

ГЕОЭКОЛОГИЯ

УДК: 579.26

Разнообразие микроорганизмов соляных пород Верхнекамского месторождения солей

А. А. Пьянкова^а, Е. С. Корсакова^а, Б. А. Бачурин^б, Е. Г. Плотникова^а^а Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН – филиал ПФИЦ УрО РАН, 614081, Россия, Пермь, ул. Голева, 13^б Горный институт УрО РАН – филиал ПФИЦ УрО РАН, 614007, Россия, Пермь, ул. Сибирская, 78А. E-mail: peg@iegm.ru

(Статья поступила в редакцию 28.10.2025 г.)

Исследования соляных пород Верхнекамского месторождения солей показали, что в образцах карналлита, каменной соли, мергеля, отобранных с глубины 70,5–411,5 м, присутствуют галофильные/галотолерантные бактерии филумов *Pseudomonadota*, *Actinomycetota*, *Thermodesulfobiota*, *Acidobacteriota* и экстремофильные археи филумов *Halobacteriota*, *Thermoplasmata*, *Candidatus Thaumarchaeota*. Выделенные галотолерантные бактерии являются деструкторами моно(поли)ароматических соединений, могут быть использованы при разработке новых биотехнологий очистки загрязненных/засоленных экосистем.

Ключевые слова: культивируемые и некультивируемые бактерии, археи, галофилы, ген 16S рРНК, клонирование, секвенирование, ароматические загрязнители, бактериальная деструкция.

DOI: 10.17072/psu.geol.25.2.135

Введение

Верхнекамское месторождение (ВКМС), расположенное на северо-востоке Пермского края, является одним из крупнейших в мире по запасам калийно-магниевого руды. Месторождение приурочено к пермской соляной толще, перекрытой соляно-мергелевыми и терригенно-карбонатными отложениями. Наиболее распространенными породами месторождения являются каменная соль, сильвинитовые и карналлитовые породы. В экстремальной геологической среде ВКМС представлены условия для выживания уникальных галофильных и галотолерантных микроорганизмов. Интерес к таким микроорганизмам обусловлен их высоким биотехнологическим потенциалом. Направления практического использования устойчивых к засолению микроорганизмов включают: получение осмопротекторных веществ, биополимеров и ферментов, активных при высокой осмолярности среды; применение в сельскохозяйственной и пищевой промыш-

ленности; биоремедиации загрязненных экосистем. Кроме того, микроорганизмы данной группы являются модельными объектами при изучении эволюционных процессов, активации и стабилизации ферментов, структурно-функциональных взаимодействий белков в экстремальных условиях.

Микробные изоляты, а также нуклеотидные последовательности генов 16S рРНК и функциональных генов были выделены из галитовых отложений в Европе, Восточной Азии, Северной и Южной Америке. Имеются сообщения о культивировании архей и бактерий из древних образцов галита и гипса (Vreeland et al., 2000; Stan-Lotter et al., 2002; Schubert et al., 2009; Saralov et al., 2013; León et al., 2024; Khoshnaw et al., 2025), секвенировании ДНК прокариот (Park et al., 2009; Gramain et al., 2011). Тем не менее микробные сообщества глубинных подземных экосистем, в том числе соляных пород, остаются крайне малоизученными.

Считается, что менее 1 % от реального разнообразия микроорганизмов может быть

© Пьянкова А. А., Корсакова Е. С., Бачурин Б. А., Плотникова Е. Г., 2026



Работа лицензирована в соответствии с CC BY 4.0. Чтобы просмотреть копию этой лицензии, посетите <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>

описано с помощью культуральных методов (Равин и др., 2015). Поэтому для более глубокого изучения разнообразия микроорганизмов в природных местообитаниях в настоящее время все более востребованными становятся культурально-независимые подходы с использованием геномных технологий.

В данной работе представлены результаты исследований филогенетического разнообразия галофильных и/или галотолерантных микроорганизмов глубинных пород карналлита, каменной соли, мергеля ВКМС, полученных с применением микробиологических и молекулярно-генетических методов.

Материалы и методы

Для исследования были взяты образцы глубинных (70,5–411,5 м) пород карналлита, каменной соли, мергеля, отобранных из скважин Половодовского и Белопашнинского участков ВКМС. Образцы соляных пород были предоставлены сотрудниками Горного института УРО РАН (Пермь, Россия).

Перед микробиологическими и молекулярно-генетическими экспериментами проводили тщательную поверхностную стерилизацию отобранных образцов керна (соляных пород): погружение в 10М раствор NaOH (10 мин.), обработка 70 %-ным этанолом (5 мин.), выдерживание под УФ-светом (30 мин.) в ламинарном шкафу. Для экспериментов использовали пробы, полученные из глубины керна (4–7 см от поверхности).

Культуральные методы. Микроорганизмы выделяли методом накопительного культивирования с использованием ряда сред для выращивания галофильных бактерий и архей: ATCC 213 *Halobacterium* medium, JCM 168 и Раймонда (Korsakova et al., 2023; Пьянкова, Краева, 2024), в которых хлорид натрия присутствовал в высоких концентрациях (50–200 г/л). Устойчивость изолятов к различным концентрациям соли оценивали по появлению и размеру колоний при росте на агаризованных средах (перечисленных выше): без добавления NaCl и с содержанием NaCl от 10 до 270 г/л. Способность штаммов разлагать органические соединения оценивали путем культивирования в жидких минеральных средах с добавлением нафталина,

бифенила, орто-фталевой, бензойной, протокатеховой, салициловой кислот.

Молекулярно-генетические методы.

Выделение ДНК из полученных накопительных культур или непосредственно из поверхностно стерилизованного образца соли проводили с применением набора реактивов Fast DNA spin kit for soil (MP Biomedicals, Франция).

Для идентификации выделенных бактерий и архей проводили амплификацию генов 16S рРНК с использованием универсальных бактериальных 27F/1492R и архейных праймеров 109F/958R (Korsakova et al., 2023).

Для установления в образцах соляных пород разнообразия микроорганизмов (в том числе некультивируемых) были получены библиотеки клонов бактериальных и архейных генов 16S рРНК (Пьянкова и др., 2021; Korsakova et al., 2023).

Определение нуклеотидных последовательностей фрагментов бактериальных и архейных генов 16 рРНК проводили на автоматическом секвенаторе Genetic Analyser 3500XL (Applied Biosystems, США). Филогенетический анализ полученных нуклеотидных последовательностей проводился с использованием программ Sequence Scanner v. 2.0., MEGA 7.0 (<http://www.megasoftware.net>) et). Поиск гомологичных последовательностей осуществлялся с использованием баз данных EzBioCloud (<http://www.ezbiocloud.net>) и GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>).

Результаты исследований

В результате проведенных исследований из образцов породы карналлита, отобранных с различной глубины (203,9–308,8 м) разработок ВКМС, были выделены бактерии разных таксономических групп (табл. 1). На основании секвенирования и последующего биоинформационного анализа фрагмента гена 16S рРНК установлено, что исследуемые штаммы были идентифицированы как представители классов *Actinomycetes* (семейство *Micrococcaceae*) (Ястребова, Пьянкова, 2021; Пьянкова, Краева, 2024), *Bacilli* (семейство *Bacillaceae*) (Карташова и др., 2016; Пьянкова, Краева, 2024).

Таблица 1. Культивируемые бактерии из соляных пород ВКМС

Глубина (м)	Штамм	Ближайший типовой штамм по гену 16S рПНК (% сходства)	Ссылка
Карналлит			
203,9	KN25	<i>Virgibacillus salinus</i> CGMCC 1,10449 ^T (99,74 %)	(Пьянкова, Краева, 2024)
254,2	YKS43-1a	<i>Bacillus safensis</i> FO-36b ^T (100 %)	(Карташова и др., 2016)
	43-1	<i>Micrococcus luteus</i> NCTC 2665 ^T (99,59 %)	(Ястребова, Пьянкова, 2021)
308,8	KN12bel	<i>Metabacillus litoralis</i> SW-211 ^T (100 %)	(Пьянкова, Краева, 2024)
	KN12or	<i>Kocuria rosea</i> DSM 20447 ^T (99,62 %)	(Пьянкова, Краева, 2024)
Каменная соль			
239,7	YKS38R	<i>Kocuria rhizophila</i> DSM 11926 ^T (99,86 %)	(Карташова и др., 2016)
	38-1	<i>Micrococcus aloeverae</i> AE-6 ^T (99,93 %)	(Пьянкова и др., 2019; Ястребова, Пьянкова, 2021)
	38-5	<i>Streptomyces coelicoflavus</i> NBRC 15399 ^T (100 %)	(Пьянкова и др., 2019; Ястребова, Пьянкова, 2021)
372,2	69-6	<i>Micrococcus luteus</i> NCTC 2665 ^T (99,13 %)	(Ястребова, Пьянкова, 2021)
411,5	YKS72R1	<i>Dietzia cinnamea</i> IMMIB RIV-399 ^T (99,50 %)	(Карташова и др., 2016)
	72-1	<i>Micrococcus luteus</i> NCTC 2665 ^T (100 %)	(Ястребова, Пьянкова, 2021)

Выделенные бактерии являются галотолерантными организмами, растут на средах как без добавления соли, так и при повышенных концентрациях NaCl (70–150 г/л). Штамм *Virgibacillus* sp. KN25 способен к росту при 200 г/л NaCl (Пьянкова, Краева, 2024). Интересен факт, что выделенные бактерии являются деструкторами ароматических соединений (табл. 2). Так, *Bacillus* sp. YKS43-1a способен использовать в качестве единственного источника углерода и энергии нафталин, бифенил, орто-фталевую, бензойную и салициловую кислоты (Карташова и др., 2016), *Micrococcus* sp. 43-1 – бензойную кислоту (Ястребова, Пьянкова, 2021), а штамм *Kocuria* sp. KN12or – бензойную и протокатеховую кислоты (Пьянкова, Краева, 2024), являющиеся продуктами метаболизма многих поли(моно)ароматических соединений (табл. 2). У *Kocuria* sp. KN12or выявлен ген *benA*, кодирующий бензоат 1,2-диоксигеназу – ключевой фермент деструкции бензоата. Секвенирование и последующий анализ фрагмента гена *benA* показал наибольшее сходство (98,93 %) с *benA*-

генами представителей рода *Kocuria*, изолированными из морской воды (Китай) (Пьянкова, Краева, 2024).

Из образцов **каменной соли** были выделены бактерии класса *Actinomycetes*, близкородственные родам *Micrococcus*, *Streptomyces* и *Dietzia* (табл. 1) (Карташова и др., 2016; Пьянкова и др., 2019; Ястребова, Пьянкова, 2021). Исследуемые штаммы являются галотолерантными организмами, *Micrococcus* sp. 38-1, 69-6, 72-1 способны расти в присутствии NaCl до 70 г/л (Ястребова, Пьянкова, 2021), а штаммы *Kocuria* sp. YKS38R и *Dietzia* sp. YKS72R1 – до 150 г/л (Карташова и др., 2016). Проверка способности исследуемых изолятов к росту на ароматических субстратах показала, что штаммы рода *Micrococcus* могут использовать бензойную кислоту в качестве единственного источника углерода и энергии (Ястребова, Пьянкова, 2021), а штамм *Kocuria* sp. YKS38R – нафталин, бифенил, орто-фталевую, бензойную и салициловую кислоты (табл. 2).

Таблица 2. Бактериальные штаммы из соляных пород ВКМС, способные использовать моно(поли)ароматические соединения в качестве единственного источника углерода и энергии

Штамм	Ароматические соединения	Ссылка
Карналлит		
<i>Bacillus</i> sp. YKS43-1a	нафталин, бифенил, <i>орто</i> -фталевая, бензойная и салициловая кислоты	(Карташова и др., 2016)
<i>Micrococcus</i> sp. 43-1	бензойная кислота	(Ястребова, Пьянкова, 2021)
<i>Kocuria</i> sp. KN12or	бензойная и протокатеховая кислоты	(Пьянкова, Краева, 2024)
Каменная соль		
<i>Kocuria</i> sp. YKS38R	нафталин, бифенил, <i>орто</i> -фталевая, бензойная и салициловая кислоты	(Карташова и др., 2016)
<i>Micrococcus</i> sp. 38-1	бензойная кислота	(Ястребова, Пьянкова, 2021)
<i>Micrococcus</i> sp. 69-6	бензойная кислота	(Ястребова, Пьянкова, 2021)
<i>Micrococcus</i> sp. 72-1	бензойная кислота	(Ястребова, Пьянкова, 2021)

В образце **каменной соли** (с глубины 239,7 м) было исследовано разнообразие бактерий и архей с использованием молекулярно-генетических методов (Пьянкова и др., 2019; Пьянкова и др., 2021). Из накопительной культуры, полученной при культивировании образца соли в жидкой среде ATCC 213 *Halobacterium* medium, была выделена тотальная ДНК, на матрице которой в результате клонирования была создана библиотека **бактериальных генов 16S рРНК**. Полученные последовательности генов 16S рРНК были секвенированы и по результатам проведенного биоинформационного анализа подразделены на 9 групп (операционных таксономических единиц, ОТЕ), которые соответствовали филумам *Pseudomonadota* и *Actinomycetota*. Филум *Pseudomonadota* включал 7 филотипов, относящихся к классам *Alpha*- *Beta*- и *Gammaproteobacteria* (рис. 1). Большая часть клонов (61,74 % от всех бактериальных клонов) представляли род *Pseudomonas* (класс *Gammaproteobacteria*). К классу *Gammaproteobacteria* также были отнесены клоны, близкородственные представителям родов *Serratia* и *Shigella* (семейство *Enterobacteriaceae*) и некультивируемым бактериальным клоном, выявленным в различных природных источниках, таких как арктические донные осадки (GenBank FJ849472), микробиом северного калифор-

нийского морского льва (GenBank JQ207675), заболоченная почва в Китае (GenBank KR148991). Обнаружены филотипы, проявляющие наибольшее сходство с представителями ризосферных бактерий родов *Ralstonia* и *Phyllobacterium*. Среди филума *Actinomycetota* выявлены представители класса *Actinobacteria*, около 20 % клонов от общего их числа содержали последовательности генов 16S рРНК, сходные на уровне 99,72 % с *Rhodococcus qingshengii* JCM15477^T (рис. 1).

Анализ полученных последовательностей генов 16S рРНК **архейных клонов** из образца каменной соли показал, что они разделяются на три ОТЕ и проявляют наибольшее сходство с представителями филумов *Halobacteriota*, *Thermoplasmata* и *Candidatus Thaumarchaeota* (табл. 3). Исследуемые клоны по гену 16S рРНК сходны на уровне 99,35–99,60 % с некультивируемыми архейными клонами, обнаруженными в железомарганцевом месторождении (США) (GenBank JN820168) и почве (Шотландия) (GenBank HQ285262). В то же время исследуемые архейные клоны проявляют низкий уровень сходства (72,93–93,63 %) с типовыми видами родов *Geoglobus*, *Thermococcus*, *Nitrosopumilus* (табл. 3).

Изучено разнообразие некультивируемых форм бактерий и архей в образце **мергеля**, отобранного с глубины 70,5 м, с использова-

нием молекулярно-генетических методов. Полученные **бактериальные клоны** (последовательности генов 16S рРНК) были объединены в 11 ОТЕ, представляющих филумы *Pseudomonadota*, *Actinomycetota* и *Acidobacteriota* (Korsakova et al., 2023). Большинство клонов (44,19 %) принадлежало к представителям рода *Pseudomonas* (класс *Gammaproteobacteria*) (рис. 2). Вторая по величине группа клонов этого класса включала последовательности, сходные на уровне 99,63 % с таковыми штамма *Serratia*

grimesii NBRC 13537^T. Идентифицированы ОТЕ, близкородственные представителям класса *Betaproteobacteria* (роды *Ralstonia* и *Variovorax*) и класса *Alphaproteobacteria* (род *Phyllobacterium*). В пределах филума *Actinomycetota* (23,26 % от общего числа бактериальных клонов) группа клонов класса *Actinobacteria* (11,63 %) представлена единственным родом *Rhodococcus* и проявляет 100 % сходство (по гену 16S рРНК) со штаммом *Rhodococcus erythropolis* NBRC 15567^T (рис. 2).

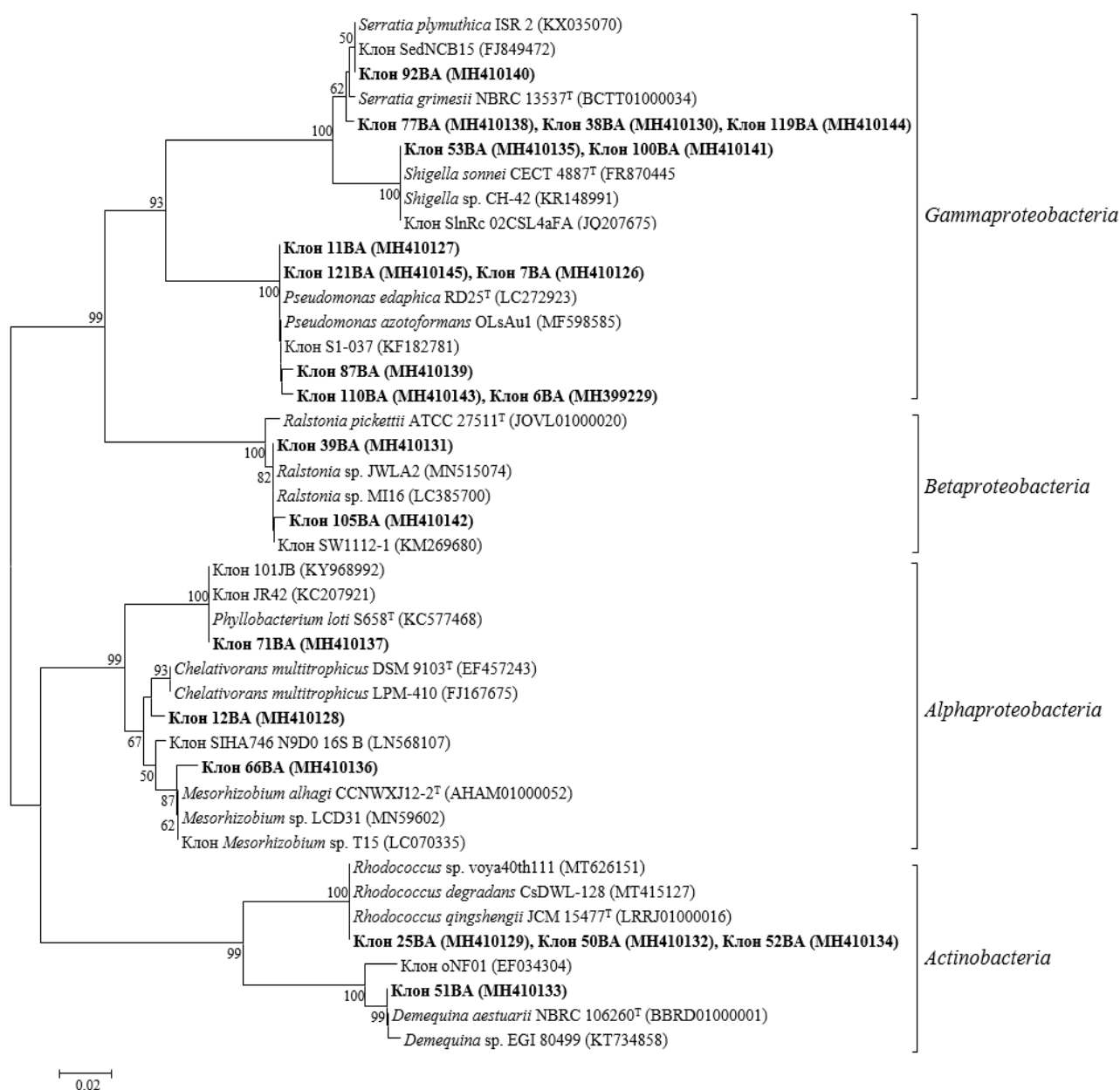


Рис. 1. Филогенетическое дерево, построенное с использованием метода neighbor-joining, показывающее положение исследуемых бактериальных клонов, полученных из образца каменной соли (с глубины 239,7 м), основанное на сравнении нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК. Номера в базе данных GenBank указаны в скобках. Клоны с идентичными генами 16S рРНК перечислены через запятую (Пьянкова и др., 2021)

Таблица 3. Архейные клоны (гены 16S рРНК) из соляных пород ВКМС

Глубина (м)	Клон	Ближайший типовой штамм по гену 16S рРНК (% сходства)	Ссылка
Каменная соль			
239,7	53AR	<i>Geoglobus acetivorans</i> SBH6 ^T (72,93 %)	Данная работа
	54AR	<i>Thermococcus hydrothermalis</i> AL662 ^T (76,32 %)	
	60AR	<i>Nitrosopumilus ureiphilus</i> PS0 ^T (93,63 %)	
Мергель			
70,5	27J, 31J, 28J	<i>Nitrosopumilus ureiphilus</i> PS0 ^T (92,88, 92,39, 93,44 %)	(Korsakova et al., 2023)

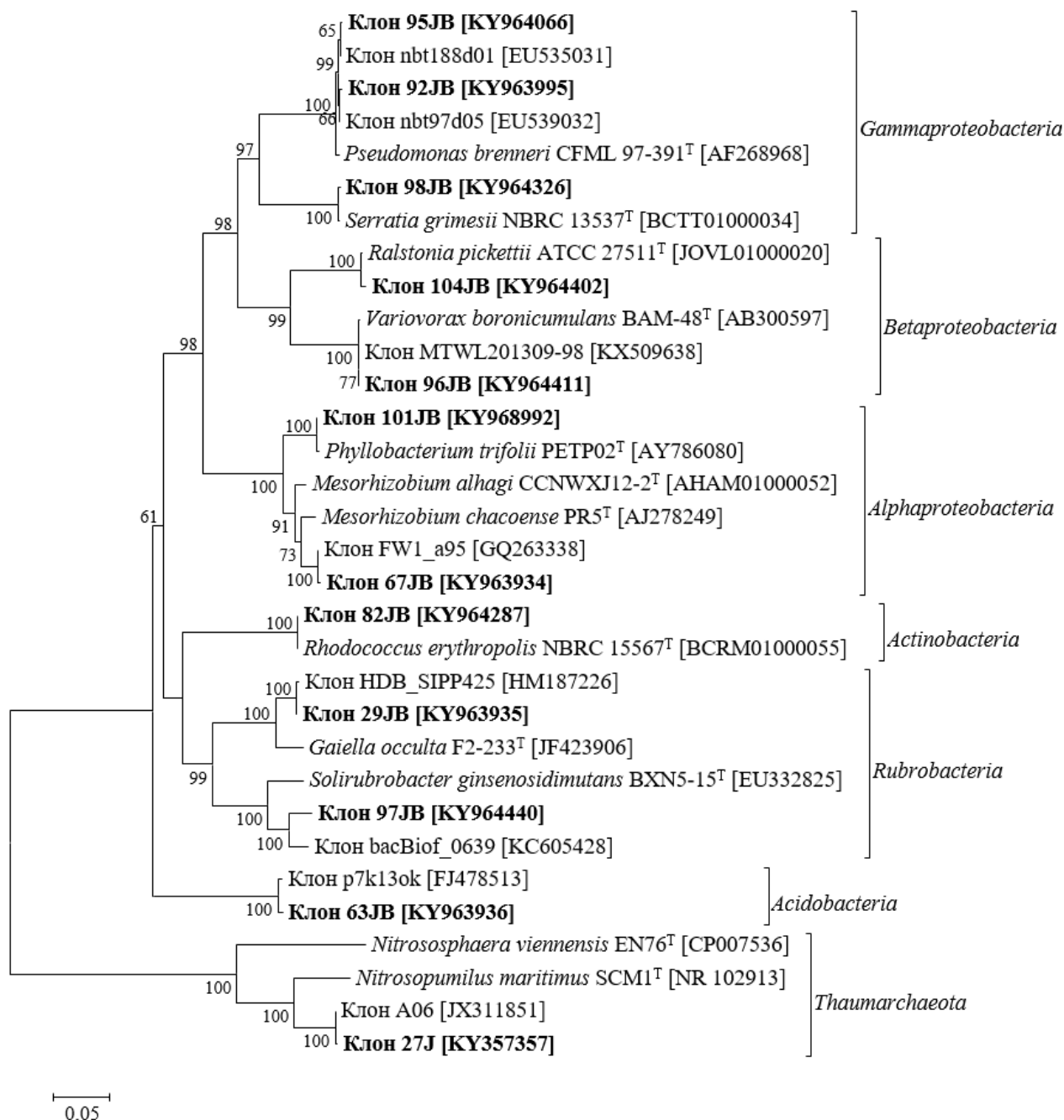


Рис. 2. Филогенетическое дерево, построенное с использованием метода neighbor-joining, на основе последовательностей гена 16S рРНК бактерий и архей, полученных из образцов мергеля, и гомологичных последовательностей из баз данных NCBI и EzBioCloud. В скобках указаны номера последовательностей в базах данных (Korsakova et al., 2023)

Анализ последовательностей генов 16S рРНК архейных клонов показал, что они проявляют наибольшее сходство с археями филума Candidatus *Thaumarchaeota* и сходны на уровне 99,76–100 % с некультивируемым архейным клоном A06 (GenBank JX311851), выделенным из грунтовых вод пермского периода (США) (рис. 2). Типовой штамм *Nitrosopumilus ureiphilus* PS0^T, наиболее близкий по гену 16S рРНК (уровень сходства 92–93 %) исследуемым клоном, был изолирован из прибрежного морского осадка (США) (GenBank KF957664) (табл. 3).

Заключение

С использованием микробиологических и молекулярно-генетических методов выяснено, что в глубинных образцах соляных пород (карналлита, каменной соли, мергеля) ВКМС присутствует большое разнообразие галофильных/галотолерантных бактерий филумов *Pseudomonadota*, *Actinomycetota*, *Thermodesulfobacteria*, *Acidobacteriota*, а также экстремофильных архей филумов *Halobacteriota*, *Thermoplasmata*, Candidatus *Thaumarchaeota*. Обнаружены микроорганизмы, демонстрирующие низкий уровень сходства по гену 16S рРНК с типовыми штаммами известных видов бактерий, что указывает на присутствие в солях (отложениях пермского периода) новых, не описанных ранее таксонов микроорганизмов. У выделенных из соляных пород бактерий выявлена способность разлагать моно(поли)ароматические соединения (в том числе нафталин, бифенил, бензойную кислоту), являющиеся загрязнителями окружающей среды. В перспективе исследуемые бактерии могут быть использованы при разработке биотехнологий очистки загрязненных/засоленных экосистем. Планируется дальнейшее исследование микроорганизмов, обнаруженных в подземных залежах солей Верхнекамского месторождения.

Исследования выполнены в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (124020500028–4). В работе использовано оборудование Центра коллективного

пользования «Исследования материалов и вещества» ПФИЦ УрО РАН.

Библиографический список

Карташова Ю. А., Аликина И. Н., Пьянкова А. А. Микроорганизмы пород глубинных залежей калийных и магниевых солей Верхнекамского месторождения: сборник тезисов 20-й Международной Пущинской школы-конференции молодых ученых «Биология – наука XXI века». Пушино, 2016. С. 22–23.

Пьянкова А. А., Белоглазова Ю. А., Корсакова Е. С., Бачурин Б. А., Плотникова Е. Г. Филогенетическое разнообразие бактерий в каменной соли Верхнекамского месторождения (Пермский край) // Вестник Пермского Университета. Серия: Биология. 2021. Вып. 4. С. 256–262. DOI: 10.17072/1994-9952-2021-4-256-262 EDN: YAGNXA

Пьянкова А. А., Кашапова Л. Э., Плотникова Е. Г. Бактерии глубинной породы каменной соли (Верхнекамское месторождение солей): мат. XI Всерос. конгр. молодых ученых-биологов с межд. участием «Симбиоз-Россия 2019». Пермь: Перм. гос. нац. исслед. ун-т, 2019. С. 65–66. EDN: SKTYUO

Пьянкова А. А., Краева А. В. Культивируемые бактерии соляной породы (карналлита) Верхнекамского месторождения солей (Пермский край): сборник тезисов X Всероссийской Пущинской конференции «Биохимия, физиология и биосферная роль микроорганизмов». М.: ООО «ГЕОС», 2024. С. 34–35. DOI: 10.34756/GEOS.2023.17.39059 EDN: LIKZCV

Равин Н. В., Марданов А. В., Скрыбин К. Г. Метагеномика как инструмент изучения «некультивируемых» микроорганизмов // Генетика. 2015. Т. 51, № 5. С. 519–528. DOI: 10.7868/S0016675815050069 EDN: TPWJPT

Ястребова О. В., Пьянкова А. А. Бактерии рода *Micrococcus*, выделенные из соляной породы Верхнекамского месторождения калийно-магниевых солей: сборник тезисов VII Пущинской школы-конференции «Биохимия, физиология и биосферная роль микроорганизмов». Пушино, 2021. С. 112–113. DOI: 10.34756/GEOS.2021.17.37936 EDN: CJYJJW

Gramain A., Diaz G. C., Demergasso C., Lowenstein T. K., McGenity T. J. Archaeal diversity along a subterranean salt core from the Salar Grande (Chile) // Environ. Microbiol. 2011. Vol. 13, No. 8. P. 2105–2121. DOI: 10.1111/j.1462-2920.2011.02435.x

Khoshnaw A., Akiti B. T., Vincze T., DasSarma P., Fomenkov A., Powers D. W., Roberts R. J., DasSarma S. Genome sequence and methylome profile of *Natrinema pallidum* strain NMX15-1, a halophilic archaeon, from Permian Period halite, Carlsbad, New Mexico // *Microbiol. Resour. Announc.* 2025. Vol. 14, No. 6. Art. e0128724. DOI: 10.1128/mra.01287-24 EDN: FHFAZV

Korsakova E. S., Pyankova A. A., Bachurin B. A., Plotnikova E. G. New data on the phylogenetic diversity of bacteria and archaea in marls of the Verkhnekamsk salt deposit (Russia) // Isaeva E., Rocha Á. (eds) *Science and Global Challenges of the 21st Century – Innovations and Technologies in Interdisciplinary Applications*. Perm Forum 2022. Lecture Notes in Networks and Systems. Springer, Cham. 2023. Vol. 622. P. 507–520. DOI: 10.1007/978-3-031-28086-3_46 EDN: JRTMIK

León M. J., Sánchez-Porro C., de la Haba R. R., Pfeiffer F., Dyall-Smith M., Oksanen H. M., Ventosa A. *Halobacterium hubeiense* sp. nov., a haloarchaeal species isolated from a bore core drilled in Hubei Province, PR China // *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2024. Vol. 74, No. 3. Art. 006296. DOI: 10.1099/ijsem.0.006296

Park J. S., Vreeland R. H., Cho B. C., Lowenstein T. K., Timofeeff M. N., Rosenzweig W. D. Haloarchaeal diversity in 23, 121 and 419 MYA salts // *Geobiology*. 2009. Vol. 7. P. 515–523. DOI: 10.1111/j.1472-4669.2009.00218.x

Saralov A. I., Baslerov R. V., Kuznetsov B. B. *Haloferax chudinovii* sp. nov., a halophilic archaeon from Permian potassium salt deposits // *Extremophiles*. 2013. Vol. 17, No. 3. P. 499–504. DOI: 10.1007/s00792-013-0534-8 EDN: RFGFBP

Schubert B. A., Lowenstein T. K., Timofeeff M. N., Parker M. A. How do prokaryotes survive in fluid inclusions in halite for 30 k.y.? // *Geology*. 2009. Vol. 37, No. 12. P. 1059–1062. DOI: 10.1130/G30448A.1

Stan-Lotter H., Pfaffenhueimer M., Legat A., Busse H.-J., Radax C., Gruber C. *Halococcus dombrovskii* sp. nov., an archaeal isolate from a Permian alpine salt deposit // *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2002. Vol. 52. P. 1807–1814. DOI: 10.1099/00207713-52-5-1807

Vreeland R. H., Rosenzweig W. D., Powers D. W. Isolation of a 250 million-year-old halotolerant bacterium from a primary salt crystal // *Nature*. 2000. Vol. 407. P. 897–900. DOI: 10.1038/35038060

Diversity of Microorganisms in Salt Rocks of the Verkhnekamskoye Salt Deposit

A. A. Pyankova^a, E. S. Korsakova^a, B. A. Bachurin^b, E. G. Plotnikova^a

^aInstitute of Ecology and Genetics of Microorganisms UB RAS, 13 Golev Str., Perm 614081, Russia

^bMining Institute UB RAS, 78A Sibirskaya Str., Perm 614007, Russia

E-mail: peg@iegm.ru

Studies of salt rocks of the Verkhnekamskoye salt deposit have shown that samples of carnallite, rock salt, and marl collected from a depth of 70.5–411.6 m contain halophilic/halotolerant bacteria of the phyla *Pseudomonadota*, *Actinomycetota*, *Thermodesulfobiota*, *Acidobacteriota* and extremophilic archaea of the phyla *Halobacteriota*, *Thermoplasmata*, and "Candidatus *Thaumarchaeota*". The isolated halotolerant bacteria are capable of degrading mono(poly)aromatic compounds and can be used in the development of new biotechnologies for remediation of polluted/saline ecosystems.

Key words: cultured and uncultured bacteria; archaea; halophiles; 16S rRNA gene; cloning; sequencing; aromatic pollutants; bacterial degradation

References

Kartashova Yu. A., Alikina I. N., Pyankova A. A. 2016. Mikroorganizmy porod glubinykh zalezhey kalijnykh i magnievykh soley Verkhnekamskogo mestorozhdeniya [Microorganisms of deep potassium and magnesium salts rocks of the Verkhnekamskoye deposit]. In: *Sbornik tezisov 20 Mezhdunarodnoy Pushchinskoy shkoly-konferentsii molodykh uchenykh «Biologiya – nauka XXI veka»*. Pushchino, pp. 22–23. (in Russian)

Pyankova A. A., Beloglazova Yu. A., Korsakova E. S., Bachurin B. A., Plotnikova E. G. 2021. Filogeneticheskoe raznoobrazie bakteriy v kamennoy soli Verkhnekamskogo mestorozhdeniya (Permskiy kray) [Phylogenetic diversity of bacteria in rock salt of the Verkhnekamskoye deposit (Perm Krai)]. *Bulletin of Perm University. Biology*, 4:256–262. (in Russian) doi: 10.17072/1994-9952-2021-4-256-262

Pyankova A. A., Kashapova L. E., Plotnikova E. G. 2019. Bakterii glubiny porody kamennoy soli (Verkhnekamskoe mestorozhdenie soley) [Bac-

teria of the deep rock salt (Verkhnekamskoe salt deposit)]. In: Materialy XI Vseros. kongr. molodykh uchenykh-biologov «Simbioz-Rossiya 2019». Perm State univ., Perm, pp. 65–66. (in Russian)

Pyankova A. A., Kraeva A. V. 2024. Kultiviruemye bakterii solyanoy porody (karnallita) Verkhnekamskogo mestorozhdeniya soley (Permskiy kray) [Cultivated bacteria of the salt rock (carnallite) of the Verkhnekamskoye salt deposit (Perm Krai)]. In: Cbornik tezisev X Vserossiyskoy Pushchinskoy konferentsii «Biokhimiya, fiziologiya i biosfernaya rol mikroorganizmov». Moskva, OOO «GEOS», pp. 34–35. (in Russian)

Ravin N. V., Mardanov A. V., Skryabin K. G. 2015. Metagenomika kak instrument izucheniya «nekultiviruemykh» mikroorganizmov [Metagenomics as a tool for the investigation of uncultured microorganisms]. Russian J. Genetics, 51(5):519–528. (in Russian) doi: 10.7868/S0016675815050069

Yastrebova O. V., Pyankova A. A. 2021. Bakterii roda *Micrococcus*, vydelennyye iz solyanoy porody Verkhnekamskogo mestorozhdeniya kaliynomagnievykh soley [Bacteria of the genus *Micrococcus* isolated from the salt rock of the Verkhnekamskoye deposit of potassium-magnesium salts]. In: Proc. VII Pushchinskoy shkoly-konferentsii «Biokhimiya, fiziologiya i biosfernaya rol mikroorganizmov». Pushchino, pp. 112–113. (in Russian)

Gramain A., Díaz G. C., Demergasso C., Lowenstein T. K., McGenity T. J. 2011. Archaeal diversity along a subterranean salt core from the Salar Grande (Chile). Environ. Microbiol., 13(8):2105–2121. doi: 10.1111/j.1462-2920.2011.02435.x

Khoshnaw A., Akiti B. T., Vincze T., DasSarma P., Fomenkov A., Powers D. W., Roberts R. J., DasSarma S. 2025. Genome sequence and methylome profile of *Natrinema pallidum* strain NMX15-1, a halophilic archaeon, from Permian Period halite, Carlsbad, New Mexico. Microbiol. Re-

sour. Announc., 14(6):e0128724. doi: 10.1128/mra.01287-24

Korsakova E. S., Pyankova A. A., Bachurin B. A., Plotnikova E. G. 2023. New data on the phylogenetic diversity of bacteria and archaea in marls of the Verkhnekamsk salt deposit (Russia). In: Science and Global Challenges of the 21st Century – Innovations and Technologies in Interdisciplinary Applications. Perm Forum 2022. Lecture Notes in Networks and Systems. Eds. Isaeva E., Rocha Á. Springer, Cham, 622:507–520.

León M. J., Sánchez-Porro C., de la Haba R. R., Pfeiffer F., Dyll-Smith M., Oksanen H. M., Ventosa A. 2024. *Halobacterium hubeiense* sp. nov., a haloarchaeal species isolated from a bore core drilled in Hubei Province, PR China. Int. J. Syst. Evol. Microbiol., 74(3):006296. doi: 10.1099/ijsem.0.006296

Park J. S., Vreeland R. H., Cho B. C., Lowenstein T. K., Timofeeff M. N., Rosenzweig W. D. 2009. Haloarchaeal diversity in 23, 121 and 419 MYA salts. Geobiology, 7:515–523. doi: 10.1111/j.1472-4669.2009.00218.x

Saralov A. I., Baslerov R. V., Kuznetsov B. B. 2013. *Haloferax chudinovii* sp. nov., a halophilic archaeon from Permian potassium salt deposits. Extremophiles, 17(3):499–504. doi: 10.1007/s00792-013-0534-8

Schubert B. A., Lowenstein T. K., Timofeeff M. N., Parker M. A. 2009. How do prokaryotes survive in fluid inclusions in halite for 30 k.y.?. Geology, 37(12):1059–1062. doi: 10.1130/G30448A.1

Stan-Lotter H., Pfaffenhuemer M., Legat A., Busse H.-J., Radax C., Gruber C. 2002. *Halococcus dombrowskii* sp. nov., an archaeal isolate from a Permian alpine salt deposit. Int. J. Syst. Evol. Microbiol., 52:1807–1814. doi: 10.1099/00207713-52-5-1807

Vreeland R. H., Rosenzweig W. D., Powers D. W. 2000. Isolation of a 250 million-year-old halotolerant bacterium from a primary salt crystal. Nature, 407:897–900. doi: 10.1038/35038060