



DOI 10.23859/estr-230109

EDN HJOXYS

УДК 574.589+579.26

*Научная статья*

## **Биотрансформация соединений бутилолова и видовое разнообразие микробиомов в донных осадках Финского залива**

И.Л. Кузикова\* , З.А. Жаковская , Н.Г. Медведева 

*Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Санкт-Петербургский Федеральный исследовательский центр Российской академии наук» (СПб ФИЦ РАН), Санкт-Петербургский научно-исследовательский центр экологической безопасности Российской академии наук, 197110, Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Корпусная, д. 18*

\*ilkuzikova@ya.ru

**Аннотация.** Загрязнение морской среды оловоорганическими соединениями представляет серьезную экологическую проблему ввиду их чрезвычайной токсичности для широкого круга организмов. В донных осадках Копорской губы Финского залива выявлен высокий уровень загрязнения соединениями бутилолова. Концентрация трибутилолова и дибутилолова составила 35.7 нг(Sn)/г а.с.о. и 9.7 нг(Sn)/г а.с.о. соответственно. Установлено, что трансформация соединений бутилолова в донных осадках происходит за счет автохтонной микробиоты осадков. Скорость убыли трибутилолова и дибутилолова составила 0.014 сут<sup>-1</sup> и 0.022 сут<sup>-1</sup>, а периоды их полураспада 49.5 и 31.5 суток соответственно. Метагеномный анализ выявил изменения в таксономическом составе и уменьшение видового разнообразия микробиомов донных осадков в процессе трансформации оловоорганических соединений. В ходе биodeградации соединений бутилолова в донных осадках возрастает численность бактерий родов *Acidithiobacillus*, *Halothiobacillus*, *Alicyclobacillus*, *Sulfurospirillum*, *Denitrovibrio*, а также метаногенные археи рода *Methanobolus*, что может свидетельствовать об их потенциальном участии в биodeградации оловоорганических соединений. Полученные результаты могут быть использованы для выявления видов-активных деструкторов трибутилолова с целью разработки научно-обоснованных методов деконтаминации донных осадков, загрязненных оловоорганическими соединениями.

**Ключевые слова:** трибутилолово, дибутилолово, монобутилолово, микробное разнообразие

**Финансирование.** Работа выполнена в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (№ 122041100086-5).

**Благодарности.** Авторы выражают благодарность д.б.н. Е.Е. Андронову, заведующему лабораторией микробиологического мониторинга и биоремедиации почв ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии» за консультации и помощь в проведении молекулярного анализа.

**ORCID:**

И.Л. Кузикова, <https://orcid.org/0000-0001-6199-3104>

З.А. Жаковская, <https://orcid.org/0000-0002-5620-1317>

Н.Г. Медведева, <https://orcid.org/0000-0003-0588-8427>

**Для цитирования:** Кузикова, И.Л. и др., 2024. Биотрансформация соединений бутилолова и видовое разнообразие микробиомов в донных осадках Финского залива. *Трансформация экосистем* 7 (2), 126–143. <https://doi.org/10.23859/estr-230109>

Поступила в редакцию: 09.01.2023

Принята к печати: 31.01.2023

Опубликована онлайн: 17.05.2024

---

DOI 10.23859/estr-230109

EDN HJOXYS

UDC 574.589+579.26

### Article

# Biotransformation of butyltin compounds and microbiome diversity in the bottom sediments of the Gulf of Finland, the Baltic Sea

I.L. Kuzikova\* , Z.A. Zhakovskaya , N.G. Medvedeva 

*St. Petersburg Federal Research Center of the Russian Academy of Sciences (SPC RAS), Scientific Research Centre for Ecological Safety of the Russian Academy of Sciences, ul. Korpusnaya 18, St. Petersburg, 197110 Russia*

\*[ilkuzikova@ya.ru](mailto:ilkuzikova@ya.ru)

---

**Abstract.** Pollution of the marine environment with organotin compounds is a serious environmental problem due to their extreme toxicity to a wide range of organisms. A high level of contamination with butyltin compounds was detected in the bottom sediments of the Koporye Bay, the Gulf of Finland, the Baltic Sea. The concentration of tributyltin and dibutyltin reached up to 35.7 ng(Sn)/g DW and 9.7 ng(Sn)/g DW, respectively. The butyltin compounds transformed in bottom sediments due to the activity of autochthonous sediment microbiota. The degradation rate of tributyltin and dibutyltin was 0.014 day<sup>-1</sup> and 0.022 day<sup>-1</sup>, their half-life, 49.5 and 31.5 days, respectively. Metagenomic analysis revealed the changes in taxonomic composition and the decrease in species diversity of the bottom sediment microbiomes during the transformation of organotin compounds. During the biodegradation of butyltin compounds in bottom sediments, the abundance of bacteria of the genera *Acidithiobacillus*, *Halothiobacillus*, *Alicyclobacillus*, *Sulfurospirillum*, *Denitrovibrio*, as well as of methanogenic archaea of the genus *Methanolobus* increases, which may indicate their potential participation in the biodegradation of organotin compounds. These results may be used to identify active tributyltin degraders for developing self-purification methods of bottom sediments contaminated with organotin compounds.

**Keywords:** tributyltin, dibutyltin, monobutyltin, biotransformation, microbial diversity, bottom sediments

**Funding.** The work is carried out within the framework of the State Assignment of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (no. 122041100086-5).

**Acknowledgements.** The authors are grateful to Dr. E.E. Andronov, Head of the Laboratory of Microbiological Monitoring and Soil Bioremediation of the All-Russian Research Institute of Agricultural Microbiology for invaluable advice and assistance in performing molecular analysis.

**ORCID:**I.L. Kuzikova, <https://orcid.org/0000-0001-6199-3104>Z.A. Zhakovskaya, <https://orcid.org/0000-0002-5620-1317>N.G. Medvedeva, <https://orcid.org/0000-0003-0588-8427>

**To cite this article:** Kuzikova, I.L. et al., 2024. Biotransformation of butyltin compounds and microbiome diversity in the bottom sediments of the Gulf of Finland, the Baltic Sea. *Ecosystem Transformation* 7 (2), 126–143. <https://doi.org/10.23859/estr-230109>

Received: 09.01.2023

Accepted: 31.01.2023

Published online: 17.05.2024

---

**Введение**

Экосистемы, загрязненные антропогенными токсичными веществами, отличаются низкими значениями индексов видового разнообразия микробиомов и высоким уровнем показателя доминирования, что указывает на обеднение их видового состава и снижение устойчивости экосистемы в целом (Kuzikova et al., 2022; Medvedeva et al., 2009; Wang et al., 2015).

К числу распространенных во всем мире антропогенных токсикантов относятся оловоорганические соединения (ООС). Их используют в качестве сельскохозяйственных пестицидов, консервантов для обработки древесины, биоцидных препаратов. Наиболее распространены соединения трибутиллолова (ТБО),  $(C_4H_9)_3Sn_x$ , которые в 1950–80-х гг. широко применялись как противообрастающие средства в составе красок для морской промышленности (Du et al., 2014; Finnegan et al., 2018). Поскольку соединения бутиллолова (БО) гидрофобны, при попадании в воду они адсорбируются на взвешенных частицах, а затем осаждаются в донных осадках. В осадках они довольно стабильны, их период полураспада оценивается примерно в  $87 \pm 17$  лет (Vigilino et al., 2004). Трибутиллово токсично по отношению к широкому кругу организмов на всех трофических уровнях – от бактерий до млекопитающих. ТБО разрушает эндокринную систему, нарушая уровень гормонов в гипофизе, половых железах и щитовидной железе (Silva et al., 2014). Эндокринный эффект ТБО для водных организмов (моллюсков, рыб) проявляется при концентрации его в воде 1 нг/л (при нагрузке на организм 10 нг/г массы тела), в то время как гибель организмов происходит при концентрациях на порядок выше (Lagadic et al., 2018). Кроме того, ТБО оказывает токсическое действие на иммунную систему, обладает нейро- гепато-, нефро- и гастротоксическим действием (Gupta et al., 2011). Продукты разложения ТБО, дибутиллово (ДБО) и монобутиллово (МБО), также обладают токсическими свойствами, но в меньшей степени, в следующем порядке: МБО < ДБО < ТБО. Ввиду высокой токсичности соединений бутиллолова для нецелевых видов организмов, Международная морская организация в 2001 г. приняла Международную конвенцию о контроле над вредными противообрастающими системами на судах<sup>1</sup>, предложив глобальный запрет на ТБО, который был введен во всем мире в 2008 г.

Несмотря на введенные запреты, мониторинговые данные показывают, что проблема загрязнения морской среды ООС во многих регионах все еще существует (Filipkowska and Kowalewska, 2019; Rodríguez-Grimon et al., 2020; Uc-Peraza et al., 2022). Так, обширные исследования донных отложений в прибрежной зоне южной части Балтийского моря выявили наличие участков, где общая концентрация соединений бутиллолова достигала 3321 нг(Sn)/г а.с.о., при этом 80% исследованных образцов осадков были сильно загрязнены ТБО (Filipkowska and Kowalewska, 2019).

В донных осадках разложение соединений бутиллолова в основном осуществляется за счет процессов биodeградации. Микроорганизмы играют ключевую роль в процессах трансформации этих ксенобиотиков. Благодаря своим физиологическим и генетическим особенностям, они быстро реагируют на изменения условий внешней среды и способны быстро адаптироваться к новым субстратам. Адаптация микробиоты к действию поллютантов происходит за счет включения механизмов резистентности (McAdams et al., 2004). Известно об устойчивости к ТБО бактерий родов *Escherichia*,

---

<sup>1</sup> International Convention on the Control of Harmful Anti-Fouling Systems on Ships, 2001. IMO (International Maritime Organization). Интернет-ресурс. URL: [https://www.imo.org/en/About/Conventions/Pages/International-Convention-on-the-Control-of-Harmful-Anti-fouling-Systems-on-Ships-\(AFS\).aspx](https://www.imo.org/en/About/Conventions/Pages/International-Convention-on-the-Control-of-Harmful-Anti-fouling-Systems-on-Ships-(AFS).aspx) (дата обращения: 23.01.2023).

*Pseudomonas*, *Proteus*, *Serratia*, *Alcaligenes*, *Aeromonas*, *Klebsiella*, *Enterobacter*, *Staphylococcus*, *Bacillus*, *Mycobacterium*, *Sphingobium*, *Stenotrophomonas*, *Rhizobium* и др. (Cruz et al., 2007, 2014, 2015; Hassan et al., 2018), некоторых водорослей: *Skeletonema costatum*, *Chlorella vulgaris*, *Scenedesmus obliquus*, *Dunaliella salina*, *Leptocylindrus danicus*, *Amphidinium carterae* (Reader and Pelletier, 1992; Tam et al., 2003; Xie et al., 2011), грибов *Cunninghamella elegans*, *Cochliobolus lunatus*, *Metarhizium robertsii* (Bernat et al., 2013; Stolarek et al., 2019). Значимую роль в трансформации различных ксенобиотиков, в том числе ТБО, играют автохтонные бактерии (Cruz et al., 2014; Kuzikova et al., 2022). Бактерии являются доминирующей группой микроорганизмов в донных осадках и могут составлять до 90–95% от всей биомассы осадков (Nealson, 1997). По данным К. Cybulska et al. (2020), в донных осадках в Балтийском море количество мезофильных, психрофильных и галофильных бактерий может составлять до  $2.85 \times 10^7$ ,  $4.11 \times 10^7$  и  $5.60 \times 10^7$  КОЕ/г а.с.о. соответственно (Cybulska et al., 2020). Исследования микробных сообществ донных осадков, контаминированных соединениями бутилолова, и изменений их видового состава в процессе трансформации поллютантов крайне ограничены (Cruz et al., 2014; Suehiro et al., 2006). Проведение такого рода исследований с использованием методов молекулярной биологии значительно расширяет знание о видовом разнообразии микроорганизмов, вовлеченных в процессы трансформации соединений бутилолова, что чрезвычайно важно для создания эффективных биотехнологий реабилитации загрязненных объектов окружающей среды.

В связи с этим цель настоящего исследования заключалась в изучении видового разнообразия микробиоты донных осадков южной части Финского залива Балтийского моря (Копорская губа) в процессе трансформации ООС и определении роли автохтонной микробиоты в наблюдаемом снижении концентраций соединений бутилолова в донных отложениях, загрязненных оловоорганическими соединениями.

## Материалы и методы

### Характеристики района исследований

Копорская губа – залив площадью 255 км<sup>2</sup> в южной части Финского залива Балтийского моря. Она подвержена высокой антропогенной нагрузке, связанной с использованием больших объемов морской воды в охладительном цикле действующей Ленинградской атомной электростанции (ЛАЭС). Сброс нагретых вод ЛАЭС направлен в восточную часть Копорской губы площадью около 50 км<sup>2</sup> и средней глубиной 5 м. Кроме того, антропогенное давление усиливается выносом в залив речных вод, загрязненных компонентами хозяйственно-бытовых стоков, поступающих от предприятий городской инфраструктуры (г. Сосновый Бор), а также эксплуатацией очистных сооружений (Kryshev et al., 2021).

Копорская губа Финского залива относится к типу мелких полузаткнутых водоемов с протяженной границей водораздела с основной акваторией. Соленость воды варьирует в пределах 2–4‰. Дно водоема в основном песчаное, местами встречаются илы и камни. Средняя глубина – около 12 м. Максимальные глубины (до 27 м) отмечены на границе с основной акваторией. В восточную часть водоема впадают три реки (Систа, Коваши и Воронка) с общим среднесуточным расходом воды около 10 м<sup>3</sup>/с.

### Отбор осадков и постановка опыта

Пробы донных осадков (0–5 см глубиной) были отобраны в районе Копорской губы в июне 2018г. на 59.9916° северной широты и 28.99839° восточной долготы. На поверхности отобранных донных осадков находился темно-бурый алевропелитовый наиллок (мощностью 0.5 см) без примеси песка; располагался темно-зеленовато-серый глинистый песок (мощностью 0.5 см), далее (4–5 см) – плотный глинистый песок. рН грунта составил 7.57, температура грунта – 6.5 °С.

Донные осадки отбирали пробоотборником Петерсона, помещали в стеклянные стерильные емкости и в охлажденном виде (сумка-холодильник) транспортировали в лабораторию. Пробы донных осадков хранили в холодильнике при 4.0 °С. Для создания микрокосмов донных осадков использовали стерильные сосуды емкостью 1000 мл, содержащие 200 г осадка (по а.с.о.). Параллельно готовили микрокосмы стерильных осадков. Для этого осадки автоклавировали при 120 °С (2 раза по 40 мин). Микрокосмы стерильных и нестерильных осадков готовили в трех повторностях. Сосуды с осадками закрывали крышками и инкубировали при комнатной температуре в статических темновых условиях на протяжении 240 суток. Через 0, 90, 180 и 240 суток образцы тщательно перемешивали и асептически отбирали для химического и молекулярного анализа.

### **Анализ соединений бутилолова в осадках**

Оловоорганические соединения в донных осадках анализировали по методу ISO 23161:2018 для количественного определения летучих оловоорганических производных в осадках и почве<sup>2</sup>. Количественное определение ООС проводили с использованием газового хроматографа/масс-спектрометра GC-2010 (Shimadzu, Япония) в целевом режиме SIM (мониторинг селективных ионов). Процедура подготовки проб донных осадков и условия ГХ/МС анализа подробно описаны ранее (Kuzikova et al., 2022).

Для оценки эффективности удаления соединений БО использовали кинетическую модель первого порядка:

$$\ln(C_{\text{исх}}/C_t) = kt,$$

где  $C_t$  – концентрация БО в момент времени  $t$ , нг/г;  $C_{\text{исх}}$  – исходная концентрация БО, нг/г;  $t$  – период деградации, сутки;  $k$  – константа скорости деградации, сут<sup>-1</sup>.

Период полураспада ( $t_{1/2}$ ) БО вычисляли в соответствии с уравнением  $t_{1/2} = 0.693/k$  (Rajendran et al., 2017).

### **Молекулярный анализ и оценка биоразнообразия**

Таксономический состав микробиома микркосмов донных осадков изучали с использованием высокопроизводительного секвенирования (Illumina MiSeq, США). Выделение ДНК и секвенирование ампликонных библиотек гена 16S рРНК проводили в соответствии с ранее описанными процедурами (Ivanova et al., 2020). ДНК выделяли из 0.5 г осадков с помощью набора Power Soil (Mebio Laboratories, Солана-Бич, Калифорния, США) в соответствии с протоколом производителя. Очищенный препарат ДНК использовали в качестве матрицы в реакции ПЦР с универсальными праймерами к варибельному участку В4 гена 16S рРНК F515 5'-GTG CCA GCMGCC GCG GTAA-3' и R806 5'-GGA STA CBSGGG TAT СТААТ-3' с добавлением олигонуклеотидных идентификаторов для каждой пробы и служебных последовательностей, необходимых для пиросеквенирования (Bates et al. 2010).

Используемые праймеры сконструированы на основе анализа нуклеотидных последовательностей как бактерий, так и архей и позволяют амплифицировать фрагмент гена 16S рРНК длиной примерно 300 пн. Подготовку проб и секвенирование проводили согласно технологии Illumina. Секвенирование библиотек ампликонов проводили на базе ЦКП «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» (ФГБНУ ВНИИСХМ, Россия).

Обработку данных проводили в программе QIIME 1.8.0 (Caporaso et al., 2010). Последовательности длиной менее 200 нуклеотидов или имеющие параметр качества прочтения (quality score) менее 25 были исключены из анализа. Из библиотек исключали химерные последовательности. Библиотеки нормализовали по числу последовательностей наименьшего размера.

Последовательности с долей сходства более 97% объединяли в операционные таксономические единицы (ОТЕ) с использованием алгоритма *de novo* (в основе – метод “ucrust”). Общее разнообразие прокариотных сообществ ( $\alpha$ -разнообразие) донных осадков оценивали по количеству обнаруженных таксонов (ОТЕ), индексам Шеннона, Симпсона и индексу, учитывающему расчетное количество видов Chao1 (Чирак и др., 2013). Бета-разнообразие рассчитывали с помощью индекса сходства Брея–Кёртиса и анализа главных координат (РСоА).

### **Статистический анализ**

Статистическую обработку результатов проводили с использованием Past 4.0 software. Статистическую значимость различий оценивали с помощью one-way ANOVA и post hoc теста Tukey для данных с нормальным распределением, в противном случае с помощью U-критерия Манна–Уитни, различия считались значимыми при  $p < 0.05$ . Все данные представлены как среднее значение  $\pm$  стандартное отклонение трех независимых повторов каждого варианта с тремя параллельными повторностями в каждом.

<sup>2</sup> ISO 23161:2018. Soil quality. Determination of selected organotin compounds. Gas-chromatographic method.

## Результаты и обсуждение

### Оловоорганические соединения

ГХ-МС анализ количественного содержания соединений бутилолова в донных осадках Копорской губы Финского залива выявил наличие двух соединений – трибутилолова и дибутилолова в концентрации 35.7 нг(Sn)/г а.с.о. и 9.7 нг(Sn)/г а.с.о. соответственно, содержание монобутилолова было ниже уровня детекции (Рис. 1).

Согласно Норвежской системе классификации качества окружающей среды по загрязняющим веществам в донных осадках (Bakke et al., 2010), а также классификации, предложенной P.H. Dowson et al. (1993), и рекомендациям HELCOM (2010), экологическое состояние исследуемых осадков можно отнести к высокой степени контаминации ООС. Сильное загрязнение ООС ранее также было зафиксировано в пробах донных осадков Гданьского залива Балтийского моря: была зафиксирована общая концентрация соединений БО на уровне от 5.7 до 3321 нг(Sn)/г а.с.о

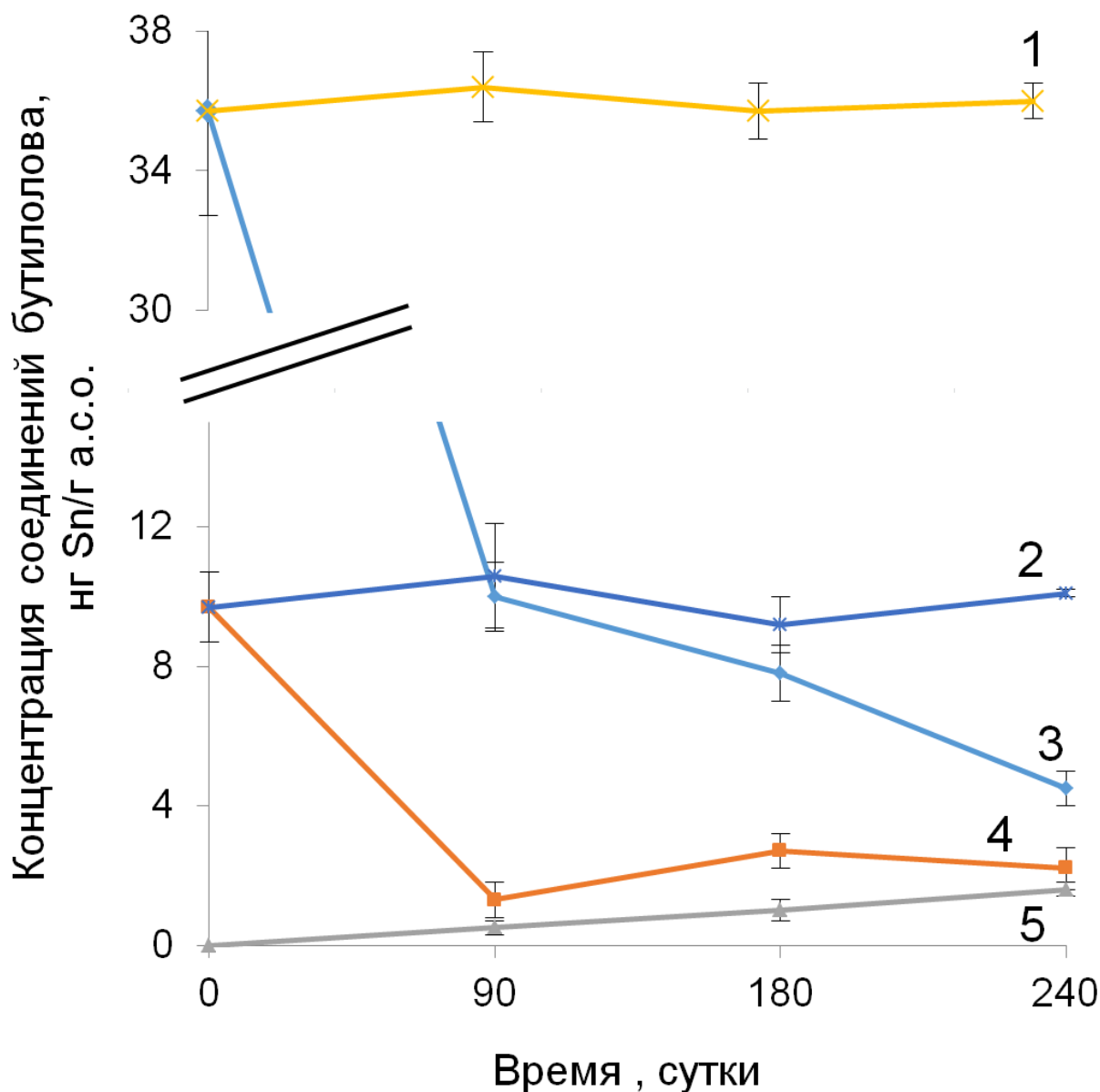


Рис. 1. Содержание соединений бутилолова в микрокосмах осадков: 1 – ТБО (стерильный микрокосм); 2 – ДБО (стерильный микрокосм); 3 – ТБО (нестерильный микрокосм); 4 – ДБО (нестерильный микрокосм); 5 – МБО (нестерильный микрокосм).

при 80% сильного загрязнения трибутилоловом (Filipkowska and Kowalewska, 2019). Несколькоими годами ранее максимальная концентрация ТБО в этих осадках была выше и достигала 15780 нг(Sn)/г а.с.о. (Filipkowska et al., 2011, 2014).

Для выявления характера природы трансформации ООС в донных осадках (абиотической или биологической) содержание ООС в процессе эксперимента определяли как в стерильных, так и нестерильных осадках. В стерильных микрокосмах осадков на протяжении всего периода инкубирования (240 суток) убыли ТБО и ДБО не выявлено (Рис. 1).

В отличие от стерильных микрокосмов, в нестерильных осадках отмечается статистически значимая ( $p < 0.05$ ) убыль ТБО и ДБО (Рис. 1). Так, на 90 сутки содержание ТБО снижается с 35.7 нг(Sn)/г а.с.о. до 10.0 нг(Sn)/г а.с.о., а ДБО с 9.7 нг(Sn)/г а.с.о. до 1.3 нг(Sn)/г а.с.о. На конец срока инкубирования (240 суток) наблюдается дальнейшая убыль ТБО до 4.5 нг(Sn)/г а.с.о., а содержание ДБО значимо ( $p < 0.05$ ) остается неизменным по сравнению с 90 суточной убылью. Расчетные значения констант скорости убыли (K) ТБО и ДБО составили 0.014 сут<sup>-1</sup> и 0.022 сут<sup>-1</sup>, а периоды полураспада ( $T_{50}$ ) – 49.5 и 31.5 суток соответственно. При этом, если содержание наименее токсичного ООС МБО в исходных пробах не детектировалось, то на протяжении инкубационного периода микрокосмов осадков его количество возрастает и на 240 сутки достигает 1.6 нг(Sn)/г а.с.о.

Анализ литературных данных по изучению убыли ООС в донных осадках показал, что степень и характер изменений в их содержании зависит от многих факторов: в первую очередь, от степени их загрязненности, процесса инкубирования осадков, обогащенности осадков органическим веществом и активности микробиома. Так, в осадках, отобранных в эстуарной системе Риа-де-Авейру (Португалия), загрязненных ООС на уровне, сопоставимом с загрязнением исследованных нами осадков (ТБО – 25 нг(Sn)/г; ДБО – 7.1 нг(Sn)/г; МБО – 13 нг(Sn)/г), через 150 суток убыль ТБО, ДБО и МБО практически не происходит (Cruz et al., 2014). В то же время период полураспада ТБО в донных осадках реки Меконг (Вьетнам), загрязненными ТБО в концентрации 1.2–1.3 мкг/г а.с.о. (что почти в 50 раз превышает загрязнения эстуарной системы Риа-де-Авейру), составил примерно 150 суток (Suehiro et al., 2006).

### Таксономическая структура прокариотных сообществ

Наше исследование продемонстрировало, что в процессе трансформации ООС в донных осадках происходят изменения в таксономическом составе микробного сообщества. Метагеномный анализ выявил следующие доминантные бактериальные филумы (> 1%): Proteobacteria (28.6%), Bacteroidetes (7.7%), Actinobacteria (5.9%), Verrucomicrobia (3.1%), Planctomycetes (1.8%),

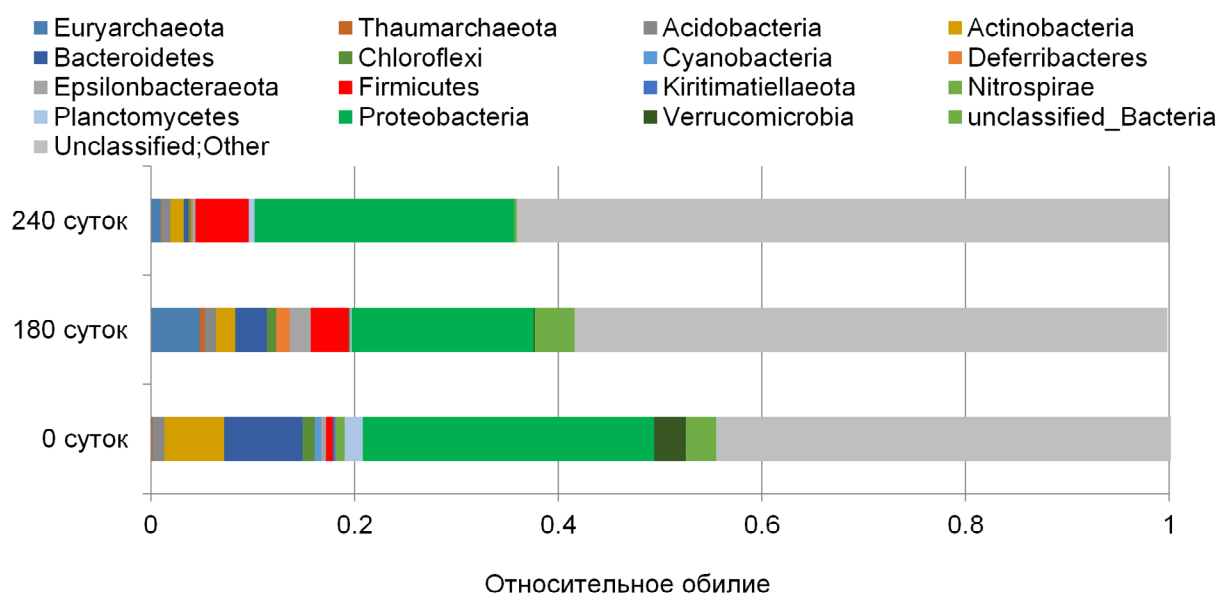


Рис. 2. Таксономическая структура (на уровне филумов) прокариотных сообществ микрокосмов донных осадков в процессе их инкубирования.

*Chloroflexi* (1.2%). К минорным филумам (< 1%) относятся *Acidobacteria* (0.9%), *Nitrospirae* (0.9%), *Cyanobacteria* (0.6%), *Firmicutes* (0.7%), *Epsilonbacteraeota* (0.5%) *Kiritimatiellaeota* (0.2%); доля архей *Thaumarchaeota* не превышает 0.2%. Количество неклассифицированных бактерий составило 3%. Нуклеотидные последовательности, не атрибутируемые на уровне доменов, составили 44.7%, что обусловлено неполнотой имеющихся баз данных и характерно для метагеномных исследований (Рис. 2).

По данным теста ANOVA в процессе инкубирования в течение 240 суток в микрокосмах осадков, контаминированных ООС, произошли значительные изменения в количественных соотношениях практически всех филумов. Значимое снижение относительного обилия бактерий в микрокосмах осадков на 180 и 240 суток по сравнению с исходным их содержанием отмечается практически на уровне всех доминирующих филумов, при этом доля отдельных минорных филумов *Firmicutes*, *Epsilonbacteraeota* и *Deferribacteres* возрастает (Рис. 2). Так, численность бактерий на уровне преобладающего филума *Proteobacteria* в процессе инкубирования осадков снижается за счет уменьшения количества бактерий классов *Alphaproteobacteria* и *Deltaproteobacteria*. Однако доля *Gammaproteobacteria*, напротив, возрастает в 1.3 раза (Рис. 3). При этом, если в исходном микрокосме осадков преобладали *Gammaproteobacteria* порядка *Betaproteobacteriales*, то через 180 и 240 суток наблюдается увеличение численности бактерий порядков *Acidithiobacillales* и *Halothiobacillales*, представленных родами *Acidithiobacillus* и *Halothiobacillus*.

Через 240 суток инкубирования в микрокосмах осадков отмечено резкое доминирование бактерий рода *Acidithiobacillus*, доля которых возрастает с 0.1% до 15.2%. Количество бактерий рода *Halothiobacillus* увеличилось на порядок: с 0.1% до 1.2% (Табл. 1).

О способности представителей этих родов бактерий трансформировать ООС в настоящее время не известно. Однако некоторые виды *Halothiobacillus* обладают способностью разлагать токсичные азокрасители в контаминированных речных осадках (Ito et al., 2016), а также утилизировать тиоцианаты – отходы коксовых заводов и заводов по производству драгоценных металлов (Sorokin et al., 2014). Кроме того, ацидофильные железобактерии рода *Halothiobacillus* являются доминирующей группой в микробных сообществах кислых дренажных вод заброшенных оловянных шахт (Hallberg and Johnson, 2005). Ацидофильные хемолитоавтотрофные бактерии рода *Acidithiobacillus* обычно преобладают в технологических водах горнодобывающей промышленности, а также в дренажных кислых водах шахт (Chen et al., 2022a). Виды *Acidithiobacillus ferrooxidans* и *A. thiooxidans* успешно применяются в процессах биодобычи металлов (олова, меди, никеля, цинка, урана и др.) и биоремедиации контаминированных металлами объектов окружающей среды (Chen et al., 2022a; Willner et al., 2022; Zhang et al., 2018).

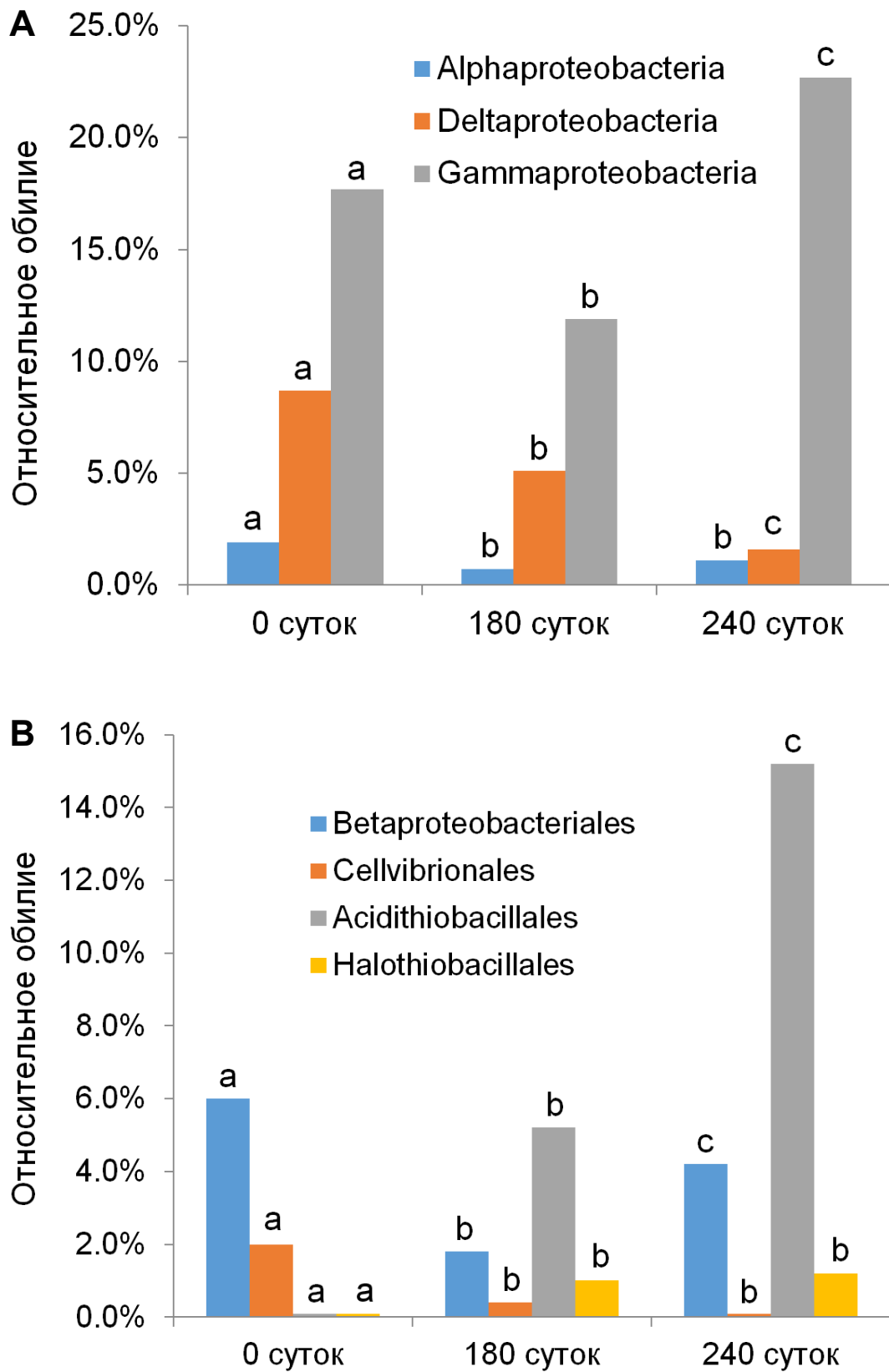
Наблюдаемое возрастание численности бактерий класса *Gammaproteobacteria* в процессе трансформации ТБО может быть связано с их повышенной устойчивостью к ООС. Многие виды *Gammaproteobacteria* (*Aeromonas molluscorum*, *Klebsiella pneumonia*, *Moraxella osloensis*, *Pseudomonas* sp., *Shewanella putrefaciens*, *Stenotrophomonas chelatiphaga*) известны как эффективные деструкторы соединений бутилолова и отличаются высокой толерантностью к токсикантам (Cruz et al., 2014; Hassan, 2018; Khanolkar et al., 2015; Lee et al., 2012; Yáñez et al., 2015).

Увеличение относительного обилия филума *Firmicutes* в 5.3 и 7.4 раза в микрокосмах осадков в процессе трансформации ООС через 180 и 240 суток происходит за счет преобладания бактерий класса *Bacilli*, семейств *Clostridiaceae* и *Alicyclobacillaceae*, представленных родами *Clostridium sensu stricto* и *Alicyclobacillus* (Табл. 1). Ранее была выявлена резистентность к оловоорганическим соединениям у видов *Staphylococcus xylosus*, *Kurthia zopfii*, *Listeria grayi*, *Bacillus cereus*, *Bacillus thuringiensis*, относящихся к классу *Bacilli* (Cruz et al., 2007).

Возрастание численности филума *Epsilonbacteraeota* в 1.4 раза происходит за счет бактерий порядка *Campylobacterales*, семейств *Sulfurospirillaceae* и *Thiovulaceae*, представленных родами *Sulfurospirillum* и *Sulfurimonas*, и наблюдается только на 180 суток. Доля бактерий р. *Denitrovibrio* (филум *Deferribacteres*) значимо увеличивается также к 180 суткам (Табл. 1). О роли указанных бактерий в биотрансформации ООС до настоящего времени не известно.

Следует отметить, что в процессе убыли ТБО, помимо выявленных изменений в таксономической структуре идентифицированных бактерий, к 180 суткам в микрокосмах осадков наблюдается возрастание численности метаногенных архей рода *Methanolobus* (филум *Euryarchaeota*) с исходных 0.1% до 1.6% (Табл. 1). Метаногенные археи играют важную роль в очистке сточных вод, часто проявляют мультирезистентность к антибиотикам и могут их деструктировать (Chen et al., 2022b; Ng et al., 2015).





**Рис. 3.** Относительное обилие (%) нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК: **А** – на уровне классов доминирующего филума *Proteobacteria*, **Б** – на уровне порядков класса *Gammaproteobacteria*. Разные буквенные индексы внутри одной группы указывают на значимые различия между образцами микрокосмов ( $p < 0.05$ ).

**Табл. 1.** Относительное количество нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК бактерий на уровне родов в микрокосмах донных осадков. Разные буквенные индексы внутри одного рода указывают на значимые различия между образцами микрокосмов ( $p < 0.05$ ).

Род бактерий	Относительное обилие, %		
	Срок инкубирования		
	0 суток	180 суток	240 суток
<i>Clostridium sensu stricto</i>	0.1 ± 0.02 <sup>a</sup>	0.6 ± 0.1 <sup>b</sup>	0.6 ± 0.2 <sup>b</sup>
<i>Alicyclobacillus</i>	0.1 ± 0.01 <sup>a</sup>	0.9 ± 0.2 <sup>b</sup>	2.4 ± 0.2 <sup>c</sup>
<i>Sulfurospirillum</i>	0.1 ± 0.03 <sup>a</sup>	1.0 ± 0.3 <sup>b</sup>	0.1 ± 0.05 <sup>a</sup>
<i>Sulfurimonas</i>	0.1 ± 0.02 <sup>a</sup>	0.7 ± 0.1 <sup>b</sup>	0.1 ± 0.02 <sup>a</sup>
<i>Denitrovibrio</i>	0.1 ± 0.02 <sup>a</sup>	1.3 ± 0.3 <sup>b</sup>	0.2 ± 0.1 <sup>a</sup>
<i>Acidithiobacillus</i>	0.1 ± 0.03 <sup>a</sup>	5.2 ± 0.4 <sup>b</sup>	15.2 ± 1.2 <sup>c</sup>
<i>Halothiobacillus</i>	0.1 ± 0.01 <sup>a</sup>	1.0 ± 0.2 <sup>b</sup>	1.2 ± 0.2 <sup>b</sup>
<i>Methanobolus</i>	0.1 ± 0.02 <sup>a</sup>	1.6 ± 0.3 <sup>b</sup>	0.1 ± 0.02 <sup>a</sup>
<i>Geothrix</i>	0.1 ± 0.04 <sup>a</sup>	0.7 ± 0.1 <sup>b</sup>	0.1 ± 0.01 <sup>a</sup>
<i>Dyella</i>	0.1 ± 0.03 <sup>a</sup>	0.6 ± 0.1 <sup>b</sup>	0.1 ± 0.03 <sup>a</sup>

**Табл. 2.** Индексы богатства и разнообразия микрокосмов донных осадков. Буквенные индексы указывают на значимые различия между образцами микрокосмов ( $p < 0.05$ ).

Срок инкубирования	Показатель			
	OTE	Индекс Шеннона	Индекс Симпсона	Chao1
0 суток	737 ± 69 <sup>a</sup>	5.808 ± 0.121 <sup>a</sup>	0.994 ± 0.003 <sup>a</sup>	739.4 ± 63.1 <sup>a</sup>
180 суток	554 ± 41 <sup>b</sup>	3.683 ± 0.105 <sup>b</sup>	0.833 ± 0.002 <sup>b</sup>	557.6 ± 40.3 <sup>b</sup>
240 суток	355 ± 29 <sup>c</sup>	3.057 ± 0.087 <sup>c</sup>	0.848 ± 0.002 <sup>c</sup>	356.9 ± 28.7 <sup>c</sup>

### Микробное разнообразие в микрокосмах осадков

Разнообразие микробиоты донных осадков является важным фактором их биологической устойчивости, а также интенсивности и направленности многих биохимических процессов. Расчет индексов разнообразия продемонстрировал, что видовое разнообразие прокариотных микробиомов осадков в процессе трансформации ТБО статистически значимо снижается. Через 240 суток культивирования осадков количество обнаруженных таксонов (OTE) и реальное расчетное количество видов (Chao1) сократилось более чем в 2 раза. Обилие таксонов, оцениваемое индексом Шеннона, снизилось на 180 суток в 1.6 раза, а к 240 суткам – в 1.3 раза. Мера выравнивания, характеризуемая индексом Симпсона, также значимо снижается (Табл. 2). Оценка β-разнообразия на основе кластерного анализа PCoA с использованием индекса Брея–Кёртиса показала, что таксономический состав микробиомов осадков в процессе трансформации ТБО через 180 и 240 суток обладает достаточно низкой степенью сходства с исходным осадком (Рис. 4). Наблюдается разделение микробиомов на непересекающиеся кластеры. Таким образом, полученные результаты свидетельствуют о снижении видового разнообразия микробиомов донных осадков в процессе трансформации соединений бутилолова.

### Заключение

В условиях модельного эксперимента проведено исследование процессов трансформации соединений бутилолова в донных осадках Копорской губы Финского залива, а также их влияние на таксономическую структуру и видовое разнообразие микробиомов осадков. В образцах, сильно загрязненных бутилоловом и трибутилоловом, наблюдается убыль токсикантов за счет

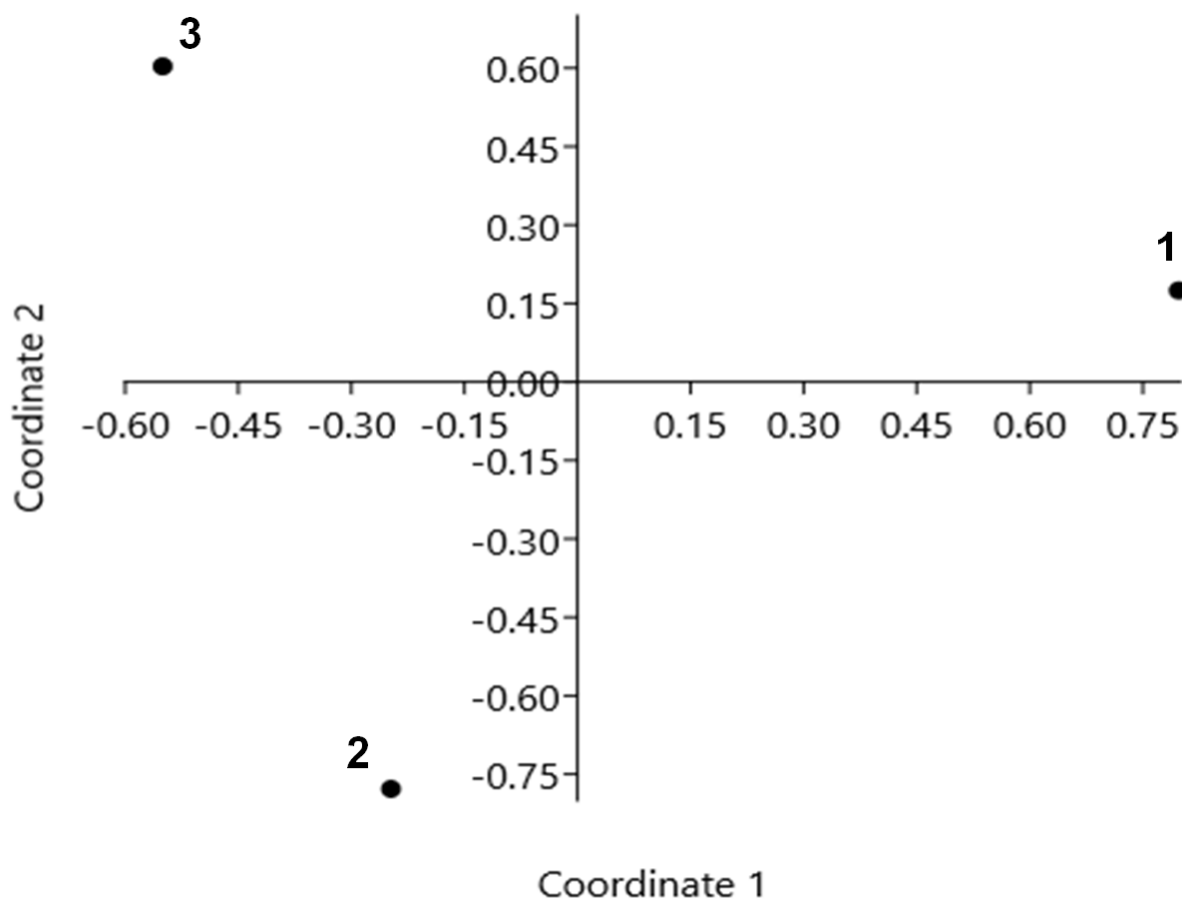


Рис. 4. Анализ главных координат (РСоА) микрокосмов донных осадков на основе индекса Брея–Кёртиса. 1 – исходные осадки на 0 суток; 2 – микрокосм осадков через 180 суток; 3 – микрокосм осадков через 240 суток.

их биодеструкции автохтонной микробиотой осадков. Нарастание содержания монобутилолова в осадках свидетельствует о процессе биотрансформации три- и дибутилолова в менее токсичное соединение. По мере биодеградации соединений бутилолова обнаруживаются существенные изменения в таксономическом составе и видовом разнообразии микробиомов осадков. Относительное обилие бактерий доминирующих филумов Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria, Berrucomicrobia, Planctomycetes, Chloroflexi снижается, при этом возрастает доля минорных филумов Firmicutes, Epsilonbacteraeota и Deferribacteres. Бактерии родов *Acidithiobacillus* и *Halothiobacillus*, относящиеся к классу Gammaproteobacteria, представители которых известны как активные деструкторы оловоорганических соединений, преобладают на протяжении всего исследуемого периода. Кроме того, наблюдается рост числа бактерий родов *Alicyclobacillus*, *Sulfurospirillum*, *Denitrovibrio* и метаногенных архей рода *Methanolobus*. Доминирование вышеуказанных бактерий может свидетельствовать об их участии в процессах трансформации соединений бутилолова. Согласно количеству обнаруженных операционных таксономических единиц, а также значениям индексов Шеннона, Симпсона и Chao1, в ходе биодеструкции соединений олова видовое разнообразие микробиомов снижается. Таким образом, изменения филогенетической структуры микробиома донных осадков могут выступать в качестве биоиндикатора экологического состояния морской среды. Результаты настоящего исследования могут применяться для выявления бактерий, обладающих свойством деструктировать токсичные соединения бутилолова, с целью разработки конвергентных методов биоремедиации донных осадков, загрязненных оловоорганическими соединениями.

## Список литературы

- Чирак, Е.Л., Першина, Е.В., Дольник, А.С., Кутовая, О.В., Василенко, Е.С. и др., 2013. Таксономическая структура микробных сообществ в почвах различных типов по данным высокопроизводительного секвенирования библиотек гена 16S-rPHK. *Сельскохозяйственная биология* **3**, 100–109.
- Bakke, T., Kallqvist, T., Ruus, A., Breedveld, G.D., Hylland, K., 2010. Development of sediment quality criteria in Norway. *Journal of Soils and Sediments* **10**, 172–178.
- Bates, S.T., Berg-Lyons, J.G., Caporaso, W.A., Walters, W.A., Knight, R., Fierer, N., 2010. Examining the global distribution of dominant archaeal populations in soil. *ISME Journal* **5**, 908–917.
- Bernat, P., Szewczyk, R., Krupinski, M., Dlugonski, J., 2013. Butyltins degradation by *Cunninghamella elegans* and *Cochliobolus lunatus* co-culture. *Journal of Hazardous Materials* **246–247**, 277–282.
- Caporaso, J.G., Kuczynski, J., Stombaugh, J. et al., 2010. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature Methods* **5** (7), 335–336. <https://doi.org/10.1038/nmeth.f.303>
- Chen, J., Liu, Y., Diep, P., Mahadevan, R., 2022a. Genetic engineering of extremely acidophilic *Acidithiobacillus* species for biomining: Progress and perspectives. *Journal of Hazardous Materials* **438**, 129456. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2022.129>
- Chen, Y., Wang, J., Zhao, Y., Maqbool, F., et al., 2022b. Sulfamethoxazole removal from mariculture wastewater in moving bed biofilm reactor and insight into the changes of antibiotic and resistance genes. *Chemosphere* **298**, 134327. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2022.134327>
- Cruz, A., Caetano, T., Suzuki, S., Mendo, S., 2007. *Aeromonas veronii*, a tributyltin (TBT)-degrading bacterium isolated from an estuarine environment, Ria de Aveiro in Portugal. *Marine Environmental Research* **64** (5), 639–650. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marenvres.2007.06.006>
- Cruz, A., Henriques, I., Sousa, A.C.A., Baptista, I., Almeida, A. et al., 2014. A microcosm approach to evaluate the degradation of tributyltin (TBT) by *Aeromonas molluscorum* Av27 in estuarine sediments. *Environmental Research* **132**, 430–437. <http://dx.doi.org/10.1016/j.envres.2014.04.031>
- Cruz, A., Anselmo, A.M., Suzuki, S., Mendo, S., 2015. Tributyltin (TBT): A review on microbial resistance and degradation. *Critical reviews in environmental science and technology* **45**(9), 970–1006. <https://doi.org/10.1080/10643389.2014.924181>
- Cybulska, K., Łońska, E., Fabisiak, J., 2020. Bacterial benthic community composition in the Baltic Sea in selected chemical and conventional weapons dump sites affected by munition corrosion. *Science of the Total Environment* **709**, 136112. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.136112>
- Dowson, P.H., Bubb, J.M., Williams, T.P., Lester, J.N., 1993. Degradation of tributyltin in freshwater and estuarine marina sediments. *Water Science and Technology* **28** (8–9), 133–137.
- Du, J., Chadalavada, S., Chen, Z., Naidu, R., 2014. Environmental remediation techniques of tributyltin contamination in soil and water: a review. *Chemical Engineering Journal* **235**, 141–150. <https://doi.org/10.1016/j.cej.2013.09.044>
- Filipkowska, A., Kowalewska, G., 2019. Butyltins in sediments from the Southern Baltic coastal zone: Is it still a matter of concern, 10 years after implementation of the total ban? *Marine Pollution Bulletin* **146**, 343–348. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2019.06.050>
- Filipkowska, A., Kowalewska, G., Pavoni, B., Łęczyński, L., 2011. Organotin compounds in surface sediments from seaports on the Gulf of Gdańsk (southern Baltic coast). *Environmental Monitoring and Assessment* **182**, 455–466.

- Filipkowska, A., Kowalewska, G., Pavoni, B., 2014. Organotin compounds in surface sediments of the Southern Baltic coastal zone: a study on the main factors for their accumulation and degradation. *Environmental Science and Pollution Research* **21**, 2077–2087.
- Finnegan, C., Ryan, D., Enright, A., Garcia-Cabellos, G., 2018. A review of strategies for the detection and remediation of organotin pollution. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology* **48** (1), 1–42. <https://doi.org/10.1080/10643389.2018.1443669>
- Gupta, M., Dwivedi, U.N., Khandelwal, S., 2011. C-Phycocyanin: an effective protective agent against thymic atrophy by tributyltin. *Toxicology Letters* **204** (1), 2–11. <https://doi.org/10.1016/j.toxlet.2011.03.029>
- Hallberg, K.B., Johnson, B.D., 2005. Microbiology of a wetland ecosystem constructed to remediate mine drainage from a heavy metal mine. *Science of the Total Environment* **338**, 53–66. <https://dx.doi.org/10.1016/j.scitotenv.2004.09.005>
- Hassan, H., 2018. Sug E belongs to the small multidrug resistance (SMR) protein family involved in tributyltin (TBT) biodegradation and bioremediation by alkaliphilic *Stenotrophomonas chelatiphaga* HS2. *International Journal of Biological Macromolecules* **108**, 1219–1226. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2017.11.025>
- HELCOM, 2010. Hazardous substances in the Baltic Sea. An integrated thematic assessment of hazardous substances in the Baltic Sea. *Baltic Sea Environment Proceedings* **120B**, 1–116.
- Ito, T., Adachi, Y., Yamanashi, Y., Shimada Y, 2016. Long-term natural remediation process in textile dye-polluted river sediment driven by bacterial community changes. *Water Research* **100**, 458–465. <https://dx.doi.org/10.1016/j.watres.2016.05.050>
- Ivanova, E.A., Pershina, E.V., Shapkin, V.M., Kichko, A.A. et al., 2020. Shifting prokaryotic communities along a soil formation chronosequence and across soil horizons in a South Taiga ecosystem. *Pedobiologia – Journal of Soil Ecology* **81–82**, 150650. <https://doi.org/10.1016/j.pedobi.2020.150650>
- Khanolkar, D., Dubey, S., Naik, M., 2015. Biotransformation of tributyltin chloride to less toxic dibutyltin dichloride and monobutyltin trichloride by *Klebsiella pneumoniae* strain SD9. *International Biodeterioration and Biodegradation* **104**, 212–218. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2015.04.030>
- Kryshev, I.I., Sazykina, T.G., Pavlova, N.N., Kosykh, I.V., Buryakova, A.A., Kryshev, A.I., 2021. Assessment of radiation state of marine environment in the Leningrad NPP area according to long-term monitoring data (1973–2019). *Marine Biological Journal* **6** (1), 41–57. <https://doi.org/10.21072/Mbj.2021.06.1.04>
- Kuzikova, I., Zaytseva, T., Metelkova, L., Zhakovskaya, Z., Medvedeva, N., Andronov, E. A., 2022. Microcosm approach for evaluating the microbial nonylphenol and butyltin biodegradation and bacterial community shifts in co-contaminated bottom sediments from the Gulf of Finland, the Baltic sea. *Environmental Science and Pollution Research* **29** (46), 69849–69860. <https://doi.org/10.1007/s11356-022-20751-8>
- Lagadic, L., Katsiadaki, I., Biever, R., Guiney, P.D., Karouna-Renier, N., Schwarz, T., Meador, J.P., 2018. Tributyltin: Advancing the science on assessing endocrine disruption with an unconventional endocrine-disrupting compound. *Reviews of Environmental Contamination and Toxicology* **245**, 65–127. [https://doi.org/10.1007/398\\_2017\\_8](https://doi.org/10.1007/398_2017_8)
- Lee, S., Chung, J., Won, H., Lee, D., Lee, Y., 2012. Removal of methylmercury and tributyltin (TBT) using marine microorganisms. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology* **88**, 239–244. <https://doi.org/10.1007/s00128-011-0501-y>

- McAdams, H., Srinivasan, B., Arkin, A., 2004. The evolution of genetic regulatory systems in bacteria. *Nature Reviews Genetics* **5**, 169–178. <https://doi.org/10.1038/nrg1292>
- Medvedeva, N., Polyak, Y., Kankaanpää, H., Zaytseva, T., 2009. Microbial responses to mustard gas dumped in the Baltic Sea. *Marine Environmental Research* **68**, 71–81. <https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2009.04.007>
- Nealson, K.H., 1997. Sediment bacteria: who's there, what are they doing, and what's new? *Annual review of earth and planetary sciences* **25**, 403–434.
- Ng, K., Shi, X., Ng, H., 2015. Evaluation of system performance and microbial communities of a bioaugmented anaerobic membrane bioreactor treating pharmaceutical wastewater. *Water Research* **81**, 311–324. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2015.05.033>
- Rajendran, R.K., Lin, C.C., Huang, S.L., Kirschner, R., 2017. Enrichment, isolation, and biodegradation potential of long-branched chain alkylphenol degrading non-ligninolytic fungi from wastewater. *Marine pollution bulletin* **125** (1–2), 416–425. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2017.09.04>
- Reader, S., Pelletier, E., 1992. Biosorption and degradation of butyltin compounds by the marine diatom *Skeletonema costatum* and the associated bacterial community at low temperature. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology* **48**, 599–607.
- Rodríguez-Grimon, R., Campos, N.H., Castro, Í.B., 2020. Imposex incidence in gastropod species from Santa Marta coastal zone, Colombian Caribbean Sea. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology* **105**, 728–735. <https://doi.org/10.1007/s00128-020-03020-7>
- Silva, P.V., Silva, A.R.R., Mendo, S., and Loureiro, S., 2014. Toxicity of tributyltin (TBT) to terrestrial organisms and its species sensitivity distribution. *Science of the Total Environment* **466**, 1037–1046. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2013.08.002>
- Sorokin, D.Y., Abbas, B., Zessen, E., Muyzer, G., 2014. Isolation and characterization of an obligately chemolithoautotrophic *Halothiobacillus* strain capable of growth on thiocyanate as an energy source. *FEMS Microbiology Letters* **354**, 69–74. <https://dx.doi.org/10.1111/1574-6968.12432>
- Stolarek, P., Różalska, S., Bernat, P., 2019. Lipidomic adaptations of the *Metarhizium robertsii* strain in response to the presence of butyltin compounds. *Biochimica et Biophysica Acta – Biomembranes* **1861** (1), 316–326. <https://doi.org/10.1016/j.bbamem.2018.06.007>
- Suehiro, F., Kobayashi, T., Nonaka, L. et al., 2006. Degradation of tributyltin in microcosm using Mekong river sediment. *Microbial Ecology* **52**, 19–25. <https://doi.org/10.1007/s00248-006-9079-z>
- Tam, N.F.Y., Chong, A., Wong, Y.S., 2003. Removal of tributyltin (TBT) from wastewater by microalgae. *Progress in Water Resources* **9**, 261–271.
- Uc-Peraza, R.G., Delgado-Blas, V.H., Rendón-von Osten, J., Castro, Í.B., Proietti, M.C., Fillmann, G., 2022. Mexican paradise under threat: The impact of antifouling biocides along the Yucatán Peninsula. *Journal of Hazardous Materials* **427**, 128162.
- Viglino, L., Pelletier, E., St-Louis, R., 2004. Highly persistent butyltins in northern marine sediments: a long-term threat for the Saguenay Fjord (Canada). *Environmental Toxicology and Chemistry* **23** (11), 2673–2681. <https://doi.org/10.1897/03-674>
- Wang, Z., Yang, Y., He, T., Xie, S., 2015. Change of microbial community structure and functional gene abundance in nonylphenol-degrading sediment. *Applied Microbiology and Biotechnology* **99**, 3259–3268. <https://doi.org/10.1007/s00253-014-6222-5>

- Willner, J., Fornalczyk, A., Saternus, M., Sedlakova-Kadukova, J., Gajda, B., 2022. LCD panels bioleaching with pure and mixed culture of *Acidithiobacillus*. *Physicochemical Problems of Mineral Processing* **58** (1), 15–23. <https://doi.org/10.37190/ppmp/143580>
- Xie, Y., Su, R., Zhang, L., Wang, X., 2011. A study on biosorption and biodegradation of tributyltin by two red tide microalgae. *International Conference on Remote Sensing, Environment and Transportation Engineering (RSETE)*. Nanjing, China, 7331–7334.
- Yáñez, J., Riffo, P., Santander, P., Mansilla, H., Mondaca, M.A., Campos, V., Amarasiriwardena, D., 2015. Biodegradation of tributyltin (TBT) by extremophile bacteria from Atacama Desert and speciation of tin by-products. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology* **95**, 126–130. <https://doi.org/10.1007/s00128-015-1561-1>
- Zhang, S., Yan, L., Xing, W., Chen, P., Zhang, Y., Wang, W., 2018. *Acidithiobacillus ferrooxidans* and its potential application. *Extremophiles* **22**, 563–579.

## References

- Bakke, T., Kallqvist, T., Ruus, A., Breedveld, G.D., Hylland, K., 2010. Development of sediment quality criteria in Norway. *Journal of Soils and Sediments* **10**, 172–178.
- Bates, S.T., Berg-Lyons, J.G., Caporaso, W.A., Walters, W.A., Knight, R., Fierer, N., 2010. Examining the global distribution of dominant archaeal populations in soil. *ISME Journal* **5**, 908–917.
- Bernat, P., Szewczyk, R., Krupinski, M., Dlugonski, J., 2013. Butyltins degradation by *Cunninghamella elegans* and *Cochliobolus lunatus* co-culture. *Journal of Hazardous Materials* **246–247**, 277–282.
- Caporaso, J.G., Kuczynski, J., Stombaugh, J. et al., 2010. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature Methods* **5** (7), 335–336. <https://doi.org/10.1038/nmeth.f.303>
- Chen, J., Liu, Y., Diep, P., Mahadevan, R., 2022a. Genetic engineering of extremely acidophilic *Acidithiobacillus* species for biomining: Progress and perspectives. *Journal of Hazardous Materials* **438**, 129456. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2022.129>
- Chen, Y., Wang, J., Zhao, Y., Maqbool, F., et al., 2022b. Sulfamethoxazole removal from mariculture wastewater in moving bed biofilm reactor and insight into the changes of antibiotic and resistance genes. *Chemosphere* **298**, 134327. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2022.134327>
- Chirak, E.L., Pershina, E.V., Dolnik, A.S., Kutovaya, O.V., Vasilenko, E.S. et al., 2013. Taksonomicheskaya struktura mikrobnikh soobshchestv v pochvakh razlichnykh tipov po dannym vysokoproizvoditelnogo sekvenirovaniya bibliotek gena 16S rRNK [Taxonomic structure of microbial communities in soils of various types according to high-throughput sequencing of 16S-rRNA gene libraries]. *Selskohozyajstvennaya biologiya [Agricultural Biology]* **3**, 100–109. (In Russian).
- Cruz, A., Caetano, T., Suzuki, S., Mendo, S., 2007. *Aeromonas veronii*, a tributyltin (TBT)-degrading bacterium isolated from an estuarine environment, Ria de Aveiro in Portugal. *Marine Environmental Research* **64** (5), 639–650. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marenvres.2007.06.006>
- Cruz, A., Henriques, I., Sousa, A.C.A., Baptista, I., Almeida, A. et al., 2014. A microcosm approach to evaluate the degradation of tributyltin (TBT) by *Aeromonas molluscorum* Av27 in estuarine sediments. *Environmental Research* **132**, 430–437. <http://dx.doi.org/10.1016/j.envres.2014.04.031>
- Cruz, A., Anselmo, A.M., Suzuki, S., Mendo, S., 2015. Tributyltin (TBT): A review on microbial resistance and degradation. *Critical reviews in environmental science and technology* **45**(9), 970–1006. <https://doi.org/10.1080/10643389.2014.924181>

- Cybulska, K., Łońska, E., Fabisiak, J., 2020. Bacterial benthic community composition in the Baltic Sea in selected chemical and conventional weapons dump sites affected by munition corrosion. *Science of the Total Environment* **709**, 136112. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.136112>
- Dowson, P.H., Bubb, J.M., Williams, T.P., Lester, J.N., 1993. Degradation of tributyltin in freshwater and estuarine marina sediments. *Water Science and Technology* **28** (8–9), 133–137.
- Du, J., Chadalavada, S., Chen, Z., Naidu, R., 2014. Environmental remediation techniques of tributyltin contamination in soil and water: a review. *Chemical Engineering Journal* **235**, 141–150. <https://doi.org/10.1016/j.cej.2013.09.044>
- Filipkowska, A., Kowalewska, G., 2019. Butyltins in sediments from the Southern Baltic coastal zone: Is it still a matter of concern, 10 years after implementation of the total ban? *Marine Pollution Bulletin* **146**, 343–348. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2019.06.050>
- Filipkowska, A., Kowalewska, G., Pavoni, B., Łęczyński, L., 2011. Organotin compounds in surface sediments from seaports on the Gulf of Gdańsk (southern Baltic coast). *Environmental Monitoring and Assessment* **182**, 455–466.
- Filipkowska, A., Kowalewska, G., Pavoni, B., 2014. Organotin compounds in surface sediments of the Southern Baltic coastal zone: a study on the main factors for their accumulation and degradation. *Environmental Science and Pollution Research* **21**, 2077–2087.
- Finnegan, C., Ryan, D., Enright, A., Garcia-Cabellos, G., 2018. A review of strategies for the detection and remediation of organotin pollution. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology* **48** (1), 1–42. <https://doi.org/10.1080/10643389.2018.1443669>
- Gupta, M., Dwivedi, U.N., Khandelwal, S., 2011. C-Phycocyanin: an effective protective agent against thymic atrophy by tributyltin. *Toxicology Letters* **204** (1), 2–11. <https://doi.org/10.1016/j.toxlet.2011.03.029>
- Hallberg, K.B., Johnson, B.D., 2005. Microbiology of a wetland ecosystem constructed to remediate mine drainage from a heavy metal mine. *Science of the Total Environment* **338**, 53–66. <https://dx.doi.org/10.1016/j.scitotenv.2004.09.005>
- Hassan, H., 2018. Sug E belongs to the small multidrug resistance (SMR) protein family involved in tributyltin (TBT) biodegradation and bioremediation by alkaliophilic *Stenotrophomonas chelatiphaga* HS2. *International Journal of Biological Macromolecules* **108**, 1219–1226. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2017.11.025>
- HELCOM, 2010. Hazardous substances in the Baltic Sea. An integrated thematic assessment of hazardous substances in the Baltic Sea. *Baltic Sea Environment Proceedings* **120B**, 1–116.
- Ito, T., Adachi, Y., Yamanashi, Y., Shimada Y, 2016. Long-term natural remediation process in textile dye-polluted river sediment driven by bacterial community changes. *Water Research* **100**, 458–465. <https://dx.doi.org/10.1016/j.watres.2016.05.050>
- Ivanova, E.A., Pershina, E.V., Shapkin, V.M., Kichko, A.A. et al., 2020. Shifting prokaryotic communities along a soil formation chronosequence and across soil horizons in a South Taiga ecosystem. *Pedobiologia – Journal of Soil Ecology* **81–82**, 150650. <https://doi.org/10.1016/j.pedobi.2020.150650>
- Khanolkar, D., Dubey, S., Naik, M., 2015. Biotransformation of tributyltin chloride to less toxic dibutyltin dichloride and monobutyltin trichloride by *Klebsiella pneumoniae* strain SD9. *International Biodeterioration and Biodegradation* **104**, 212–218. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2015.04.030>



- Kryshev, I.I., Sazykina, T.G., Pavlova, N.N., Kosykh, I.V., Buryakova, A.A., Kryshev, A.I., 2021. Assessment of radiation state of marine environment in the Leningrad NPP area according to long-term monitoring data (1973–2019). *Marine Biological Journal* **6** (1), 41–57. <https://doi.org/10.21072/Mbj.2021.06.1.04>
- Kuzikova, I., Zaytseva, T., Metelkova, L., Zhakovskaya, Z., Medvedeva, N., Andronov, E. A., 2022. Microcosm approach for evaluating the microbial nonylphenol and butyltin biodegradation and bacterial community shifts in co-contaminated bottom sediments from the Gulf of Finland, the Baltic sea. *Environmental Science and Pollution Research* **29** (46), 69849–69860. <https://doi.org/10.1007/s11356-022-20751-8>
- Lagadic, L., Katsiadaki, I., Biever, R., Guiney, P.D., Karouna-Renier, N., Schwarz, T., Meador, J.P., 2018. Tributyltin: Advancing the science on assessing endocrine disruption with an unconventional endocrine-disrupting compound. *Reviews of Environmental Contamination and Toxicology* **245**, 65–127. [https://doi.org/10.1007/398\\_2017\\_8](https://doi.org/10.1007/398_2017_8)
- Lee, S., Chung, J., Won, H., Lee, D., Lee, Y., 2012. Removal of methylmercury and tributyltin (TBT) using marine microorganisms. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology* **88**, 239–244. <https://doi.org/10.1007/s00128-011-0501-y>
- McAdams, H., Srinivasan, B., Arkin, A., 2004. The evolution of genetic regulatory systems in bacteria. *Nature Reviews Genetics* **5**, 169–178. <https://doi.org/10.1038/nrg1292>
- Medvedeva, N., Polyak, Y., Kankaanpää, H., Zaytseva, T., 2009. Microbial responses to mustard gas dumped in the Baltic Sea. *Marine Environmental Research* **68**, 71–81. <https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2009.04.007>
- Nealson, K.H., 1997. Sediment bacteria: who's there, what are they doing, and what's new? *Annual review of earth and planetary sciences* **25**, 403–434.
- Ng, K., Shi, X., Ng, H., 2015. Evaluation of system performance and microbial communities of a bioaugmented anaerobic membrane bioreactor treating pharmaceutical wastewater. *Water Research* **81**, 311–324. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2015.05.033>
- Rajendran, R.K., Lin, C.C., Huang, S.L., Kirschner, R., 2017. Enrichment, isolation, and biodegradation potential of long-branched chain alkylphenol degrading non-ligninolytic fungi from wastewater. *Marine pollution bulletin* **125** (1–2), 416–425. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2017.09.04>
- Reader, S., Pelletier, E., 1992. Biosorption and degradation of butyltin compounds by the marine diatom *Skeletonema costatum* and the associated bacterial community at low temperature. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology* **48**, 599–607.
- Rodríguez-Grimon, R., Campos, N.H., Castro, Í.B., 2020. Imposex incidence in gastropod species from Santa Marta coastal zone, Colombian Caribbean Sea. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology* **105**, 728–735. <https://doi.org/10.1007/s00128-020-03020-7>
- Silva, P.V., Silva, A.R.R., Mendo, S., and Loureiro, S., 2014. Toxicity of tributyltin (TBT) to terrestrial organisms and its species sensitivity distribution. *Science of the Total Environment* **466**, 1037–1046. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2013.08.002>
- Sorokin, D.Y., Abbas, B., Zessen, E., Muyzer, G., 2014. Isolation and characterization of an obligately chemolithoautotrophic *Halothiobacillus* strain capable of growth on thiocyanate as an energy source. *FEMS Microbiology Letters* **354**, 69–74. <https://dx.doi.org/10.1111/1574-6968.12432>

- Stolarek, P., Różalska, S., Bernat, P., 2019. Lipidomic adaptations of the *Metarhizium robertsii* strain in response to the presence of butyltin compounds. *Biochimica et Biophysica Acta – Biomembranes* **1861** (1), 316–326. <https://doi.org/10.1016/j.bbamem.2018.06.007>
- Suehiro, F., Kobayashi, T., Nonaka, L. et al., 2006. Degradation of tributyltin in microcosm using Mekong river sediment. *Microbial Ecology* **52**, 19–25. <https://doi.org/10.1007/s00248-006-9079-z>
- Tam, N.F.Y., Chong, A., Wong, Y.S., 2003. Removal of tributyltin (TBT) from wastewater by microalgae. *Progress in Water Resources* **9**, 261–271.
- Uc-Peraza, R.G., Delgado-Blas, V.H., Rendón-von Osten, J., Castro, Í.B., Proietti, M.C., Fillmann, G., 2022. Mexican paradise under threat: The impact of antifouling biocides along the Yucatán Peninsula. *Journal of Hazardous Materials* **427**, 128162.
- Viglino, L., Pelletier, E., St-Louis, R., 2004. Highly persistent butyltins in northern marine sediments: a long-term threat for the Saguenay Fjord (Canada). *Environmental Toxicology and Chemistry* **23** (11), 2673–2681. <https://doi.org/10.1897/03-674>
- Wang, Z., Yang, Y., He, T., Xie, S., 2015. Change of microbial community structure and functional gene abundance in nonylphenol-degrading sediment. *Applied Microbiology and Biotechnology* **99**, 3259–3268. <https://doi.org/10.1007/s00253-014-6222-5>
- Willner, J., Fornalczyk, A., Saternus, M., Sedlakova-Kadukova, J., Gajda, B., 2022. LCD panels bioleaching with pure and mixed culture of *Acidithiobacillus*. *Physicochemical Problems of Mineral Processing* **58** (1), 15–23. <https://doi.org/10.37190/ppmp/143580>
- Xie, Y., Su, R., Zhang, L., Wang, X., 2011. A study on biosorption and biodegradation of tributyltin by two red tide microalgae. *International Conference on Remote Sensing, Environment and Transportation Engineering (RSETE)*. Nanjing, China, 7331–7334.
- Yáñez, J., Riffo, P., Santander, P., Mansilla, H., Mondaca, M.A., Campos, V., Amarasiriwardena, D., 2015. Biodegradation of tributyltin (TBT) by extremophile bacteria from Atacama Desert and speciation of tin by-products. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology* **95**, 126–130. <https://doi.org/10.1007/s00128-015-1561-1>
- Zhang, S., Yan, L., Xing, W., Chen, P., Zhang, Y., Wang, W., 2018. *Acidithiobacillus ferrooxidans* and its potential application. *Extremophiles* **22**, 563–579.