteobacteria* филума *Proteobacteria*) и рода *Acidithiobacillus* (семейство *Acidithiobacillaceae* порядка *Acidithiobacillales* класса *Gammaproteobacteria* филума *Proteobacteria*) – 5.47% и 4.52% от всех прочтений последовательностей гена 16S рРНК соответственно.

Acidiferrobacter spp. являются ацидофильными термотолерантными факультативно анаэробными бактериями, способными к окислению железа (II) и элементарной серы. Типовой вид *Acidiferrobacter thiooxydans* ранее был выделен из отвалов горнорудной промышленности [11]. Бактерии рода *Acidithiobacillus* – ацидофильные автотрофные (источником углерода является CO₂, фиксируемый в трансальдозном варианте цикла Кальвина) микроорганизмы, способные для получения энергии к окислению тетрагидратов, сульфидов, элементарной серы, а также, часто, и двухвалентного железа с образованием железа (III) и серной кислоты [12]. Некоторые виды способны к азотфиксации, росту на молекулярном водороде, использованию окисных соединений железа в качестве терминального акцептора электронов. Это подвижные палочковидные формы, мезофилы, преимущественно выделяемые из кислых биотопов или микрзон с низким рН на поверхности нейтральных минеральных образований – железосерных минералов (отложений пирита), закисленных почв, канализационных коллекторов, биопленок в известковых пещерах, отходов обогащения полезных ископаемых [13]. *Acidithiobacillus* играют большую роль в биогидрометаллургии (экстрагирование металлов из бедных руд, минералов и сточных вод за счет их окисления бактериями), дренаже кислых шахтных вод, биоремедиации (солюбилизация металлов в виде сульфатов), а также в процессах биокоррозии стальных и железобетонных металлоконструкций (за счет окисления железа и образования серной кислоты из сероводорода) [14, 15].

Кроме того, 2.55% от всех прочтений последовательностей гена 16S рРНК приходилось на экстремально ацидофильных (различные штаммы растут при рН 2.0–6.0) бактерий рода *Acidiphilium* (семейство *Acetobacteraceae* порядка *Acetobacteriales* класса *Alphaproteobacteria* филума *Proteobacteria*). Это гетеротрофные микроорганизмы, часто способные к восстановлению железа (III). Преимущественно аэробные, мезофильные, часто подвижные

палочковидные бактерии, обнаруживаемые в кислых минеральных природных экосистемах [16].

Также в относительно большом количестве в обрастаниях титановых пластин, экспонированных в прибрежных черноморских водах, были детектированы и ацидофильные археи – некультивируемые представители родов *Ferroplasma* и *Acidiplasma* (4.93 и 3.04% от всех прочтений последовательностей гена 16S рРНК соответственно). Оба рода относят к семейству *Ferroplasmaceae* порядка *Thermoplasmatales* класса *Thermoplasmata* филума *Thermoplasmata*. Археи рода *Ferroplasma* – ацидофильные кокковидные микроорганизмы, лишенные клеточной стенки (плеоморфные). Все представители способны к окислению железа (II) до железа (III) для получения энергии, являются хемомиксотрофами; способны к фиксации CO₂, но выделенные в чистые культуры виды нуждаются в органических источниках углерода и в отсутствие железа осуществляют хемоорганотрофный рост. Предпочитают местообитания с очень низким рН (от 0 до 2.0), например, кислые шахтные воды [17, 18]. Это мезофильные или умеренно термофильные археи, аэробы или факультативные анаэробы (*Ferroplasma thermophilum* в анаэробных условиях восстанавливает железо (III) и сульфаты), некоторые виды очень устойчивы к высоким концентрациям меди и мышьяка. *Ferroplasma* spp. участвуют в биогеохимическом цикле железа, находят применение в биогидрометаллургии (экстрагирование металлов из бедных руд, минералов типа халькопирита и сточных вод) [19]. Археи рода *Acidiplasma* также являются облигатными ацидофилами, типовой вид был выделен из гидротермального источника на острове Вулькано, Италия. Они способны к окислению железа (II) в аэробных условиях и восстановлению железа (III) в анаэробных условиях [20].

Среди потенциально коррозионно-активных микроорганизмов, способных к окислению железа (II), надо отметить также некультивируемых представителей рода *Leptospirillum* (семейство *Leptospirillaceae* порядка *Leptospirillales* класса *Leptospirillia* филума *Nitrospirota*), на долю которых приходилось 1.41% от всех прочтений последовательностей гена 16S рРНК. В частности, Fe-окисляющая бактерия *L. ferriphilum* способствует образованию кислых шахтных вод [21].

В образцах черноморских обрастаний титановых пластин, экспонированных в условиях освещенности, в относительно большом количестве были обнаружены также бактерии рода *Acinetobacter* (семейство *Moraxellaceae* порядка *Pseudomonadales* класса *Gammaproteobacteria* филума *Proteobacteria*) – 4.16% от всех прочтений последовательностей гена 16S рРНК. *Acinetobacter* spp. – облигатно аэробные бактерии, хемоорганотрофы. Это преимущественно сапрофитные микроорганизмы (хотя среди них встречаются и

патогены — источники внутрибольничных инфекций), широко распространенные в почвенных и водных биотопах (в почве они осуществляют, в том числе, и минерализацию ароматических соединений), способные существовать в широком диапазоне температур и устойчивые ко многим антибиотикам [22]. Значительна относительная численность некультивируемых бактерий родов *Caminiella* (семейство *Caminiellaceae* порядка *Peptostreptococcales/Tissierellales* класса *Clostridia* филума *Firmicutes*) — 3.73% от всех прочтений последовательностей гена 16S рРНК; *Thermovirga* (семейство *Synergistaceae* порядка *Synergistales* класса *Synergistia* филума *Synergistota*) — 3.65% и *Synechococcus* (семейство *Cyanobiaceae* порядка *Synechococcales* класса *Cyanobacteriia* филума *Cyanobacteria*) — 3.13%. *Caminiella* spp. — анаэробные термофильные (типовой вид выделен из гидротермы в Тихом океане) гетеротрофные бактерии. Подвижные палочки, образующие эндоспоры [23]. Бактерии рода *Thermovirga* — анаэробные подвижные микроорганизмы, типовой вид был выделен из нефтяной скважины в Северном море [24]. *Synechococcus* spp. — очень широко распространенные в подповерхностных (хорошо освещенная эвфотическая зона) морских и пресных водах кокковидные преимущественно подвижные цианобактерии, один из наиболее важных компонентов прокариотического автотрофного фотосинтезирующего пикопланктона [25].

Среди характерных для морских экосистем бактерий необходимо отметить также обнаружение представителей рода *Marinobacterium* (семейство *Nitrincolaceae* порядка *Pseudomonadales* класса *Gammaproteobacteria* филума *Proteobacteria*) — 1.84% от всех прочтений последовательностей гена 16S рРНК; рода *Halocella* (семейство *Halanaerobiaceae* порядка *Halanaerobiales* класса *Halanaerobiia* филума *Halanaerobiaeota*) — 1.59%; клады SBR1031 (класс *Anaerolineae* филума *Chloroflexi*) — 1.48%; семейства *Leptolyngbyaceae* (порядок *Leptolyngbyales* класса *Cyanobacteriia* филума *Cyanobacteria*) — 1.46%; семейства *Rhodobacteraceae* (порядок *Rhodobacterales* класса *Alphaproteobacteria* филума *Proteobacteria*) — 1.33%; рода *Rothia* (семейство *Micrococcaceae* порядка *Micrococcales* класса *Actinobacteria* филума *Actinobacteriota*) — 1.23% и рода *Anaerobacterium* (семейство *Hungateiclostridiaceae* порядка *Oscillospirales* класса *Clostridia* филума *Firmicutes*) — 1.17%. *Marinobacterium* spp. — гетеротрофные подвижные бактерии палочковидной формы, обнаруживаемые в морских водах и донных отложениях [26]. Бактерии рода *Halocella* — строго анаэробные и умеренно галофильные микроорганизмы. Типовой вид *H. cellulosilytica* был выделен из гиперсоленой лагуны озера Сиваш в Крыму [27]. Представители семейства *Rhodobacteraceae* — хемоорганотрофные и фотогетеротрофные бактерии, многие из которых встречаются в водных экосистемах [28].

В обрастаниях титановых пластин также присутствовали строго анаэробные метаногенные археи родов *Methanolobus*, *Methanohalophilus*, *Methermiccoccus* и *Methanothermococcus* (2.79, 2.46, 1.83 и 1.68% от всех прочтений последовательностей гена 16S рРНК соответственно). Метаногены родов *Methanolobus* и *Methanohalophilus* (семейство *Methanosarcinaceae* порядка *Methanosarcinales* класса *Methanosarcinia* филума *Halobacterota*) используют метилированные соединения в качестве субстрата (не способны использовать $\text{CO}_2 + \text{H}_2$, ацетат или формиат). Наиболее филогенетически близкий к детектированным в образцах обрастаний метаногенам *Methanolobus zinderi* был выделен из угольного пласта, но другие представители рода были также обнаружены в анаэробных озерных и морских осадках [29]. *Methanohalophilus* spp. — умеренно галофильные археи, часто встречаются в солончаках [30]. *Methanothermococcus* spp. (семейство *Methanococcaceae* порядка *Methanococcales* класса *Methanococci* филума *Euryarchaeota*) — подвижные метаногенные археи, растущие на ацетате. Типовой представитель рода *Methermiccoccus* (семейство *Methermiccaceae* порядка *Methanosarcinales* класса *Methanosarcinia* филума *Halobacterota*) — *Methermiccoccus shengliensis* был выделен из вод нефтяного месторождения в Китае. Это подвижные кокки, термофильные метилотрофные метаногены, которые не могут расти на ацетате, но используют метанол, метиламин и триметиламин как субстраты для метаногенеза [31].

Филогенетический анализ состава микробного сообщества в обрастаниях титановой пластины, экспонировавшейся на Белом море в условиях освещенности. В образце обрастаний с титановой пластины, экспонировавшейся в прибрежной зоне Белого моря в условиях освещенности, были детектированы 577 видов микроорганизмов, включая некультивируемые и неидентифицированные до уровня вида группы. Качественный состав микробного сообщества оказался довольно схож с таковым из Черного моря (рис. 1).

Наиболее распространенными микроорганизмами в беломорских обрастаниях оказались некультивируемые бактерии рода *Acidithiobacillus* и некультивируемые археи рода *Ferroplasma*, на которых приходилось 7.68 и 7.43% от всех прочтений последовательностей гена 16S рРНК соответственно. Это превышало соответствующие показатели по относительной численности представителей порядков *Thermoplasmatales* (рода *Ferroplasma*, *Acidiplasma*) и *Acidithiobacillales* в черноморских обрастаниях в 1.3 и 1.7 раза (рис. 1).

В относительно большом количестве в образце обрастаний титановой пластины из Белого моря были представлены также некультивируемые бактерии семейства *Desulfotomaculales* — 5.50% от всех прочтений последовательностей гена 16S рРНК.

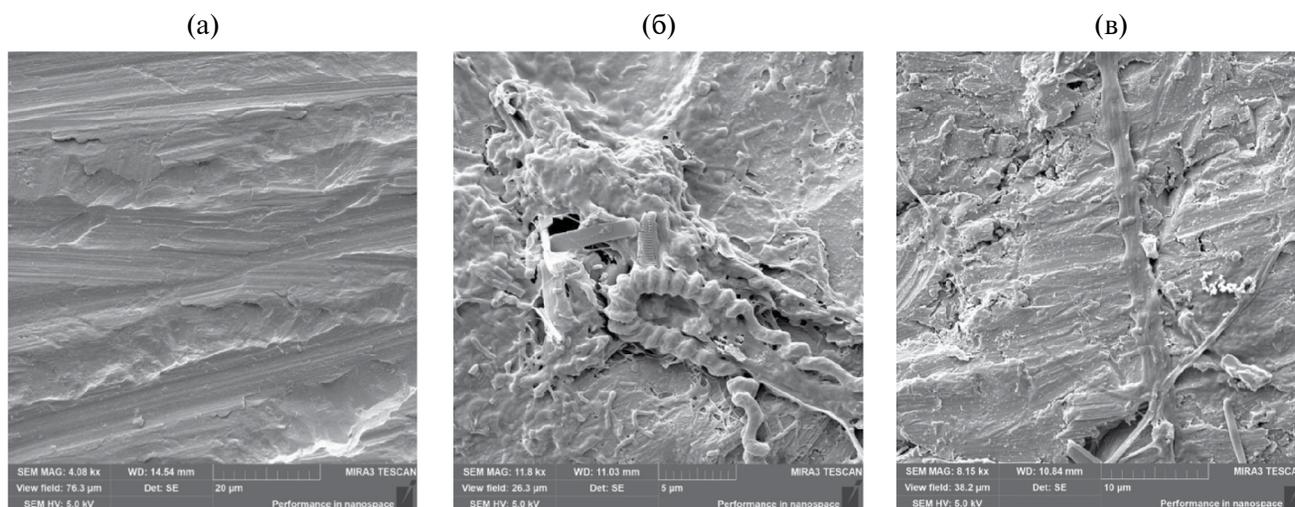


Рис. 2. Обрастания титановых пластин через 10 мес. экспозиции: а – поверхность титана до обрастания; б – титан с биопленкой, Черное море; в – титан с биопленкой, Белое море.

Исходя из анализа данных высокопроизводительного секвенирования, сульфатредуцирующих бактерий из порядка *Desulfotomaculales* в беломорском образце было в 1.23 раза меньше по сравнению с черноморским.

Практически одинаковыми с образцом из Черного моря были относительные численности бактерий рода *Acidiferrobacter* – 5.25% и рода *Acidiphilium* – 2.98%. Некультивируемых бактерий рода *Thermovirga* в беломорских обрастаниях было в 1.3 раза меньше по сравнению с черноморскими – 2.47%, а некультивируемых бактерий рода *Caminiella* меньше в 1.44 раза – 2.23% от всех прочтений последовательностей гена 16S рНК.

Что касается относительной численности метаногенных архей родов *Methanohalophilus* и *Methanobolus* (семейство *Methanosarcinaceae* порядка *Methanosarcinales* класса *Methanosarcinia* филума *Halobacterota*), то она также в образце обрастаний титановой пластины из Белого моря была несколько ниже (в 1.28 раза) по сравнению с черноморским образцом, составляя в целом для порядка *Methanosarcinales* 5.59% от всех прочтений последовательностей гена 16S рНК.

* * *

Таким образом, впервые был изучен полный филогенетический состав микробных сообществ обрастаний титановых пластин, экспонированных в водной толще прибрежной зоны Черного и Белого морей в условиях освещенности.

Сформировавшаяся за время экспозиции биопленка была значительно более мощной в Черном море (рис. 2). Видовое разнообразие микроорганизмов в образцах обрастаний титановых пластин, экспонированных в прибрежной зоне в условиях освещенности, было также выше в Черном

море по сравнению с Белым морем (851 и 577 ОТЕ соответственно).

Особенно важно отметить значительное присутствие в обрастаниях титановых пластин, экспонированных как в Черном, так и в Белом морях, микроорганизмов, обитающих в анаэробных условиях (в частности, сульфатредуцирующих бактерий порядка *Desulfotomaculales*), а также при низких рН (железоокисляющие бактерии родов *Acidiferrobacter* и *Acidithiobacillus*, железоокисляющие археи родов *Ferroplasma* и *Acidiplasma*) и являющихся потенциально важными агентами микробной коррозии за счет образования органических кислот, H_2S и изменения валентности катионов металлов [1, 2–4, 32].

В судостроении титан, благодаря своей высокой коррозионной стойкости, применяется в виде сплавов как конструкционный материал для производства деталей насосов, опреснителей и трубопроводных систем, контактирующих с забортной морской водой, а также при изготовлении подводной обшивки судовых корпусов, проблема обрастания которых весьма актуальна. Кроме того, титан в силу высоких прочностных характеристик практически идеален для создания глубоководных аппаратов.

Полученные в работе данные о филогенетическом составе микробных сообществ в обрастаниях титановых пластин в условиях морей разных климатических зон и о времени развития этих обрастаний могут быть использованы для разработки антикоррозионных средств защиты и установления сроков профилактических обработок корпусов и механизмов судов против биоповреждений.

ФИНАНСИРОВАНИЕ РАБОТЫ. Проведение работы не поддерживалось внешними источниками финансирования и грантами.

СОБЛЮДЕНИЕ ЭТИЧЕСКИХ СТАНДАРТОВ. В данной работе отсутствуют исследования человека или животных.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ. Авторы данной работы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Enning D., Garrelfs J.* // Appl. Environ. Microbiol. 2014. V. 80. № 4. P. 1226–1236. <https://doi.org/10.1128/AEM.02848-13>
2. *Tsarovtseva I.M., Bryukhanov A.L., Vlasov D.Y., Maiyurova M.A.* // Power Technol. Eng. 2023. V. 57. № 2. P. 203–208. <https://doi.org/10.1007/s10749-023-01643-4>
3. *Vlasov D.Y., Bryukhanov A.L., Nyanikova G.G., Zelenskaya M.S., Tsarovtseva I.M., Izatulina A.R.* // Appl. Biochem. Microbiol. 2023. V. 59. № 4. P. 425–437. <https://doi.org/10.1134/S0003683823040166>
4. *Emerson D.* // Biofouling. 2018. V. 34. № 9. P. 989–1000. <https://doi.org/10.1080/08927014.2018.1526281>
5. *Zhang Y., Griffin A., Edwards M.* // Environ. Sci. Technol. 2008. V. 42. № 12. P. 4280–4284. <https://doi.org/10.1021/es702483d>
6. *Magoč T., Salzberg S.L.* // Bioinformatics. 2011. V. 27. № 21. P. 2957–2963. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr507>
7. *Edgar R.C.* // Bioinformatics. 2010. V. 26. № 19. P. 2460–2461. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq461>
8. *Wang Q., Garrity G.M., Tiedje J.M., Cole J.R.* // Appl. Environ. Microbiol. 2007. V. 73. № 16. P. 5261–5267. <https://doi.org/10.1128/AEM.00062-07>
9. *Liu H., Meng G, Li W., Gu T., Liu H.* // Front. Microbiol. 2019. V. 10. P. 1298. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01298>
10. *Barton L.L., Hamilton W.A.* In: Sulphate-reducing Bacteria: Environmental and Engineered Systems. / Ed. L.L. Barton, W.A. Hamilton. Cambridge: Cambridge University Press, 2007. 533 p.
11. *Hallberg K.B., Hedrich S., Johnson D.B.* // Extremophiles. 2011. V. 15. № 2. P. 271–279. <https://doi.org/10.1007/s00792-011-0359-2>
12. *Williams K.P., Kelly D.P.* // Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 2013. V. 63. № 8. P. 2901–2906. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.049270-0>
13. *Jones D.S., Albrecht H.L., Dawson K.S., Schaperdoth I., Freeman K.H., Pi Y., Pearson A., Macalady J.L.* // ISME J. 2012. V. 6. № 1. P. 158–170. <https://doi.org/10.1038/ismej.2011.75>
14. *Gadd G.M.* // Geoderma. 2004. V. 122. № 2–4. P. 109–119. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2004.01.002>
15. *Li X., Kappler U., Jiang G., Bond P.L.* // Front. Microbiol. 2017. V. 8. P. 683. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00683>
16. *Magnuson T.S., Swenson M.W., Paszczynski A.J., Deobald L.A., Kerk D., Cummings D.E.* // Biometals. 2010. V. 23. № 6. P. 1129–1138. <https://doi.org/10.1007/s10534-010-9360-y>
17. *Dopson M., Baker-Austin C., Hind A., Bowman J.P., Bond P.L.* // Appl. Environ. Microbiol. 2004. V. 70. № 4. P. 2079–2088. <https://doi.org/10.1128/AEM.70.4.2079-2088.2004>
18. *Golyshina O.V.* // Appl. Environ. Microbiol. 2011. V. 77. № 15. P. 5071–5078. <https://doi.org/10.1128/AEM.00726-11>
19. *Zhang L., Wu J., Wang Y., Wan L., Mao F., Zhang W., Chen X., Zhou H.* // Hydrometallurgy. 2014. V. 146. P. 15–23. <https://doi.org/10.1016/j.hydromet.2014.02.013>
20. *Golyshina O.V., Yakimov M.M., Lünsdorf H., Ferrer M., Nimtz M., Timmis K.N., et al.* // Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 2009. V. 59. № 11. P. 2815–2823. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.009639-0>
21. *Ojumu T.V., Petersen J.* // Hydrometallurgy. 2011. V. 106. № 1–2. P. 5–11. <https://doi.org/10.1016/j.hydromet.2010.11.007>
22. *Doughari H.J., Ndakidemi P.A., Human I.S., Benade S.* // Microbes Environ. 2011. V. 26. № 2. P. 101–112. <https://doi.org/10.1264/jsme2.ME10179>
23. *Alain K., Pignet P., Zbinden M., Quillevere M., Duchiron F., Donval J.P., et al.* // Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 2002. V. 52. № 5. P. 1621–1628. <https://doi.org/10.1099/00207713-52-5-1621>
24. *Dahle H., Birkeland N.K.* // Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 2006. V. 56. № 7. P. 1539–1545. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63894-0>
25. *Yu J., Liberton M., Cliften P.F., Head R.D., Jacobs J.M., Smith R.D., et al.* // Sci. Rep. 2015. V. 5. P. 8132. <https://doi.org/10.1038/srep08132>
26. *Liu X.J., Zhu K.L., Ye Y.Q., Han Z.T., Tan X.Y., Du Z.J., Ye M.Q.* // Microb. Genom. 2024. V. 10. № 1. P. 001182. <https://doi.org/10.1099/mgen.0.001182>
27. *Simankova M.V., Chernych N.A., Osipov G.A., Zavarzin G.A.* // Syst. Appl. Microbiol. 1993. V. 16. № 3. P. 385–389. [https://doi.org/10.1016/S0723-2020\(11\)80270-5](https://doi.org/10.1016/S0723-2020(11)80270-5)
28. *Hördt A., López M.G., Meier-Kolthoff J.P., Schleuning M., Weinhold L.M., Tindall B.J., et al.* // Front. Microbiol. 2020. V. 11. P. 468. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00468>
29. *Doerfert S.N., Reichlen M., Iyer P., Wang M., Ferry J.G.* // Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 2009. V. 59. № 5. P. 1064–1069. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.003772-0>
30. *Shih C.J., Lai M.C.* // Can. J. Microbiol. 2010. V. 56. № 4. P. 295–307. <https://doi.org/10.1139/W10-008>

31. Cheng L., Qiu T.L., Yin X.B., Wu X.L., Hu G.Q., Deng Y., Zhang H. // *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2007. V. 57. № 12. P. 2964–2969. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.65049-0>
32. Bryukhanov A.L., Vlasov D.Y., Maiorova M.A., Tsarovtseva I.M. // *Power Technol. Eng.* 2021. V. 54. № 5. P. 609–614. <https://doi.org/10.1007/s10749-020-01260-5>

Phylogenetic Composition of Microbial Communities from Fouling of Titanium Plates in the Coastal Zone of the Black and White Seas

A. L. Bryukhanov^a, A. S. Shutova^b, K. A. Komarova^b, T. A. Semenova^{b, *},
A. A. Semenov^a, and V. A. Karpov^b

^a*Lomonosov Moscow State University, Faculty of Biology, Moscow, 119234 Russia*

^b*Severtsov Institute of Ecology and Evolution of the Russian Academy of Sciences, Moscow, 119071 Russia*

**e-mail: tashino@mail.ru*

With high-throughput sequencing of the variable region V3–V4 of the 16S rRNA gene, the study of the full phylogenetic composition of microbial communities developed on the surface of titanium plates exposed in the water column of the coastal zone of the Black and White Seas was carried out. The presence of potentially corrosive microorganisms from various physiological groups, such as sulfate-reducing bacteria, acidophilic iron-oxidizing bacteria and archaea, sulfur-oxidizing and nitrifying bacteria, was shown in these foulings. In the foulings of titanium plates exposed in the Black Sea, the most common microorganisms were uncultivated sulfate-reducing bacteria of the order *Desulfotomaculales*, which accounted for 8.13% of all 16S rRNA gene sequence reads, as well as acidophilic iron-oxidizing bacteria of the genera *Acidiferrobacter* (5.47%), *Acidithiobacillus* (4.52%) and *Acidiphilium* (2.55%). Acidophilic archaea accounted for up to 7.97% of all reads. In the foulings of titanium plates exposed in the White Sea, the most common were also acidophilic bacteria from the orders *Acidiferrobacterales* and *Acidithiobacillales* (7.68%), as well as acidophilic archaea from the order *Thermoplasmatales* (7.43%). Uncultivated sulfate-reducing bacteria of the order *Desulfotomaculales* were also represented in relatively high numbers (6.61% of all reads).

Keywords: microbial communities, high-throughput sequencing, sulfate-reducing bacteria, acidophilic iron-oxidizing bacteria, titanium, microbiologically influenced corrosion (MIC), Black Sea, White Sea