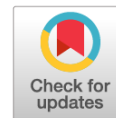


DOI: <https://doi.org/10.17816/ecogen50901>

Термофильные аэробные органогетеротрофные бактерии антропогенно измененных территорий Санкт-Петербурга и Ленинградской области

© А.С. Журавлева*¹, Е.Н. Волкова², А.С. Галушко¹¹ Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Агрофизический научно-исследовательский институт», Санкт-Петербург;² Государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Санкт-Петербургский государственный университет промышленных технологий и дизайна», Высшая школа технологии и энергетики, Санкт-Петербург

Исследованы антропогенно измененные грунты Санкт-Петербурга и Луги (Ленинградская область) на предмет присутствия термофильных аэробных хемоорганогетеротрофных бактерий, потенциально способных к разложению углеводов при повышенной температуре (60 °С). Выделено 6 штаммов чистых культур спорообразующих бактерий. Анализ нуклеотидных последовательностей генов 16S рПНК показал их принадлежность к родам *Geobacillus* и *Aeribacillus*. Сведения о присутствии представителей рода *Aeribacillus*, типичных обитателей горячих источников и зон с геотермальной активностью, в почвах регионов Санкт-Петербурга и Ленинградской области получены нами впервые.

Ключевые слова: аэробы; термофильные бактерии; ацетатразлагающие бактерии; нефтезагрязнение; антропогенное загрязнение почв.

Как цитировать:

Журавлева А.С., Волкова Е.Н., Галушко А.С. Термофильные аэробные органогетеротрофные бактерии антропогенно измененных территорий Санкт-Петербурга и Ленинградской области // Экологическая генетика. 2021. Т. 19. № 1. С. 47–58. DOI: <https://doi.org/10.17816/ecogen50901>

DOI: <https://doi.org/10.17816/ecogen50901>

Thermophilic aerobic organoheterotrophic soil bacteria from anthropogenically changed territories of Saint Petersburg and Leningrad region

© A.S. Zhuravleva*¹, E.N. Volkova², A.S. Galushko¹¹ Agrophysical Research Institute, Saint Petersburg, Russia;² Saint Petersburg State University of Industrial Technologies and Design, Higher School of Technology and Energy, Saint Petersburg, Russia

Anthropogenically altered soils of Saint Petersburg and Luga (Leningrad Region) were investigated for the presence of thermophilic aerobic chemoorganoheterotrophic bacteria, potentially capable of decomposing hydrocarbons at elevated temperatures (60 °C). 6 strains of pure spore-forming cultures of bacteria were isolated. Analysis of the nucleotide sequences of the 16S rRNA genes showed that they belong to the genera *Geobacillus* and *Aeribacillus*. For the first time, we obtained information on the presence of representatives of the genus *Aeribacillus*, which are typical inhabitants of hot springs and zones with geothermal activity, in the soils of the regions of Saint Petersburg and the Leningrad Region.

Keywords: aerobes; thermophilic bacteria; acetate-decomposing bacteria; oil pollution; anthropogenic soil pollution.

To cite this article:

Zhuravleva AS, Volkova EN, Galushko AS. Thermophilic aerobic organoheterotrophic soil bacteria from anthropogenically changed territories of Saint Petersburg and Leningrad region. *Ecological genetics*. 2021;19(1):47–58. DOI: <https://doi.org/10.17816/ecogen50901>

Received: 23.11.2020

Accepted: 15.02.2020

Published: 23.03.2021

ВВЕДЕНИЕ

По результатам многочисленных исследований антропогенно измененных почв и грунтов в различных климатических зонах известно, что состав микробного сообщества, в частности, консорциума нефтедеструкторов, различен [1–4]. Большинство микроорганизмов, обитающих в удаленных от геотермальных районов местах, — мезофилы, растущие при температурах от 0–10 до 40–45 °С, при обычном оптимуме в 37 °С [5, 6]. Термофильные микроорганизмы считаются экологически обособленной группой микроорганизмов, оптимальная температура роста умеренно-термофильных бактерий составляет 50–75 °С, а для экстремально-термофильных и гипертермофильных бактерий и архей она находится в диапазоне 75–105 °С, максимальная температура достигает значений 100 °С и выше [5, 6]. Главные отличительные особенности этих групп — специфический химический состав и прочность клеточных мембран, термостабильные белки и ферменты, повышенное содержание липидов в клеточной стенке, содержание насыщенных жирных кислот и ускоренный обмен веществ, позволяющий в том числе быстро восстанавливать поврежденные клеточные структуры [6].

Естественными местообитаниями термофильных микроорганизмов в условиях современной биосферы являются горячие источники, глубоководные гидротермы, высокотемпературная подземная биосфера, а также экосистемы, связанные с деятельностью человека, — компосты, сточные воды, места хранения навоза, торфа, сена [5]. Многочисленные исследования показали присутствие термофильных микроорганизмов в различных географических зонах, таких как Индонезия, Новая Зеландия, Мексика, Китай, Непал, Таиланд, Индия, КНР, Япония, Турция, Алжир, Саудовская Аравия, Иран, Тунис, Германия, Италия, Болгария, Россия, Армения, Казахстан, Антарктида [6–37]. Обнаруженные микроорганизмы — это преимущественно представители микробиоты горячих источников, пластовых вод высокотемпературных нефтяных месторождений и экосистем, сопряженных с ними, однако среди них присутствуют и обитатели почв и даже вод подледного озера [21], что указывает на приспособленность этих микроорганизмов к самым различным условиям местообитания. Так, по литературным данным, присутствие термотолерантных бактерий было подтверждено и в почвах северных регионов [38], что предположительно связано с антропогенным воздействием и климатическими изменениями. Исследование микроорганизмов, адаптированных к климатическим условиям конкретного региона необходимо учитывать для выбора системы биоремедиации нефтезагрязненных почв и использования в ней препаратов, основанных на внесении микробных культур [19]. При этом термофильные микроорганизмы, одной из основных характеристик которых является быстрый метаболизм, могут

существенно ускорить разложение нефтепродуктов в почве. Ранее присутствие термофильных углеводородокисляющих микроорганизмов в почвах Санкт-Петербурга уже было выявлено нами [39], но тем не менее в целом их представителей, обитающих в почвах тех северных регионов, где отсутствует геотермальная активность, все еще считают малоисследованными.

Известно, что в естественных условиях в южных районах, где термофильные микроорганизмы — типичные обитатели, поверхность почвы может прогреваться солнечной радиацией до 60–75 °С [40, 41], а в северных — до 46–57 °С [42, 43], при этом на прогревание закономерно влияет также состояние растительного покрова, гранулометрический состав почвы и ее влагоемкость [44], песчаные почвы прогреваются сильнее холодных и быстрее остывают, контрастность температурного режима характерна и для антропогенно измененных территорий с нарушением или отсутствием почвенно-растительного покрова [45], а также территорий, где почвенный покров полностью заменен насыпными грунтами. Свалки и территории железнодорожных магистралей являются такими антропогенно измененными ландшафтами с локально повышенной температурой окружающей среды и регулярным привнесением в экосистему чужеродной флоры и микрофлоры [46, 47]. Это позволяет выдвинуть гипотезу, что в поверхностном слое грунтов таких измененных ландшафтов могут обитать термофильные микроорганизмы, устойчивые к загрязнению и способные адаптироваться к условиям недостатка органических соединений.

Таким образом, *целью работы* стало выявление присутствия термофильных бактерий-нефтедеструкторов в антропогенно измененных почвах Санкт-Петербурга и Ленинградской области, выделение чистых культур, характеристика и идентификация штаммов.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Объектами исследования служили образцы антропогенно загрязненной почвы со свалки в Санкт-Петербурге (образцы K2, K6) и образцы грунта с железнодорожных путей Луги (образцы L1, L2), отобранные в 2019 г. Образец K2 — грунт с территории свалки в районе Кудрово, образец K6 — фоновая почва рядом со свалкой, образец L1 — фоновая почва на склоне железной дороги в Луге, образец L2 — песчаный грунт с железнодорожного полотна в Луге с видимым загрязнением нефтепродуктами. В 5 точках на площади 1 м² в стерильные сосуды отбирали образцы поверхностного слоя почвы или грунта (0–5 см), далее в стерильных условиях их перемешивали и освобождали от твердых включений и растительных остатков.

Для выявления присутствия термофильных бактерий и получения накопительных культур в усредненных пробах проводили высев образцов на модифицированную

нами жидкую минеральную питательную среду Ворошиловой–Диановой (далее — ВД) [48] с добавлением ацетата Na в качестве единственного источника энергии и углерода для роста микроорганизмов. Состав среды ВД (на 1 л): NH_4Cl — 1,0 г, NaCl — 1,0 г, K_2HPO_4 — 1,0 г, KH_2PO_4 — 1,0 г, MgSO_4 — 0,2 г, CaCl_2 — 0,02 г, $\text{CH}_3\text{COONa} \cdot 3\text{H}_2\text{O}$ вносили в количестве 1,36 г. pH среды доводили до 7,0–7,4. Среду стерилизовали методом автоклавирования 30 мин при 1 атм и температуре 121 °С. Растворы микроэлементов, приготовленные как описано в источнике [49], вносили по 1 мл/л каждого в стерильную среду перед посевом. Культивирование бактерий проводили в термостате при постоянной температуре 60 °С. В пробирку со средой ВД в объеме 5 мл добавляли первоначально 0,5 мл водной вытяжки почвы [1 г почвы вносили в пробирку с 10 мл дистиллированной воды, встряхивали на Vortex V-1 plus (Biosan), высев пипеткой из верхней части вытяжки проводили после 15-минутного отстаивания для осаждения почвенных частиц], впоследствии методика была скорректирована и 0,05 г почвенного образца вносили непосредственно в пробирку со средой.

Для выделения чистых культур пересевали накопительные культуры в пробирки с жидкой средой ВД с ацетатом натрия (метод серийных разведений) и культивировали в термостате. После встряхивания на Vortex с помощью пипетки высевали 0,1 мл культуральной жидкости из верхней части пробирки на чашки с твердой средой ГРМ с агаром (состав на 1 л: панкреатический гидролизат рыбной муки — 12,0 г, пептон ферментативный — 12,0 г, NaCl — 6,0 г, агар микробиологический — 12,0 г) и равномерно растирали шпателем, культивация происходила в течении 1 сут, после из выросших колоний методом штриха выделяли чистые культуры.

Микроскопирование в целях проверки чистоты культур проводили на микроскопе Zeiss AxioStar plus, оснащенном фазово-контрастным устройством, при общем увеличении $\times 400$. Использовали суточную культуру, выросшую на твердой среде ГРМ.

Для проверки способности культур использовать нефть в качестве единственного источника углерода проводили посев выделенных культур на жидкую среду ВД с добавлением в качестве субстрата нефти в количестве 10 мл/л. После поверхностного внесения нефти в среду осуществляли посев бактериальной суспензии и культивацию в термостате при постоянной температуре 60 °С. Для подтверждения роста бактерий с использованием углеводородов нефти в качестве единственного источника углерода осуществляли трехкратный пересев бактериальной суспензии, полученной на нефти, на аналогичную среду с нефтью и последующую культивацию с измерением оптической плотности.

Динамику роста культур в жидкой среде определяли по изменению оптической плотности среды с помощью

спектрофотометра ПЭ 3000-УФ (Промэколаб) при длине волны 570 нм в единицах абсорбции (abs). По результатам измерений на протяжении 2,5 сут (до выхода кривой роста на плато) проводили построение кривой роста культур. Опыт проводили в трех повторностях, замер оптической плотности культуры для каждой точки осуществляли дважды в кювете объемом 2,5 мл, статистическую обработку и построение графика с отображением относительной погрешности проводили в программе MS Excel 2007. Диапазон значений лежит в пределах погрешности ($\Delta = 0,05$).

Идентификацию штаммов молекулярно-генетическими методами проводили в компании «Евроген» (Москва) на основе анализа последовательности нуклеотидов гена 16S рPHK с использованием стандартных праймеров — 27F (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') и 1492R (5'-ACGGYTACCTTGTACGACTT-3').

Для анализа нуклеотидных последовательностей и построения филогенетического дерева использовали библиотеки NCBI BLAST и методы Neighbour-Joining и Maximum Likelihood [49–53] (программы MUSCLE, Gblocks, PhyML, TreeDyn). Длина анализируемых последовательностей составляла 1439–1444 нуклеотидов.

Нуклеотидные последовательности фрагментов генов 16S рPHK депонированы в базе данных GenBank NCBI под номерами MW676172–MW676177.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Выделение чистых культур

Посев водных вытяжек почвы в вариантах K2 и K6 на жидкую среду ВД и последующее инкубирование не привели к ожидаемому результату, рост термофильных микроорганизмов не был обнаружен, ввиду, вероятно, малого количества их клеток в почве. Поэтому впоследствии методика была модифицирована, и в качестве инокулюма использовали 0,05 г почвенно-грунтового образца, который вносили непосредственно в пробирку со средой. В этом случае рост микроорганизмов начинался уже через сутки после посева. Микроорганизмы, способные расти при температуре 60 °С, были обнаружены во всех исследованных пробах — K2-2, K6, L1, L2.

В результате нескольких серийных разведений и последовательных пересевов микроорганизмов, выросших из исследованных нами почвенных образцов K2 и K6, L1 и L2, были получены стабильно растущие накопительные культуры термофильных бактерий. В дальнейшем из накопительных культур были выделены чистые культуры K2-2, K6, а также L1, L2-1, L2-2, L2-3. Культура L2-1 перестала расти после нескольких пересевов и в последующих экспериментах не использована. Выделение накопительных культур K2 и K6 описано Е.Н. Волковой и соавт. [39]. Выделение чистых культур бактерий из проб Кудрово и Луги приведено в данной публикации.

Посев накопительной культуры L2 на поверхность агаризованной среды ГРМ привел к росту визуально различающихся по цвету и характеру роста колоний бактерий. Три чистые культуры бактерий, L2-1, L2-2 и L2-3, были выделены методом истощающего штриха на этой среде, тогда как культура L1 изначально представляла собой однородную монокультуру. Можно отметить выявление большего разнообразия культивируемых термофильных микроорганизмов в образце загрязненного грунта по сравнению с фоновым, что говорит о большей адаптивности микробного сообщества в условиях техногенного загрязнения.

Характеристика культур

Микроскопирование культур показало, что культуры K2-2, K6, L1, L2-2 и L2-3 представляют собой неподвижные, способные к спорообразованию мелкие тонкие палочки, L2-1 — неподвижные, способные к спорообразованию длинные палочки.

Общий вид микробных клеток и спор представлен на рис. 1.

Все выделенные культуры были способны расти за счет использования ацетата в качестве источника энергии и углерода. Динамика роста культур K2-2 и K6 показаны на рис. 2–3. Максимальная оптическая плотность ($0,25 \pm 0,012$) наблюдалась через 2–3 сут для культуры K2-2, и 1,7 сут — для культуры K6.

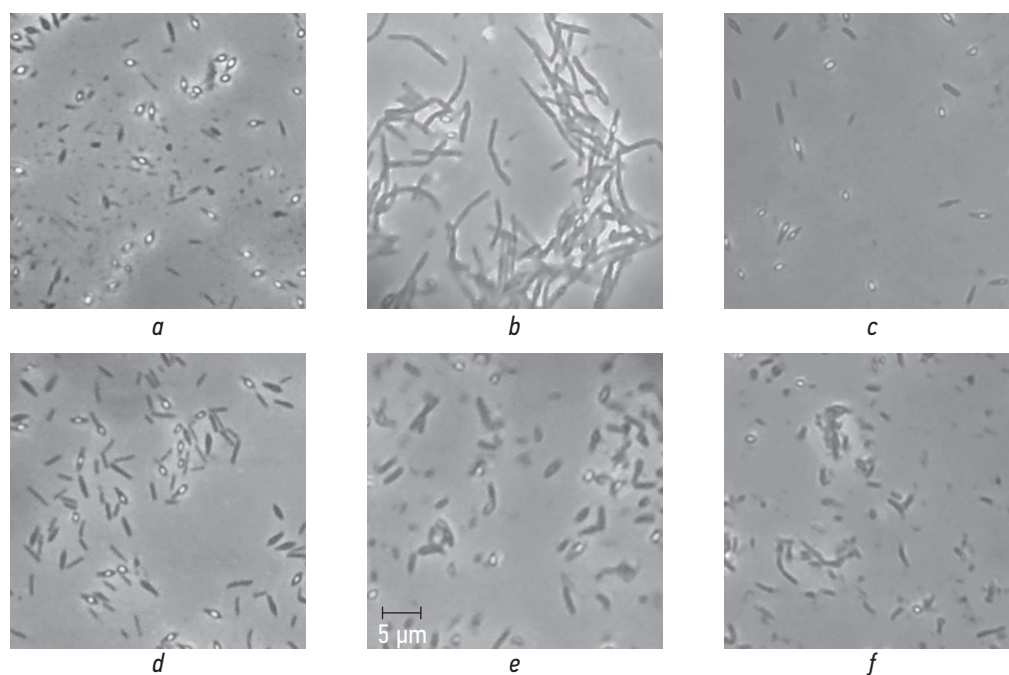


Рис. 1. Общий вид клеток и спор: *a* — L1, *b* — L2-1, *c* — L2-2, *d* — L2-3, *e* — K2-2, *f* — K6

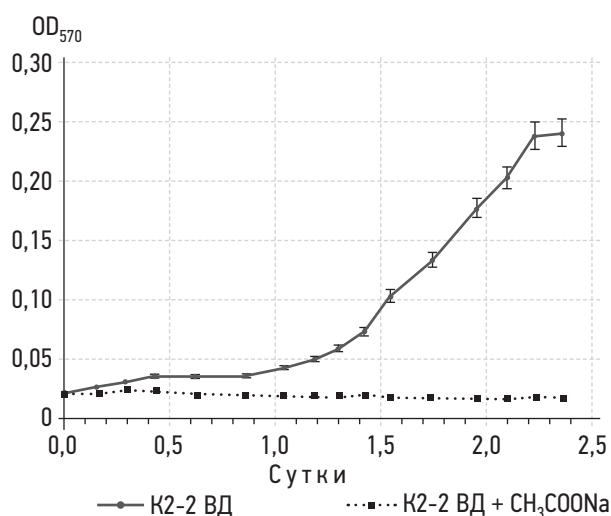


Рис. 2. Кривая роста бактериальной культуры K2-2 на жидкой среде ВД с ацетатом натрия и без органического субстрата на протяжении 2,5 сут. OD — оптическая плотность культуры

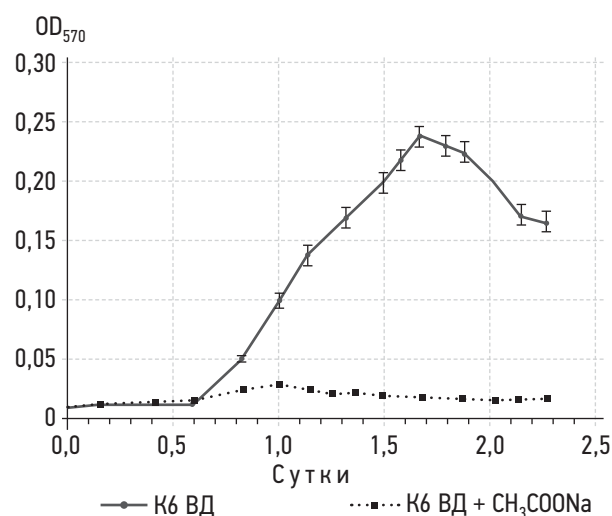


Рис. 3. Кривая изменения оптической плотности бактериальной культуры K6 на среде ВД с ацетатом натрия и без органического субстрата на протяжении 2,5 сут. OD — оптическая плотность культуры

Выделенные штаммы бактерий были проверены на способность к росту за счет использования нефти. Было установлено, что штаммы K2-2 и K6 были способны расти за счет использования углеводов нефти. Способность использовать углеводороды нефти штаммами, выделенными из проб Луги, требует дальнейшего изучения. Максимальная оптическая плотность культур K2-2 и K6 в конце опыта при культивации в течение 2,5 сут их на жидкой среде ВД с добавлением нефти составляла $0,143 \pm 0,011$ для культуры K2-2 и $0,064 \pm 0,005$ — для культуры K6, что указывало на способность этих культур использовать различные углеводороды нефти в качестве ростового субстрата. Возможно, что штамм K2-2, выделенный из загрязненного грунта на территории свалки, способен разрушать больше компонентов нефти и, соответственно, представляется более перспективным для дальнейших исследований в этом направлении.

Идентификация штаммов

Изучение филогенетического положения выделенных культур на основе последовательности нуклеотидов гена 16S рРНК с использованием стандартных праймеров

27F и 1492R показало их принадлежность к представителям разных родов грамположительных спорообразующих бактерий типа фирмикутов (*Firmicutes*) класса бацилл (*Bacilli*) порядка *Bacillales* семейства *Bacillaceae*. Так, штамм L2-1 принадлежит к роду *Geobacillus*, штаммы K2-2, K6, L1, L2-2, L2-3 — к близкому к нему роду *Aeribacillus* (рис. 4), который сравнительно недавно был отделен от *Geobacillus* [10]. Этот род на данный момент содержит 2 вида [10, 55].

По литературным данным, типовые штаммы бактерий *Aeribacillus pallidus* и *Geobacillus thermodenitrificans* — видов, наиболее сходных с обнаруженными нами по результатам секвенирования 16S рРНК, — являются обитателями жарких географических регионов, они были обнаружены в Мексике [11], Иране [35], Турции [9], об их способности разлагать углеводороды имеется мало сведений. При этом некоторые штаммы этих видов способны к разложению углеводородов нефти (алканов <C17, ароматических углеводородов, нафталина, фенантрена) — *Aeribacillus pallidus* 8m3, SL-1, VP3, XS2, XS3 [20, 24, 56–59], *Geobacillus thermodenitrificans* NG80-2 [60]. Как правило, термофильные бациллы рода *Aeribacillus* были обнаружены в горячих источниках и зонах

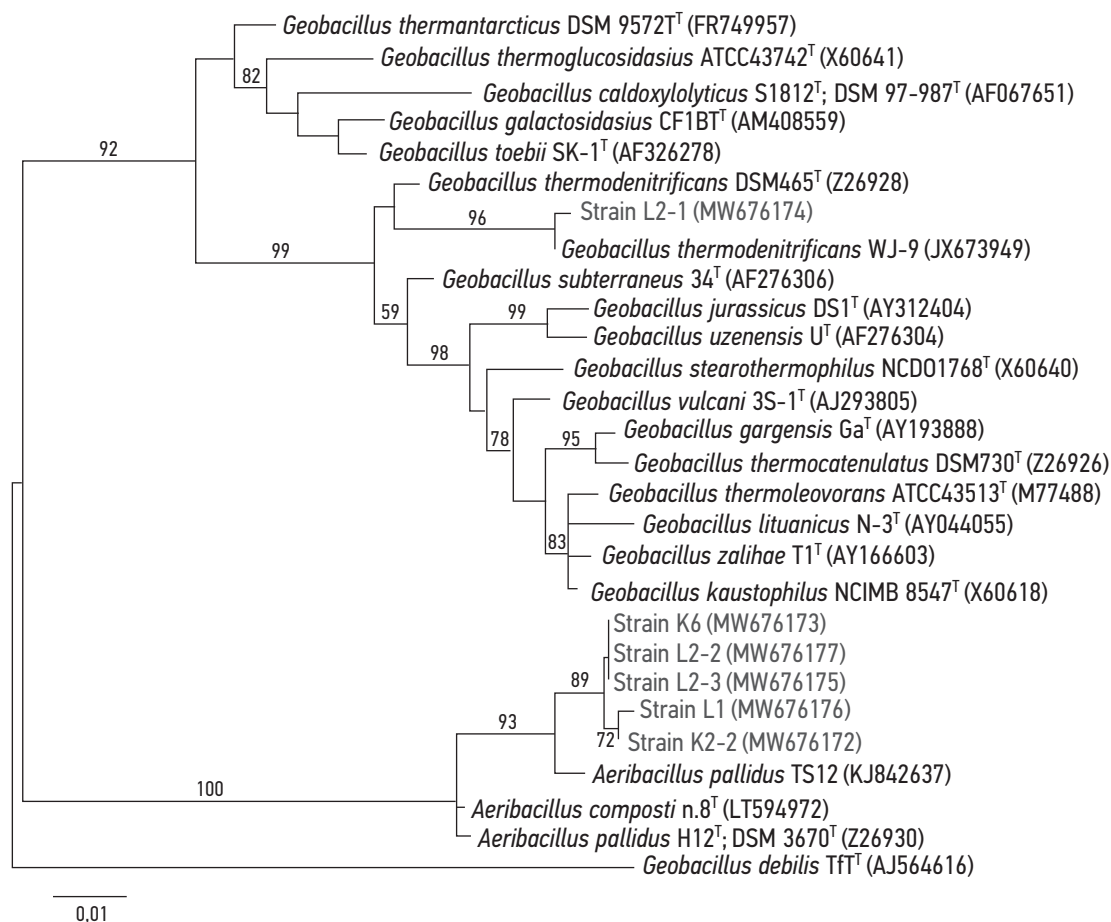


Рис. 4. Филогенетическое дерево близкородственных штаммов, полученное путем применения алгоритмов Neighbor-Join и BioNJ к матрице попарных расстояний [50–54]. Длина ветвей представлена в масштабе и измеряется количеством нуклеотидных замен на сайт

с геотермальной активностью [12, 13, 20, 61], сведения об их присутствии в почвах регионов Санкт-Петербурга и Ленинградской области были получены нами впервые. При этом, по литературным данным, на территории России были обнаружены некоторые другие термофильные представители рода *Geobacillus* [18, 62, 63], и эти виды также были обнаружены преимущественно в горячих источниках, тогда как о присутствии их в почве на территории России на настоящий день информации очень мало, имеются лишь отдельные сведения о присутствии термофильных микроорганизмов в антропогенно измененных почвах, таких как территории лесозаготовок [64], а также сельскохозяйственные почвы после внесения продуктов переработки сточных вод [65].

Таким образом, подтверждена гипотеза о присутствии термофильных бактерий в антропогенно измененных грунтах Санкт-Петербурга и Ленинградской области и показано, что в целом нетипичные для северных регионов представители термофильных бактерий с их быстрым метаболизмом могут быть способны к адаптации и выживанию в условиях антропогенного загрязнения, используя для размножения краткий период повышенных температур и переживая неблагоприятные периоды в состоянии спор.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Panicker G., Aislabie J., Saul D., Bej A.K. Cold tolerance of *Pseudomonas* sp. 30–3 isolated from oil-contaminated soil, Antarctica // *Polar Biol.* 2002. Vol. 25. P. 5–11.
2. Andreolli M., Albertarelli N., Lampis S., et al. Bioremediation of diesel contamination at an underground storage tank site: a spatial analysis of the microbial community // *World J Microbiol Biotechnol.* 2016. Vol. 32. P. 6.
3. Yan L., Sinkko H., Penttinen P., Lindström K. Characterization of successional changes in bacterial community composition during bioremediation of used motor oil-contaminated soil in a boreal climate // *Science of the Total Environment.* 2016. Vol. 542. P. 817–825. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2015.10.144
4. Kim D.D., O'Farrell C., Toth C.R.A., et al. Microbial community analyses of produced waters from high-temperature oil reservoirs reveal unexpected similarity between geographically distant oil reservoirs // *Microb Biotechnol.* 2018. Vol. 11, No. 4. P. 788–796. DOI: 10.1111/1751-7915.13281
5. Бонч-Осмоловская Е.А. Термофильные микроорганизмы: общий взгляд // Труды Ин-та микробиологии им. С.Н. Виноградского. М.: МАКС Пресс, 2011. С. 5–14.
6. Wiegel J. Anaerobic alkalithermophiles, a novel group of extremophiles // *Extremophiles.* 1998. Vol. 2. P. 257–267.
7. Chamkha M., Mnif S., Sayadi S. Isolation of a thermophilic and halophilic tyrosol-degrading *Geobacillus* from a Tunisian high temperature oil field // *FEMS Microbiol Lett.* 2008. Vol. 283. P. 23–29. DOI: 10.1111/j.1574-6968.2008.01136.x
8. Saw J.H., Mountain B.W., Feng L., et al. Encapsulated in silica: genome, proteome and physiology of the thermophilic bacterium *Anoxybacillus flavithermus* WK1 // *Genome Biol.* 2008. Vol. 9. R161. DOI: 10.1186/gb-2008-9-11-r161
9. Adiguzel A., Ozkan H., Baris O., et al. Identification and characterization of thermophilic bacteria isolated from hot springs in Turkey // *J Microbiol Methods.* 2009. Vol. 79, Is. 3. P. 321–328. DOI: 10.1016/j.mimet.2009.09.026
10. Miñana-Galbis D., Pinzón D.L., Loren J.G., et al. Reclassification of *Geobacillus pallidus* (Scholz et al. 1988) Banat et al. 2004 as *Aeribacillus pallidus* gen. nov., comb. nov // *Int J Syst Evol Microbiol.* 2010. Vol. 60. P. 1600–1604.
11. Pinzón-Martínez D.L., Rodríguez-Gómez C., Miñana-Galbis D., et al. Thermophilic bacteria from Mexican thermal environments: isolation and potential applications // *Environ Technol.* 2010. Vol. 31, no. 8–9. P. 957–966. DOI: 10.1080/09593331003758797
12. Yasawong M., Areekit S., Pakpitchareon A., et al. 2011. Characterization of thermophilic halotolerant *Aeribacillus pallidus* TD1 from Tao Dam Hot Spring, Thailand // *Int J MolSci.* 2011. Vol. 12, No. 8. P. 5294–5303. DOI: 10.3390/ijms12085294
13. Zheng C., He J., Wang Y., et al. Hydrocarbon degradation and bioemulsifier production by thermophilic *Geobacillus pallidus* strains // *Bioresour Technol.* 2011. Vol. 102. P. 9155–9161.
14. Inan K., Belduz A.O., Canakci S. *Anoxybacillus kaynarzensis* sp. nov., a moderately thermophilic, xylanase producing bacterium // *J Basic Microbiol.* 2013. Vol. 53. P. 410–419.
15. Radchenkova N., Vassilev S., Panchev I., et al. Production and properties of two novel exopolysaccharides synthesized by a thermophilic bacterium *Aeribacillus pallidus* 418 // *Appl Biochem Biotechnol.* 2013. Vol. 171. P. 31–43. DOI: 10.1007/s12010-013-0348-2
16. Cihan A.C., Cokmus C., Koc M., Ozcan B. *Anoxybacillus calidus* sp. nov., a thermophilic bacterium isolated from soil near a thermal power plant // *Int J Syst Evol Microbiol.* 2014. Vol. 64. P. 211–219.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Исследована микрофлора антропогенно измененных грунтов района Кудрово (Санкт-Петербург) и города Луги (Ленинградская область). Обнаружено присутствие термофильных аэробных бактерий, способных расти за счет разрушения ацетата натрия при повышенной температуре (60 °C). Выделены чистые бактериальные культуры (6 штаммов) и проведено их описание, а также идентификация полученных штаммов молекулярно-генетическими методами, показавшая их принадлежность к родам *Geobacillus* и *Aeribacillus*. Сведения о присутствии представителей рода *Aeribacillus* в регионе Санкт-Петербурга и Ленинградской области получены нами впервые.

В дальнейшем будет проведено выявление адаптивности полученных бактериальных культур к различным температурным условиям, а также способности к разложению отдельных углеводов.

ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ИНФОРМАЦИЯ

Источник финансирования. Научное исследование проведено при частичной поддержке РФФИ (грант № 19-34-90156).

17. Palanisamy N., Ramya J., Kumar S., et al. Diesel biodegradation capacities of indigenous bacterial species isolated from diesel contaminated soil // *J Environ Heal Sci Eng.* 2014. Vol. 12. P. 1–8. DOI: 10.1186/s40201-014-0142-2
18. Bryanskaya A.V., Rozanov A.S., Slynko N.M., et al. *Geobacillus icigianus* sp. nov., a thermophilic bacterium isolated from a hot spring // *Int J Syst Evol Microbiol.* 2015. Vol. 65. P. 864–869. DOI: 10.1099/ijs.0.000029.
19. Делеган Я.А., Ветрова А.А., Чернявская М.И., и др. Термотолерантные актиномицеты как агенты ремедиации нефтезагрязненных грунтов и вод в условиях жаркого аридного климата // *Известия Тульского государственного университета. Естественные науки.* 2015. Вып. 4. С. 248–258.
20. Filippidou S, Jaussi M, Junier T, et al. Genome sequence of *Aeribacillus pallidus* strain GS3372, an endospore-forming bacterium isolated in a deep geothermal reservoir // *Genome Announc.* 2015. Vol. 3, No. 4. P. e00981–15. DOI: 10.1128/genomeA.00981-15
21. Делеган Я.А. Термотолерантные бактерии-деструкторы углеводородов нефти: дис. ... канд. биол. наук. Пушчино: Пушчинский государственный естественно-научный институт, 2016. Режим доступа: <https://dlib.rsl.ru/01008734496>. Дата обращения: 01.11.2016.
22. Mesbaiah F.Z., Eddouaouda K., Badis A., et al. Preliminary characterization of biosurfactant produced by a PAH-degrading *Paenibacillus* sp. under thermophilic conditions // *Environ Sci Pollut Res.* 2016. Vol. 23. P. 14221–14230. DOI: 10.1007/s11356-016-6526-3
23. Poltarus A.B., Sokolova D.S., Grouzdev D.S., et al. Draft genome sequence of *Aeribacillus pallidus* strain 8m3, a thermophilic hydrocarbon-oxidizing bacterium isolated from the Dagang oil field (China) // *Genome Announc.* 2016. Vol. 4, No. 3. P. e00500–16. DOI: 10.1128/genomeA.00500-16
24. Poltarus A.B., Sokolova D.S., Grouzdev D.S., et al. Draft genome sequence of *Geobacillus subterraneus* strain K, a hydrocarbon-oxidizing thermophilic bacterium isolated from a petroleum reservoir in Kazakhstan // *Genome Announc.* 2016. Vol. 4, No. 4. P. e00782–16. DOI: 10.1128/genomeA.00782-16
25. Pugazhendi A., Wazin H.A., Qari H., et al. Biodegradation of low and high molecular weight hydrocarbons in petroleum refinery wastewater by a thermophilic bacterial consortium // *Environ Tech.* 2016. P. 2381–2391. DOI: 10.1080/09593330.2016.1262460
26. Nazina T.N., Shestakova N.M., Semenova E.M., et al. Diversity of metabolically active bacteria in water-flooded high-temperature heavy oil reservoir // *Front Microbiol.* 2017. Vol. 8. P. 707. DOI: 10.3389/fmicb.2017.00707
27. Khan I.U., Habib N., Xiao M., et al. *Anoxybacillus sediminis* sp. nov., a novel moderately thermophilic bacterium isolated from a hot spring // *Antonie Van Leeuwenhoek.* 2018. Vol. 111, No. 12. P. 2275–2282. DOI: 10.1007/s10482-018-1118-5
28. Panosyan H., Di Donato P., Poli A., Nicolaus B. Production and characterization of exopolysaccharides by *Geobacillus thermodenitrificans* ArzA-6 and *Geobacillus toebii* ArzA-8 strains isolated from an Armenian geothermal spring // *Extremophiles.* 2018. Vol. 22, No. 5. P. 725–737. DOI: 10.1007/s00792-018-1032-9
29. Radchenkova N., Vassilev S., Panchev I., et al. Production and properties of two novel exopolysaccharides synthesized by a thermophilic bacterium *Aeribacillus pallidus* 418 // *Appl Biochem Biotechnol.* 2013. Vol. 171. P. 31–43. DOI: 10.1007/s12010-013-0348-2
30. Yadav P., Korpole S., Prasad G.S., et al. Morphological, enzymatic screening, and phylogenetic analysis of thermophilic bacilli isolated from five hot springs of Myagdi, Nepal // *J Appl Biol Biotechnol.* 2018. Vol. 6, No. 3. P. 1–8 DOI: 10.7324/JABB.2018.60301
31. Mantiri F.R., Rumende R.R.H., Sudewi S. Identification of α -amylase gene by PCR and activity of thermostable α -amylase from thermophilic *Anoxybacillus thermarum* isolated from Remboken hot spring in Minahasa, Indonesia // *IOP Conf. Ser.: Earth Environ.* 2019. Sci. 217. 012045. DOI: 10.1088/1755-1315/217/1/012045
32. Mechri S., Bouacem K., ZaraïJaouadi N. et al. Identification of a novel protease from the thermophilic *Anoxybacillus kamchatkensis* M1V and its application as laundry detergent additive // *Extremophiles.* 2019. Vol. 23. P. 687–706. DOI: 10.1007/s00792-019-01123-6
33. Elumalai P., Parthipan P., Narenkumar J., et al. Role of thermophilic bacteria (*Bacillus* and *Geobacillus*) on crude oil degradation and biocorrosion in oil reservoir environment // *3 Biotech.* 2019. Vol. 9. P. 79. DOI: 10.1007/s13205-019-1604-0
34. Yamprayooswat W., Sittihan S., Jumpathong W., Yasawonga M. Draft genome sequence of thermophilic halotolerant *Aeribacillus pallidus* TD1, isolated from Tao Dam hot spring, Thailand // *Microbiol.* 2019. Vol. 8, No. 17. P. e00204–19. DOI: 10.1128/MRA.00204-19.
35. Harirchi S., Etemadifar Z., Mahboubi A., et al. The effect of calcium/magnesium ratio on the biomass production of a novel thermoalkaliphilic *Aeribacillus pallidus* strain with highly heat-resistant spores // *Curr Microbiol.* 2020. Vol. 77. P. 2565–2574. DOI: 10.1007/s00284-020-02010-6
36. Miyazaki K., Hase E., Tokito N. Complete genome sequence of *Geobacillus* sp. strain E55–1, isolated from mine geyser in Japan // *Microbiol Resour Announc.* 2020. Vol. 9. P. e00339–20. DOI: 10.1128/MRA.00339-20
37. Puopolo R., Gallo G., Mormone A., et al. Identification of a new heavy-metal-resistant strain of *Geobacillus stearothermophilus* isolated from a hydrothermally active volcanic area in southern Italy // *Int J Environ Res Public Health.* 2020. Vol. 17, No. 8. P. 2678. DOI: 10.3390/ijerph17082678
38. Делеган Я.А., Ветрова А.А., Акимов В.Н., и др. Термотолерантные бактерии-нефтедеструкторы, выделенные из проб грунта и воды географически удаленных регионов // *Прикладная биохимия и микробиология.* 2016. Т. 52, № 4. С. 383–391. DOI: 10.7868/S0555109916040024
39. Волкова Е.Н., Здравовцева А.Г., Галушко А.С., и др. Поиск термофильных нефтеразрушающих почвенных бактерий на месте несанкционированной свалки на окраине г. Санкт-Петербурга // *Материалы национальной научно-практической конференции, посвященной памяти д. м. н., профессора Л.Ф. Зыкина: «Зыкинские чтения» / под ред. О.С. Ларионовой, И.А. Сазоновой.* Саратов: Саратовский ГАУ, 2020. С. 41–46.
40. Portillo M.C., Santana M., Gonzalez J.M. Presence and potential role of thermophilic bacteria in temperate terrestrial environments // *Naturwissenschaften.* 2012. Vol. 99. P. 43–53. DOI: 10.1007/s00114-011-0867-z
41. Доржиев С.С., Базарова Е.Г., Розенблюм М.И. Экологический каркас для оптимизации теплового режима почвы на аридных территориях // *Материалы Всероссийской научно-практической конференции: Экология: вчера, сегодня, завтра.* 2019. С. 155–160.

42. Махатков И.Д., Ермолов Ю.В. Температурный режим деятельного слоя верхового болота северной тайги // *Международный журнал прикладных и фундаментальных исследований*. 2015. № 11, ч. 3. С. 400–407.
43. Wong M.L., An D., Caffrey S.M., et al. Roles of thermophiles and fungi in bitumen degradation in mostly cold oil sands outcrops // *Appl Environ Microbiol*. 2015. Vol. 81. P. 6825–6838.
44. Шкадова А.К. Температурный режим почв на территории СССР. Ленинград, 1979. С. 75–81.
45. Марчик Т.П., Ефремов А.Л. Почвоведение с основами растениеводства. Гродно: ГрГУ, 2006. 249 с.
46. Скворцов И.В., Березуцкий М.А. Флора железнодорожных насыпей Приволжской возвышенности // *Поволжский экологический журнал*. 2008. № 1. С. 55–64.
47. Судакова С.С. Особенности флоры железнодорожных путей Ульяновской области // *Вестник Чувашского государственного педагогического университета им. И.Я. Яковлева*. 2013. Т. 2, № 78. С. 150–154.
48. Ворошилова А.А., Дианова Е.В. Окисляющие нефть бактерии — показатели интенсивности биологического окисления нефти в природных условиях // *Микробиология*, 1952. Т. 21, № 4. С. 408–415.
49. Palatinszky M., Herbold C., Jehmlich N., et al. Cyanate as an energy source for nitrifiers // *Nature*. 2015. Vol. 524. P. 105–108. DOI: 10.1038/nature14856
50. Tamura K., Nei M. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees // *Mol Biol Evol*. 1993. Vol. 10. P. 512–526.
51. Chevenet F., Brun C., Banuls A.L., et al. TreeDyn: towards dynamic graphics and annotations for analyses of trees // *BMC Bioinformatics*. 2006. Vol. 7. P. 439. DOI: 10.1186/1471-2105-7-439
52. Dereeper A., Guignon V., Blanc G., et al. Phylogeny.fr: robust phylogenetic analysis for the non-specialist // *Nucleic Acids Res*. 2008. Vol. 36, No. 2. P. 465–469. DOI: 10.1093/nar/gkn180
53. Dereeper A., Audic S., Claverie J.M., Blanc G. BLAST-EXPLORER helps you building datasets for phylogenetic analysis // *BMC Evol Biol*. 2010. Vol. 10. P. 8. DOI: 10.1186/1471-2148-10-8
54. Edgar R.C. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput // *Nucleic Acids Res*. 2004. Vol. 32, No. 5. P. 1792–1797. DOI: 10.1093/nar/gkh340
55. Finore I., Gioiello A., Leone L., et al. *Aeribacillus composti* sp. nov., a thermophilic *bacillus* isolated from olive mill pomace compost // *Int J Syst Evol Microbiol*. 2017. Vol. 67. P. 4830–4835. DOI: 10.1099/ijsem.0.002391
56. Zheng C., Li Z., Su J., et al. Characterization and emulsifying property of a novel bioemulsifier by *Aeribacillus pallidus* YM-1 // *J Appl Microbiol*. 2012. Vol. 13. P. 44–51. DOI: 10.1111/j.1365-2672.2012.05313.x
57. Mnif S., Sayadi S., Chamkha M. Biodegradative potential and characterization of a novel aromatic-degrading bacterium isolated from a geothermal oil field under saline and thermophilic conditions // *Int Biodeterior Biodegradation*. 2014. Vol. 86, part C. P. 258–264. DOI: 10.1016/j.ibiod.2013.09.015
58. Mehete G.T., Dastager S.G., Dharne M.S. Biodegradation of mixed polycyclic aromatic hydrocarbons by pure and mixed cultures of biosurfactant producing thermophilic and thermo-tolerant bacteria // *Sci Total Environ*. 2019. Vol. 679. P. 52–60. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2019.04.376
59. Tao W., Lin J., Wang W., et al. Biodegradation of aliphatic and polycyclic aromatic hydrocarbons by the thermophilic bioemulsifier-producing *Aeribacillus pallidus* strain SL-1 // *Ecotoxicol Environ Saf*. 2020. Vol. 189. P. 1–9. DOI: 10.1016/j.ecoenv.2019.109994
60. Wang L., Tang Y., Wang S., et al. Isolation and characterization of a novel thermophilic *Bacillus* strain degrading long-chain n-alkanes // *Extremophiles*. 2006. Vol. 10, No. 4. P. 347–356. DOI: 10.1007/s00792-006-0505-4
61. Mechri S., Berrouina M.B.E., Benmrad M.O., et al. Characterization of a novel protease from *Aeribacillus pallidus* VP3 with potential biotechnological interest // *Int J Biol Macromol*. 2017. Vol. 94, part A. P. 221–232. DOI: 10.1016/j.ijbiomac.2016.09.112
62. Nazina T.N., Lebedeva E.V., Poltarau A.B., et al. *Geobacillus gargensis* sp. nov., a novel thermophile from a hot spring, and the reclassification of *Bacillus vulcani* as *Geobacillus vulcani* comb. nov // *Int J Syst Evol Microbiol*. 2004. Vol. 54, No. 6. P. 2019–2024. DOI: 10.1099/ijms.0.02932-0
63. Rozanov A.S., Logacheva M.D., Peltek S.E. Draft genome sequences of *Geobacillus stearothermophilus* strains 22 and 53, isolated from the Garga hot spring in the Barguzin river valley of the Russian Federation // *Genome Announc*. 2014. Vol. 2, No. 6. P. e01205–14. DOI: 10.1128/genomeA.01205-14
64. Юницына О.А., Кисиль О.Я., Рудакова В.А. Термофильные бактерии, выделенные из отходов лесопиления, — продуценты ксиланолитических и амилолитических ферментов // *Материалы конференции «Технологии и оборудование химической, биотехнологической и пищевой промышленности»*; 22–24 мая 2019 г. Бийск. С. 433–437.
65. Ахтемова Г.А. Изменение структуры микробного комплекса почвы при использовании продуктов переработки стоков свиноматочных предприятий в качестве удобрения: автореф. дис. ... канд. биол. наук. Санкт-Петербург: ВНИ ИСМ, 1998. 22 с. Режим доступа: <https://dlib.rsl.ru/01000796688>. Дата обращения: 05.05.2008.

REFERENCES

1. Panicker G, Aislabie J, Saul D, Bej AK. Cold tolerance of *Pseudomonas* sp. 30–3 isolated from oil-contaminated soil, Antarctica. *Polar Biol*. 2002;25:5–11.
2. Andreolli M, Albertarelli N, Lampis S, et al. Bioremediation of diesel contamination at an underground storage tank site: a spatial analysis of the microbial community. *World J Microbiol Biotechnol*. 2016;32:6.
3. Yan L, Sinkko H, Penttinen P, Lindström K. Characterization of successional changes in bacterial community composition during bioremediation of used motor oil-contaminated soil in a boreal climate. *Science of the Total Environment*. 2016;542:817–825. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2015.10.144
4. Kim DD, O'Farrell C, Toth CRA., et al. Microbial community analyses of produced waters from high-temperature oil reservoirs reveal unexpected similarity between geographically distant oil reservoirs. *Microb Biotechnol*. 2018;11(4):788–796. DOI: 10.1111/1751-7915.13281
5. Bonch-Osmolovskaja E.A. Термофильные микроорганизмы: обзор и сравнение. *Труды Института микробиологии им. С.Н. Виноградского. М.: МАКС Press*, 2011. P. 5–14. (In Russ.)

6. Wiegel J. Anaerobic alkalithermophiles, a novel group of extremophiles. *Extremophiles*. 1998;2:257–267.
7. Chamkha M, Mnif S, Sayadi S. 2008. Isolation of a thermophilic and halophilic tyrosol-degrading *Geobacillus* from a Tunisian hightemperature oil field. *FEMS Microbiol Lett*. 2008;283:23–29. DOI: 10.1111/j.1574-6968.2008.01136.x
8. Saw JH, Mountain BW, Feng L, et al. Encapsulated in silica: genome, proteome and physiology of the thermophilic bacterium *Anoxybacillus flavithermus* WK1. *Genome Biol*. 2008;9: R161. DOI: 10.1186/gb-2008-9-11-r161
9. Adiguzel A, Ozkan H, Baris O, et al. Identification and characterization of thermophilic bacteria isolated from hot springs in Turkey. *J Microbiol Methods*. 2009;79(3):321–328. DOI: 10.1016/j.mimet.2009.09.026
10. Miñana-Galbis D, Pinzón DL, Loren JG, Manresa A, Oliart-Ros RM. Reclassification of *Geobacillus pallidus* (Scholz et al. 1988) Banat et al. 2004 as *Aeribacillus pallidus* gen. nov., comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2010;60:1600–1604.
11. Pinzón-Martínez DL, Rodríguez-Gómez C, Miñana-Galbis D, et al. Thermophilic bacteria from Mexican thermal environments: isolation and potential applications. *Environ Technol*. 2010;31(8–9):957–966. DOI: 10.1080/09593331003758797
12. Yasawong M, Areekit S, Pakpitchareon A, et al. 2011. Characterization of thermophilic halotolerant *Aeribacillus pallidus* TD1 from Tao Dam Hot Spring, Thailand. *Int J MolSci*. 2011;12(8):5294–5303. DOI: 10.3390/ijms12085294
13. Zheng C, He J, Wang Y, et al. Hydrocarbon degradation and bioemulsifier production by thermophilic *Geobacillus pallidus* strains. *Bioresour Technol*. 2011;102:(9)155–9161.
14. Inan K, Belduz AO, Canakci S. *Anoxybacillus kaynarcensis* sp. nov., a moderately thermophilic, xylanase producing bacterium. *J Basic Microbiol*. 2013;53:410–419.
15. Radchenkova N, Vassilev S, Panchev I, et al. Production and properties of two novel exopolysaccharides synthesized by a thermophilic bacterium *Aeribacillus pallidus* 418. *Appl Biochem Biotechnol*. 2013;171:31–43. DOI: 10.1007/s12010-013-0348-2
16. Cihan AC, Cokmus C, Koc M, Ozcan B. *Anoxybacillus calidus* sp. nov., a thermophilic bacterium isolated from soil near a thermal power plant. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2014;64:211–219.
17. Palanisamy N, Ramya J, Kumar S, et al. Diesel biodegradation capacities of indigenous bacterial species isolated from diesel contaminated soil. *J Environ Heal Sci Eng*. 2014;12:1–8. DOI: 10.1186/s40201-014-0142-2
18. Bryanskaya AV, Rozanov AS, Slynko NM, et al. *Geobacillus icigianus* sp. nov., a thermophilic bacterium isolated from a hot spring. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2015;65:864–869. DOI: 10.1099/ijms.0.000029
19. Delegan JA, Vetrova AA, Chernjavskaja MI, et al. Termotolerantnye aktinomicety kak agenty remediatsii neftezagrnennykh gruntov i vod v usloviyah zharkogo aridnogo klimata. *Izvestiya Tula State University*. 2015(4):248–258. (In Russ.)
20. Filippidou S., Jaussi M., Junier T., et al. Genome sequence of *Aeribacillus pallidus* strain GS3372, an endospore-forming bacterium isolated in a deep geothermal reservoir. *Genome Announc*. 2015;3(4): e00981–15. DOI: 10.1128/genomeA.00981-15
21. Delegan JA. *Termotolerantnye bakterii-destruktory uglevodorodov nefiti* [dissertation]. Pushchino: Pushchino State Institute of Natural Science, 2016. (In Russ.) Available from: <https://dlib.rsl.ru/01008734496>.
22. Mesbaiah FZ, Eddouaouda K, Badis A, et al. Preliminary characterization of biosurfactant produced by a PAH-degrading *Paenibacillus* sp. under thermophilic conditions. *Environ Sci Pollut Res*. 2016;23:14221–14230. DOI: 10.1007/s11356-016-6526-3
23. Poltarau AB, Sokolova DS, Grouzdev DS, et al. Draft genome sequence of *Aeribacillus pallidus* strain 8m3, a thermophilic hydrocarbon-oxidizing bacterium isolated from the Dagang oil field (China). *Genome Announc*. 2016;4(3): e00500–16. DOI: 10.1128/genomeA.00500-16
24. Poltarau AB, Sokolova DS, Grouzdev DS, et al. Draft genome sequence of *Geobacillus subterraneus* strain K, a hydrocarbon-oxidizing thermophilic bacterium isolated from a petroleum reservoir in Kazakhstan. *Genome Announc*. 2016;4(4): e00782–16. DOI: 10.1128/genomeA.00782-16
25. Pugazhendi A, Wazin HA, Qari H, et al. Biodegradation of low and high molecular weight hydrocarbons in petroleum refinery wastewater by a thermophilic bacterial consortium. *Environ Tech*. 2016;2381–2391. DOI: 10.1080/09593330.2016.1262460
26. Nazina TN, Shestakova NM, Semenova EM, et al. Diversity of metabolically active bacteria in water-flooded high-temperature heavy oil reservoir. *Front Microbiol*. 2017;8:707. DOI: 10.3389/fmicb.2017.00707
27. Khan IU, Habib N, Xiao M, et al. *Anoxybacillus sediminis* sp. nov., a novel moderately thermophilic bacterium isolated from a hot spring. *Antonie Van Leeuwenhoek*. 2018;111(12):2275–2282. DOI: 10.1007/s10482-018-1118-5
28. Panosyan H, Di Donato P, Poli A, Nicolaus B. Production and characterization of exopolysaccharides by *Geobacillus thermode-nitrificans* ArzA-6 and *Geobacillus toebii* ArzA-8 strains isolated from an Armenian geothermal spring. *Extremophiles*. 2018;22(5): 725–737. DOI: 10.1007/s00792-018-1032-9
29. Radchenkova N, Vassilev S, Panchev I, et al. Production and properties of two novel exopolysaccharides synthesized by a thermophilic bacterium *Aeribacillus pallidus* 418. *Appl Biochem Biotechnol*. 2013;171:31–43. DOI: 10.1007/s12010-013-0348-2
30. Yadav P, Korpole S, Prasad GS, et al. Morphological, enzymatic screening, and phylogenetic analysis of thermophilic bacilli isolated from five hot springs of Myagdi, Nepal. *J Appl Biol Biotechnol*. 2018;6(3):1–8. DOI: 10.7324/JABB.2018.60301
31. Mantiri FR, Rumende RRH, Sudewi S. Identification of α -amylase gene by PCR and activity of thermostable α -amylase from thermophilic *Anoxybacillus thermarum* isolated from Remboken hot spring in Minahasa, Indonesia. *IOP Conf. Ser.: Earth Environ*. 2019;217:012045. DOI: 10.1088/1755-1315/217/1/012045
32. Mechri S, Bouacem K, ZaráJaouadi N, et al. Identification of a novel protease from the thermophilic *Anoxybacillus kamchatkensis* M1V and its application as laundry detergent additive. *Extremophiles*. 2019;23:687–706. DOI: 10.1007/s00792-019-01123-6
33. Elumalai P, Parthipan P, Narenkumar J et al. Role of thermophilic bacteria (*Bacillus* and *Geobacillus*) on crude oil degradation and biocorrosion in oil reservoir environment. *3 Biotech*. 2019;9:79. DOI: 10.1007/s13205-019-1604-0
34. Yamprayooswat W, Sittihan S, Jumpathong W, Yasawong M. Draft genome sequence of thermophilic halotolerant *Aeribacillus pallidus* TD1, isolated from Tao Dam hot spring, Thailand. *Microbiol*. 2019;8(17): e00204–19. DOI: 10.1128/MRA.00204-19
35. Harirchi S, Etemadifar Z, Mahboubi A, et al. The effect of calcium/magnesium ratio on the biomass production of a novel ther-

- moalkaliphilic *Aeribacillus pallidus* strain with highly heat-resistant spores. *Curr Microbiol.* 2020;77:2565–2574. DOI: 10.1007/s00284-020-02010-6
36. Miyazaki K, Hase E, Tokito N. Complete genome sequence of *Geobacillus* sp. strain E55-1, isolated from mine geyser in Japan. *Microbiol Resour Announc.* 2020;9: e00339–20. DOI: 10.1128/MRA.00339-20
37. Puopolo R, Gallo G, Mormone A, et al. Identification of a new heavy-metal-resistant strain of *Geobacillus stearothermophilus* isolated from a hydrothermally active volcanic area in southern Italy. *Int J Environ Res Public Health.* 2020;17(8):2678. DOI: 10.3390/ijerph17082678
38. Deegan JA, Vetrova AA, Akimov VN, et al. Thermotolerant oil-degrading bacteria isolated from soil and water of geographically distant regions. *Applied biochemistry and microbiology.* 2016;52(4):383–391. (In Russ.) DOI: 10.7868/S0555109916040024
39. Volkova EN, Zdorovceva AG, Galushko AS. Poisk termofil'nyh neferazrushajushih pochvennyh bakterij na meste nesankcionirovannoj svalki na okraine g. Sankt-Peterburga. Proceedings of the National Scientific and Practical Conference dedicated to the memory of Doctor of Medical Sciences, Professor L.F. Zykin "Zykinskie chtenija". Larionova OS, Sazonova IA, eds. Saratov: Saratovskij GAU, 2020. P. 41–46. (In Russ.)
40. Portillo MC, Santana M, Gonzalez JM. Presence and potential role of thermophilic bacteria in temperate terrestrial environments. *Naturwissenschaften.* 2012;99:43–53. DOI: 10.1007/s00114-011-0867-z
41. Dorzhiev SS, Bazarova EG, Rosenblum MI. Jekologicheskij karkas dlja optimizacii teplovogo rezhima pochvy na aridnyh territorijah. Proceedings of the Russian science conference "Jekologija: vchera, segodnja, zavtra". 2019:155–160. (In Russ.)
42. Makhatkov I.D., Ermolov Y.V. The thermal regime of active layer of pit-covered terrain in northern taiga. *Mezhdunarodnyj zhurnal prikladnyh i fundamental'nyh issledovanij.* 2015(11–3):400–407. (In Russ.)
43. Wong ML, An D, Caffrey SM, et al. Roles of thermophiles and fungi in bitumen degradation in mostly cold oil sands outcrops. *Appl Environ Microbiol.* 2015;81:6825–6838.
44. Shkadova AK. *Temperaturnyj rezhim pochv na territorii SSSR.* Leningrad; 1979. P. 75–81. (In Russ.)
45. Marchik TP, Efremov AL. *Pochvovedenie s osnovami rastenievodstva.* Grodno: GrGU, 2006. 249 p. (In Russ.)
46. Skvortsova IV, Berezutski MA. Railway embankment flora in the southern Volga height. *Povolzhskij jekologicheskij zhurnal.* 2008(1):55–64. (In Russ.)
47. Sudakova SS. Features of railway flora of Ulynovsk Region. *I. Yakovlev Chuvash State Pedagogical University Bulletin.* 2013;2(78):150–154. (In Russ.)
48. Voroshilova AA, Dianova EV. Okisljajushhie neft' bakterii — pokazateli intensivnosti biologicheskogo okislenija nefti v prirodnyh uslovijah. *Mikrobiologija.* 1952; XXI(4):408–415. (In Russ.)
49. Palatinszky M, Herbold C, Jehmlich N, et al. Cyanate as an energy source for nitrifiers. *Nature.* 2015;524:105–108. DOI: 10.1038/nature14856
50. Tamura K, Nei M. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Mol Biol Evol.* 1993;10:512–526.
51. Chevenet F, Brun C, Banuls AL, et al. TreeDyn: towards dynamic graphics and annotations for analyses of trees. *BMC Bioinformatics.* 2006;7:439. DOI: 10.1186/1471-2105-7-439
52. Dereeper A, Guignon V, Blanc G, et al. Phylogeny.fr: robust phylogenetic analysis for the non-specialist. *Nucleic Acids Res.* 2008;36(2):465–469. DOI: 10.1093/nar/gkn180
53. Dereeper A, Audic S, Claverie JM, Blanc G. BLAST-EXPLORER helps you building datasets for phylogenetic analysis. *BMC Evol Biol.* 2010;10:8. DOI: 10.1186/1471-2148-10-8
54. Edgar RC. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Res.* 2004;(5):1792–1797. DOI: 10.1093/nar/gkh340
55. Finore I, Gioiello A, Leone L, et al. *Aeribacillus composti* sp. nov., a thermophilic bacillus isolated from olive mill pomace compost. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2017;67:4830–4835. DOI: 10.1099/ijsem.0.002391
56. Zheng C, Li Z, Su J, et al. Characterization and emulsifying property of a novel bioemulsifier by *Aeribacillus pallidus* YM-1. *J Appl Microbiol.* 2012;13(44–51). DOI: 10.1111/j.1365-2672.2012.05313.x
57. Mnif S, Sayadi S, Chamkha M. Biodegradative potential and characterization of a novel aromatic-degrading bacterium isolated from a geothermal oil field under saline and thermophilic conditions. *Int Biodeterior Biodegradation.* 2014;86(C):258–264. DOI: 10.1016/j.ibiod.2013.09.015
58. Mehrete GT, Dastager SG, Dharne MS. Biodegradation of mixed polycyclic aromatic hydrocarbons by pure and mixed cultures of bio-surfactant producing thermophilic and thermo-tolerant bacteria. *Sci Total Environ.* 2019;679:52–60. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2019.04.376
59. Tao W, Lin J, Wang W, et al. Biodegradation of aliphatic and polycyclic aromatic hydrocarbons by the thermophilic bioemulsifier-producing *Aeribacillus pallidus* strain SL-1. *Ecotoxicol Environ Saf.* 2020;189:1–9. DOI: 10.1016/j.ecoenv.2019.109994
60. Wang L, Tang Y, Wang S, et al. Isolation and characterization of a novel thermophilic *Bacillus* strain degrading long-chain n-alkanes. *Extremophiles.* 2006;10(4):347–356. DOI: 10.1007/s00792-006-0505-4
61. Mechri S, Berrouina MBE, Benmrad M O, et al. Characterization of a novel protease from *Aeribacillus pallidus* VP3 with potential biotechnological interest. *Int J Biol Macromol.* 2017;94(A):221–232. DOI: 10.1016/j.ijbiomac.2016.09.112
62. Nazina TN, Lebedeva EV, Poltarau AB, et al. *Geobacillus gargensis* sp. nov., a novel thermophile from a hot spring, and the reclassification of *Bacillus vulcani* as *Geobacillus vulcani* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2004;(6):2019–2024. DOI: 10.1099/ijms.0.02932-0
63. Rozanov AS, Logacheva MD, Peltek SE. Draft genome sequences of *Geobacillus stearothermophilus* strains 22 and 53, isolated from the Garga hot spring in the Barguzin river valley of the Russian Federation. *Genome Announc.* 2014;2(6): e01205–14. DOI: 10.1128/genomeA.01205-14
64. Junicyna OA, Kasil' OJ, Rudakova VA. Termofil'nye bakterii, vydelennye iz othodov lesopilenija, — producenty ksilanoliticheskikh i amiloliticheskikh fermentov. Proceedings of the Russian science conference "Tehnologii i oborudovanie himicheskoi, biotekhnologicheskoi i pishhevoj promyshlennosti"; May 22–24 2019. Bijsk. P. 433–437. (In Russ.)
65. Ahtemova GA. *Izmenenie struktury mikrobnogo kompleksa pochvy pri ispol'zovanii produktov pererabotki stokov svinohtkormochnykh predpriyatij v kachestve udobrenija* [dissertation]. Saint Petersburg: VNI ISM, 1998. 22 p. (In Russ.) Available from: <https://dlib.rsl.ru/01000796688>.

ОБ АВТОРАХ

***Анна Сергеевна Журавлева**, младший научный сотрудник, аспирант; адрес: 195220, Санкт-Петербург, Гражданский просп., д. 14; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7204-9653>; e-Library SPIN: 3084-1394; e-mail: zhuravlan@gmail.com

Елена Николаевна Волкова, д-р с.-х. наук, профессор; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7429-4046>; e-Library SPIN: 6437-9252; e-mail: ele-ven@yandex.ru

Александр Сергеевич Галушко, канд. биол. наук, ведущий научный сотрудник; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0387-7997>; eLibrary SPIN 9759-9942; e-mail: galushkoas@inbox.ru

AUTHORS INFO

***Anna S. Zhuravleva**, junior researcher, PhD student; address: 14 Grazhdanskiy pr., Saint Petersburg, 195220, Russia; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7204-9653>; e-Library SPIN: 3084-1394; e-mail: zhuravlan@gmail.com

Elena N. Volkova, Dr. Sci. (Agriculture), Professor; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7429-4046>; e-Library SPIN: 6437-9252; e-mail: ele-ven@yandex.ru

Alexander S. Galushko, PhD, Cand. Sci. (Biol.), Leading Researcher; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0387-7997>; eLibrary SPIN 9759-9942; e-mail: galushkoas@inbox.ru