



УДК 579.64:579.26:577.2.083

<https://doi.org/10.26516/2073-3372.2025.54.23>

Метагеномный анализ трансформации микробного сообщества лигноцеллюлозного субстрата под действием фосфор-азотсодержащей ионной жидкости

Д. А. Ярыгин¹, В. Л. Михайленко¹, Ю. С. Букин^{1,3}, С. И. Верхотурова²,
А. А. Орлова¹, А. А. Сигова¹, Г. В. Юринова¹, В. П. Саловарова^{1*}

¹Иркутский государственный университет, г. Иркутск, Россия

²Иркутский институт химии им. А. Е. Фаворского СО РАН, г. Иркутск, Россия

³Лимнологический институт СО РАН, г. Иркутск, Россия

E-mail: mr.dmitry.yarygin@gmail.com

Аннотация. Исследовано влияние предварительной обработки лигноцеллюлозного субстрата (кора смешанных пород) фосфор-азотсодержащей ионной жидкостью – глициний фосфатом – на таксономическое разнообразие аборигенной микробиоты в процессе семисуточного компостирования. Анализ проведён методом полногеномного метагеномного секвенирования (shotgun sequencing). Показано, что добавление 1% ионной жидкости (от массы абсолютно сухого вещества коры) вызывает глубокую перестройку микробного сообщества. Относительная численность *Pseudomonadota* снижается с 78,2% в контроле до 22,8% в опыте, тогда как доля *Actinomycetota* возрастает с 17,1 до 68,6%. На уровне семейств это выражается в резком обогащении *Streptomyetaceae* и *Microbacteriaceae* на фоне подавления доминировавших в контроле *Burkholderiaceae* и *Nitrobacteraceae*. Обсуждается связь наблюдаемой селекции устойчивых таксонов бактериального сообщества с изменением свойств субстрата под действием ионной жидкости, а также потенциальная роль актинобактерий в последующей биодеградации лигноцеллюлозы.

Ключевые слова: лигноцеллюлозный субстрат, ионная жидкость, аборигенная микробиота, метагеномика, актинобактерии, протеобактерии, компостирование.

Финансирование. Исследование выполнено при финансовой поддержке программы поддержки проектов молодых учёных Иркутского госуниверситета (проект № 149/25).

Благодарности. Авторы благодарны С. В. Зинченко за помощь в проведении спектральных исследований.

Для цитирования: Метагеномный анализ трансформации микробного сообщества лигноцеллюлозного субстрата под действием фосфор-азотсодержащей ионной жидкости / Д. А. Ярыгин, В. Л. Михайленко, Ю. С. Букин, С. И. Верхотурова, А. А. Орлова, А. А. Сигова, Г. В. Юринова, В. П. Саловарова // Известия Иркутского государственного университета. Серия Биология. Экология. 2025. Т. 54. С. 23–37. <https://doi.org/10.26516/2073-3372.2025.54.23>

Metagenomic Analysis of the Native Microbial Community Transformation in a Lignocellulosic Substrate by a Phosphorus-Nitrogen-Containing Ionic Liquid

D. A. Yarygin¹, V. L. Mikhailenko¹, Yu. S. Bukin^{1,3}, S. I. Verkhoturova², A. A. Orlova¹, A. A. Sigova¹, G. V. Yurina¹, V. P. Salovarova^{1*}

¹Irkutsk State University, Irkutsk, Russian Federation

²A. E. Favorsky Institute of Chemistry SB RAS, Irkutsk, Russian Federation

³Limnological Institute SB RAS, Irkutsk, Russian Federation

Abstract. The pretreatment of lignocellulosic biomass with ionic liquids (ILs) is a promising strategy to enhance its subsequent bioconversion. However, the impact of these green solvents on the structure and diversity of the native microbial communities inhabiting the substrate remains poorly understood. This study investigates the effect of pretreatment with a phosphorus-nitrogen-containing ionic liquid (glycinium phosphate) on the taxonomic diversity of the indigenous microbiota of a lignocellulosic substrate (mixed-species bark) during a short-term (7-day) composting process at 30°C. The IL was synthesized via acid-base neutralization of glycine and phosphoric acid, and its structure was confirmed by ¹³C and ³¹P NMR spectroscopy. The substrate was treated with a 1% (w/w) aqueous solution of the IL, with untreated substrate serving as a control. Total community DNA was extracted from both control and treated samples and analyzed using whole-metagenome shotgun sequencing on an Illumina NovaSeq platform. Bioinformatic analysis, including taxonomic classification with Kraken2 and abundance estimation with Bracken, revealed a profound restructuring of the microbial community following IL treatment. A dramatic shift was observed at the phylum level, with a sharp decline in the relative abundance of Pseudomonadota (from 78.23% in the control to 22.77% in the treated sample) and a concurrent, substantial increase in Actinomycetota (from 17.10% to 68.57%). At the family and genus levels, this was characterized by a significant enrichment of Streptomycetaceae (*Streptomyces* spp.) and Microbacteriaceae (*Leifsonia* sp.), alongside a reduction in typically dominant taxa such as Burkholderiaceae and Nitrobacteraceae. Alpha diversity analysis indicated a decrease in community evenness at the genus level and an increase in species richness, suggesting both a selective pressure against sensitive taxa and the creation of niches for IL-tolerant, spore-forming, or metabolically versatile actinobacteria. The observed selection of actinobacterial taxa, many of which are renowned for their lignocellulolytic potential, suggests that IL pretreatment may act as a modulator of the resident microbiota, potentially influencing subsequent decomposition processes. Further functional studies are required to confirm this hypothesis.

Keywords: lignocellulosic substrate, ionic liquids, indigenous microbiota, metagenomics, Actinobacteria, Pseudomonadota, composting.

For citation: Yarygin D.A., Mikhailenko V.L., Bukin Yu.S., Verkhoturova S.I., Orlova A.A., Sigova A.A., Yurina G.V., Salovarova V.P. Metagenomic Analysis of the Native Microbial Community Transformation in a Lignocellulosic Substrate by a Phosphorus-Nitrogen-Containing Ionic Liquid. *The Bulletin of Irkutsk State University. Series Biology. Ecology*, 2025, vol. 54, pp. 23-37. <https://doi.org/10.26516/2073-3372.2025.54.23> (in Russian)

Введение

Лигноцеллюлозные субстраты, такие как древесная кора, представляют собой сложный и устойчивый ресурс, богатый целлюлозой, гемицеллюлозами и лигнином [Tree ... , 2023]. Естественное разложение этих полимеров в биосфере осуществляется сообществами специализированных микроорганизмов (аборигенной микробиотой), чьи ферментативные комплексы, включая целлюлазы, гемицеллюлазы и лигниназы, обладают высоким потенциалом для биотехнологических применений, включая производство биотопли-

ва, биопластиков и ценных химических веществ [Microbial ... , 2010]. Однако эффективность этого процесса часто лимитирована прочностью и гетерогенностью структуры лигноцеллюлозного комплекса, главным образом из-за высокой устойчивости лигнина, который экранирует углеводные полимеры от ферментативной атаки [Ojo, 2023; Deconstruction ... , 2021].

Для преодоления этих ограничений широко используются методы предварительной физико-химической обработки лигноцеллюлозы [A Review ... , 2017]. Среди способов химической обработки перспективным направлением является применение ионных жидкостей (ИЖ) – солей, находящихся в жидком состоянии при относительно низких температурах. ИЖ зарекомендовали себя как «зелёные» агенты предварительной обработки, способные эффективно растворять и модифицировать компоненты биомассы, способствуя разрыву водородных и эфирных связей, тем самым значительно повышая доступность полимеров для последующего ферментативного гидролиза [Pretreatment ... , 2017].

В последние годы особое внимание привлекают ионные жидкости на основе аминокислот благодаря их высокой эффективности, меньшей токсичности и лучшей биоразлагаемости по сравнению с традиционными ИЖ на основе имидазола или пиридина [Kirchhecker, Esposito, 2016]. Несмотря на успехи в применении различных классов ИЖ (в том числе и аминокислотных) для предобработки лигноцеллюлозных субстратов [Fu, Mazza, Tamaki, 2010; Ionic ... , 2009; Low ... , 2013; Novel ... , 2012; Lignocellulosic ... , 2022; Enhancing ... , 2022], вопрос о влиянии этих соединений на сложные природные микробные сообщества, ассоциированные с самим субстратом, остаётся малоизученным. Понимание состава аборигенной микробиоты важно не только для описания природных процессов, но и для развития биотехнологий. Именно эти микроорганизмы часто становятся основой промышленных штаммов или источником ферментов для переработки биомассы. При этом воздействие ИЖ может радикально изменить таксономический состав биоты и функциональность, напрямую влияя на эффективность и результат биодеградации.

Целью данного исследования является оценка влияния предварительной обработки лигноцеллюлозного субстрата ионной жидкостью, синтезированной на основе глицина и фосфорной кислоты, на таксономическое разнообразие аборигенной микробиоты в процессе короткого компостирования.

Материалы и методы

Ионную жидкость синтезировали методом кислотно-основной нейтрализации, следуя методике [Effect ... , 2023] с модификациями. Глицин и 85%-ную ортофосфорную кислоту смешивали в мольном соотношении 3:1 в водном растворе. Затем раствор перемешивали на магнитной мешалке в течение 8 ч при 60 °С. Образование целевой соли – глициний фосфата – контролировали путём измерения рН водного раствора и регистрацией спектров ЯМР ^{13}C и ^{31}P . Спектры ЯМР на ядрах ^{13}C и ^{31}P получены на спектрометре DPX 400 (Bruker BioSpin, Германия) (рабочие частоты 101,61 и 161,98 МГц соответственно) в H_2O , внутренний стандарт – ГМДС (^{13}C), внешний стандарт –

85%-ная H_3PO_4 (^{31}P). Спектр ЯМР ^{13}C глициний фосфата, δ , м. д. (H_2O): 40,95 (CH_2); 171,85 ($\text{C}=\text{O}$). Спектр ЯМР ^{31}P глициний фосфата, δ , м. д. (H_2O): 0?45. Полученный 10%-ный водный раствор использовали непосредственно для обработки субстрата.

Субстратом для компостирования служила измельчённая кора деревьев смешанных пород, собранная в лесопарковых зонах г. Иркутска и представлявшая собой лежалый растительный опад с преобладанием коры (исходная влажность 56 %). Навески массой 100 г (44 г а.с.в.) помещали в пластиковые контейнеры объёмом 200 мл. Были сформированы две группы образцов: контрольная и опытная. В опытной группе содержание ионной жидкости доводили до 1 % от массы абсолютно сухой коры. Затем доводили влажность всех образцов до 65 % дистиллированной водой. После увлажнения смесей контейнеры закрывали перфорированными крышками для газообмена и помещали в термостат при 30 °C на 7 сут.

После семидневной инкубации и последующей стабилизации лигноцеллюлозы образцы были подвергнуты метагеномному секвенированию ДНК методом дробовика (shotgun metagenomic sequencing) на приборной базе ООО «АльгаВитаПро» (г. Москва). Тотальную геномную ДНК выделяли с помощью набора Quick-DNA Fungal/Bacterial Microprep Kit/Quick-DNA Fecal/Soil Microbe Microprep Kit (Zymo Research, США) в соответствии с протоколом производителя. Определение концентрации ДНК проводили с использованием флуорометра Qubit 4 (Thermo Fisher Scientific, США). Качество образцов ДНК – наличие высокомолекулярных фрагментов – определяли с помощью капиллярного электрофореза в 1%-ном агарозном геле с использованием биоанализатора 2100 Bioanalyzer (Agilent Technologies, США) согласно инструкции производителя. Подготовка библиотек фрагментов ДНК для высокопроизводительного секвенирования проводилась с помощью набора DNA Prep, (M) Tagmentation (100 нг) (Illumina, США). Секвенирование библиотек фрагментов ДНК проводилось на платформе Illumina Novaseq (XPlus). При секвенировании были получены парноконцевые библиотеки прочтений длиной 2×101 п. н. с качеством прочтения нуклеотидов $Q30 \geq 93,00$ %.

Первичный контроль качества полученных после метагеномного секвенирования сырых файлов с геномными прочтениями формата FASTQ проводился с помощью программы FastQC v.0.12.1 [Wingett, Andrews, 2018]. Адаптеры, технические последовательности и низкокачественные участки удаляли с использованием программы Trimmomatic v.0.4 [Bolger, Lohse, Usadel, 2014]. Удаления контаминаций с ДНК человека (DNA contamination) проводили путём картирования фильтрованных по качеству прочтений на полный геном человека (сборка генома GRCh38) в приложении Bowtie2 v.2.2.3 [Langmead, Salzberg, 2012] с параметрами по умолчанию. Состав сообщества микроорганизмов в метагеномных образцах определяли путём идентификации принадлежности прочтения к определённым таксонам с помощью классификатора Kraken2 v.2.17.1 [Wood, Lu, Langmead, 2019] и стандартной базы данных PlusPFP, включающей археи, бактерии, вирусы, грибы и простей-

ших. Для классификации использовали параметр `--confidence 0,2`, означающий, что для отнесения рида к таксону требовалось совпадение не менее 20 % его *k*-меров с записями в базе данных. Для получения более точных оценок относительной численности таксонов на основе выходных данных Kraken2 использовали программу Bracken v.3.0.1 [2017]. Для корректного последующего сравнения представленности таксонов между группами полученные значения относительного количества прочтений на таксон от Bracken были нормализованы до 100 % для каждого образца.

Таксономические профили визуализировали в виде столбчатых диаграмм с накоплением. Для количественной характеристики внутрисообщенческого разнообразия рассчитывали стандартные показатели: число таксонов (видовое богатство образца), индекс Шеннона (учитывает обилие и равномерность распределения таксонов, более высокие значения соответствуют большему разнообразию), индекс Симпсона (показывает степень доминирования отдельных групп) и обратный индекс Симпсона (эффективное число доминирующих таксонов). Расчёты выполняли в среде R v.4.1.x с использованием пакета `vegan v.2.7-2` [Package ... , 2013]. Сравнение обилия таксонов между контрольной и опытной группами проводили на основе описательной статистики.

Результаты и обсуждение

После предобработки с использованием FastQC и Trimmomatic получены в среднем $14,15 \pm 2,55$ миллионов очищенных ридов на образец. Процент ридов, успешно классифицированных с помощью Kraken2 (при `--confidence 0,2`), составил $24,83 \pm 5,53$ %. Относительно невысокий процент классифицированных ридов может быть связан с консервативным порогом `confidence (0,2)`, установленным для минимизации ложноположительных отнесений, а также с недостаточной представленностью в референсной базе данных микроорганизмов, характерных для исследованного локального субстрата. Тем не менее доли классифицированных ридов сопоставимы между образцами, что позволяет корректно сравнивать их таксономические профили.

В общей сложности идентифицированы 640 (в контрольном образце) и 966 (в образце, обработанном ИЖ) уникальных таксонов (видов), из которых $97,25 \pm 1,15$ % относились к бактериям, $2,75 \pm 1,15$ % – к эукариотам, $0,006 \pm 0,002$ % – к остальным доменам. Преобладание бактериальных таксонов характерно для лигноцеллюлозных субстратов, в которых бактерии играют ключевую роль на начальных стадиях деградации [Dynamic ... , 2014].

Анализ альфа-разнообразия выявил разнонаправленные изменения в зависимости от таксономического уровня (табл. 1). На уровне типов обработка ионной жидкостью привела к снижению числа выявленных таксонов (с 36 до 24), однако индекс Шеннона незначительно вырос (с 1,882 до 1,938), а индекс Симпсона снизился (с 0,254 до 0,192). Это свидетельствует о перестройке сообщества в сторону более равномерного распределения обилия между типами, что указывает на снижение уровня доминирования отдельных групп в обработанных образцах. На видовом уровне при увеличении общего числа видов (с 640 до 966) индекс Шеннона незначительно снизился (с 4,183 до 4,018), а обратный индекс Симпсона вырос (с 15,995 до

20,173). Такое сочетание показателей характерно для сообществ, в которых на фоне появления большого числа редких видов происходит усиление доминирования немногих наиболее адаптированных к условиям обработки форм.

Таблица 1

Влияние обработки фосфор-азотсодержащей ионной жидкостью на альфа-разнообразие микробных сообществ в контрольных и опытных образцах лигноцеллюлозного субстрата

Таксономический уровень	Образец	Число таксонов	Индекс Шеннона	Индекс Симпсона	Обратный индекс Симпсона
Тип	Контроль	36	1,882	0,2540	3,937
	Обработка ИЖ	24	1,938	0,1919	5,209
Семейство	Контроль	136	2,241	0,205	4,871
	Обработка ИЖ	111	1,984	0,209	4,780
Род	Контроль	257	2,816	0,134	7,423
	Обработка ИЖ	256	2,257	0,191	5,229
Вид	Контроль	640	4,183	0,062	15,995
	Обработка ИЖ	966	4,018	0,049	20,173

Снижение альфа-разнообразия после обработки исследуемой ионной жидкостью согласуется с опубликованными данными о селективном воздействии ИЖ на микробные сообщества [The toxic ... , 2019]. Это может быть связано с токсическим действием ИЖ на чувствительные таксоны, созданием селективных условий для ограниченного круга микроорганизмов и изменением доступности субстрата.

Полученные данные в целом свидетельствуют о том, что воздействие ионной жидкости привело к селективному подавлению части аборигенной микробиоты при одновременном увеличении доминирования устойчивых к данному воздействию групп, что указывает на значительное реструктурирование микробного сообщества под влиянием изучаемого соединения.

Обработка лигноцеллюлозного субстрата фосфор-азотсодержащей ионной жидкостью (глициний фосфатом) привела к существенной перестройке структуры аборигенного микробного сообщества в ходе семидневного компостирования. Наиболее выраженные таксономические сдвиги наблюдались на уровне типов (филумов) (рис., а; табл. 2). В контрольных образцах абсолютное доминирование принадлежало бактериям филума Pseudomonadota (78,23 %), что характерно для многих природных сред, включая почвы и растительные остатки. Однако в варианте с ИЖ их доля сократилась более чем в три раза (до 22,77 %) относительно контроля. Одновременно произошло резкое увеличение относительной численности представителей филума Actinomycetota – с 17,10 % в контроле до 68,57 % в опыте, что сделало их ключевым компонентом сообщества. Также почти на порядок выросла доля филума Bacillota (с 0,49 до 7,68 %). Напротив, численность грибкового филума Ascomycota и ряда второстепенных бактериальных филумов (Bacteroidota, Planctomycetota) снизилась. Полученные данные указывают на то, что условия, созданные после обработки ИЖ (возможно, сочетание слаббокислого рН, повышенной доступности фосфора и азота, модификации структуры субстрата), оказались селективными в пользу актинобактерий и, в меньшей степени, фирмикутов.

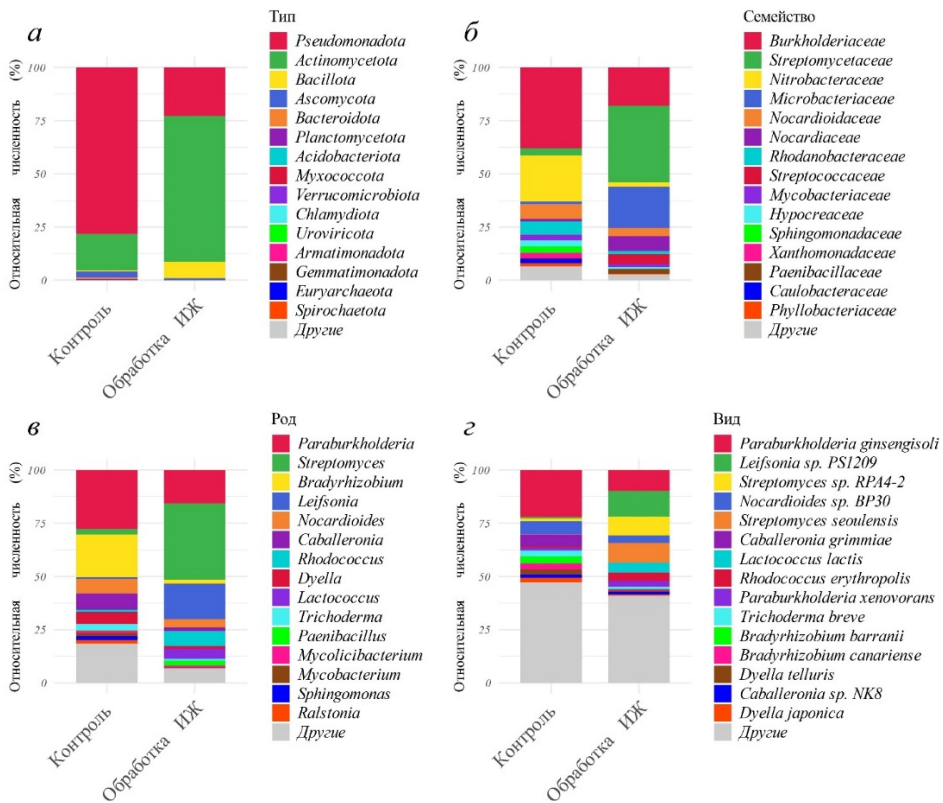


Рис. Таксономическая структура микробных сообществ в контрольном образце лигноцеллюлозного субстрата и после обработки ионной жидкостью (ИЖ) на разных таксономических уровнях: а – тип (филум); б – семейство; в – род; г – вид

Доминирование Proteobacteria (*Pseudomonadota*) в контрольном образце (78 %) согласуется с данными метагеномных исследований других лигноцеллюлозных субстратов, где эта филума также является одной из основных [From lignocellulosic ... , 2016]. Однако резкое увеличение доли Actinobacteria после обработки ИЖ (до 69 %) значительно превышает значения, обычно наблюдаемые в естественных лигноцеллюлозных сообществах (не более 10–15 % по данным Р. А. Батиста-Гарсии с соавторами [From lignocellulosic ... , 2016]), что подчёркивает селективный эффект использованной ионной жидкости.

Доминирование актинобактерий в образце, обработанном ИЖ, хорошо согласуется с данными Л. П. Антунеса с соавторами [Microbial ... , 2016], которые показали, что порядок Actinomycetales является одним из ключевых компонентов термофильных компостных сообществ и активно участвует в деградации лигноцеллюлозы через экспрессию широкого спектра гликозил-гидролаз и вспомогательных окислительных ферментов. В отличие от нашего исследования, где обработка ИЖ привела к резкому доминированию актинобактерий уже на седьмые сутки, в естественном компостировании их доля нарастает постепенно, достигая максимума на более поздних стадиях

ферментации [Microbial ... , 2016]. Это указывает на то, что добавление ионной жидкости ускоряет сукцессию сообщества в сторону специализированных деструкторов.

Анализ изменений на уровне семейств позволил детализировать характер трансформации микробиоты (рис., б; табл. 2). Падение доли Pseudomonadota в опыте было обусловлено главным образом значительным снижением относительной численности семейств Burkholderiaceae (с 37,98 до 18,00 %) и Nitrobacteraceae (с 21,72 до 2,13 %). Существенно сократилось и присутствие других типичных для почв и ризосферы семейств, таких как Sphingomonadaceae, Xanthomonadaceae и Caulobacteraceae. Доминирование Actinomycetota в обработанных ИЖ образцах обеспечивалось значительным ростом представителей двух семейств: Streptomycetaceae (увеличение с 3,29 до 35,91 %) и Microbacteriaceae (с 1,38 до 19,42 %). Прирост также показали семейства Nocardioideaceae и Paenibacillaceae (из филума Bacillota). Указанные семейства актинобактерий широко известны как продуценты гидролитических ферментов и антибиотиков, что предполагает коренное изменение не только таксономического, но и функционального профиля сообщества.

Таблица 2

Сравнительные структурные характеристики микробиоты в контрольных и опытных образцах лигноцеллюлозного субстрата

Таксономический уровень	Название таксона	Контроль, %	После обработки ИЖ, %	Разница, %
Тип	Pseudomonadota	78,23	22,77	-55,46
	Actinomycetota	17,1	68,57	51,47
	Bacillota	0,49	7,68	7,19
	Ascomycota	2,85	0,92	-1,93
	Bacteroidota	0,83	0	-0,83
	Planctomycetota	0,25	0,01	-0,24
	Мухомоцота	0,04	0,01	-0,03
	Verrucomicrobiota	0,01	0	-0,01
	Chlamydiota	0,01	0	-0,01
	Armatimonadota	0,01	0	-0,01
Семейство	Burkholderiaceae	37,98	18	-19,98
	Streptomycetaceae	3,29	35,91	32,62
	Nitrobacteraceae	21,72	2,13	-19,59
	Microbacteriaceae	1,38	19,42	18,04
	Nocardioideaceae	6,85	3,82	-3,03
	Nocardiaceae	1,09	6,99	5,9
	Rhodanobacteraceae	6,21	1,52	-4,69
	Streptococcaceae	0,07	4,62	4,55
	Mycobacteriaceae	2,65	1,37	-1,28
	Гипокреацеае	2,82	0,88	-1,94
	Sphingomonadaceae	3,01	0,09	-2,92
	Xanthomonadaceae	2,58	0,03	-2,55
	Paenibacillaceae	0,22	2,22	2
	Caulobacteraceae	2,09	0,04	-2,05
Phyllobacteriaceae	1,48	0,26	-1,22	

Окончание табл. 2

Таксономический уровень	Название таксона	Контроль, %	После обработки ИЖ, %	Разница, %
Род	<i>Paraburkholderia</i>	27,39	15,58	-11,81
	<i>Streptomyces</i>	2,51	35,6	33,09
	<i>Bradyrhizobium</i>	19,91	1,9	-18,01
	<i>Leifsonia</i>	0,78	16,54	15,76
	<i>Nocardioides</i>	6,75	3,76	-2,99
	<i>Caballeronia</i>	7,53	1,77	-5,76
	<i>Rhodococcus</i>	1,06	6,93	5,87
	<i>Dyella</i>	5,63	1,44	-4,19
	<i>Lactococcus</i>	0,07	4,59	4,52
	<i>Trichoderma</i>	2,79	0,88	-1,91
	<i>Paenibacillus</i>	0,22	2,15	1,93
	<i>Mycolicibacterium</i>	1,13	0,87	-0,26
	<i>Mycobacterium</i>	1,46	0,48	-0,98
<i>Sphingomonas</i>	1,74	0,07	-1,67	
Вид	<i>Paraburkholderia ginsengisoli</i>	22,03	9,78	-12,25
	<i>Leifsonia sp. PSI209</i>	0,74	12,14	11,39
	<i>Streptomyces seoulensis</i>	0,09	9,25	9,16
	<i>Streptomyces sp. RPA4-2</i>	1,23	8,85	7,62
	<i>Caballeronia grimmiae</i>	5,51	0,04	-5,47
	<i>Lactococcus lactis</i>	0,07	4,62	4,55
	<i>Rhodococcus erythropolis</i>	0,68	3,97	3,29
	<i>Bradyrhizobium barranii</i>	3,28	0,23	-3,05
	<i>Nocardioides sp. BP30</i>	6,15	3,47	-2,68
	<i>Streptomyces sp. AM 3-1-1</i>	0,05	2,37	2,33
	<i>Bradyrhizobium diazoefficiens</i>	2,38	0,11	-2,27
	<i>Bradyrhizobium canariense</i>	2,81	0,54	-2,26
	<i>Trichoderma breve</i>	2,80	0,88	-1,92
<i>Bradyrhizobium japonicum</i>	1,97	0,12	-1,85	

Изменения на уровне родов в основном повторяли тенденции, наблюдаемые для семейств, подтверждая глубину таксономического сдвига (см. рис., б; табл. 2). Ключевым следствием обработки ИЖ стало формирование сообщества с выраженным преобладанием родов, относящихся к семействам Streptomycetaceae и Microbacteriaceae, конкретные представители которых будут идентифицированы при дальнейшем анализе. Резкое сокращение доли родов из семейств Burkholderiaceae и Nitrobacteraceae, которые часто включают условно патогенные формы мителотрофов и азотфиксаторов, свидетельствует об их высокой чувствительности к применяемому агенту или к новым условиям среды, созданным после обработки. Таким образом, даже кратковременное воздействие фосфор-азотсодержащей ИЖ приводит к глубокой перестройке микробного сообщества лигноцеллюлозного субстрата, селективно обогащая его устойчивыми таксонами актинобактерий, многие из которых обладают высоким деструктивным потенциалом. Это указывает на возможность направленной модуляции микробиоты с помощью ИЖ для усиления целевых функций, таких как биодegradация, однако требует дальнейшего изучения долгосрочных эффектов и функциональных последствий данных таксономических изменений.

На уровне видов анализ наиболее репрезентативных таксонов (см. рис., в, табл. 2) подтвердил и конкретизировал общие тенденции, выявленные на высших таксономических уровнях. Резкое сокращение доли Pseudomonadota в обработанных образцах проявлялось, в частности, в значительном снижении относительной численности таких видов, как *Paraburkholderia ginsengisoli* (с 22,03 до 9,78 %) и ряда представителей рода *Bradyrhizobium* (*B. barranii*, *B. diazoefficiens*, *B. canariense*, *B. japonicum*). Напротив, мощное (на порядок) доминирование Actinomycetota после обработки ИЖ было обеспечено ростом конкретных видов актинобактерий: *Leifsonia* sp. PS1209 (увеличение с 0,74 до 12,14 %), *Streptomyces seoulensis* (с 0,09 до 9,25 %) и *Streptomyces* sp. RPA4-2 (с 1,23 до 8,85 %). Существенно возросла также доля *Rhodococcus erythropolis* (с 0,68 до 3,97 %). Эти данные наглядно демонстрируют, что селективное влияние ионной жидкости привело не просто к смене филумов или семейств, но к глубокой перестройке видового состава сообщества с выраженным доминированием конкретных, предположительно более устойчивых и адаптированных к изменённым условиям видов актинобактерий, многие из которых известны как активные деструкторы сложных лигноуглеводных полимеров.

Определённые нами закономерности хорошо согласуются с результатами недавних исследований влияния аминокислотных ионных жидкостей на микробные сообщества лигноцеллюлозных субстратов. Так, в работе X. Ma с соавторами [Enhancing ... , 2022] добавление глициний хлорида в компост из рисовой соломы привело к увеличению относительной численности Bacillota (Firmicutes) (в частности, родов *Bacillus* и *Thermoactinomyces*) и Actinobacteria (*Streptomyces*, *Gracilibacillus*), тогда как Proteobacteria были подавлены. Это согласуется с нашими данными, где после обработки фосфор-азотсодержащей ИЖ наблюдалось резкое увеличение доли Actinomycetota (с 17 до 69 %) и Bacillota (с 0,5 до 7,7 %), а доля Pseudomonadota снизилась с 78 до 23 %. Несмотря на различия в субстратах (кора смешанных пород против рисовой соломы) и составе ИЖ (фосфат в сравнении с хлоридом глициния), оба исследования демонстрируют сходную тенденцию: аминокислотные ИЖ способствуют обогащению сообщества бактериями, участвующими в деградации лигноцеллюлозы и синтезе гумуса. Это позволяет предположить, что наблюдаемый нами сдвиг в сторону актинобактерий может быть характерной реакцией микробиоты на обработку аминокислотными ИЖ независимо от типа исходного лигноцеллюлозного материала.

Сходные тенденции в изменении структуры микробного сообщества под действием ионных жидкостей отметили X. Ян с соавторами [Lignocellulosic ... , 2022]: добавление имидазолиевой ИЖ [Bmim][Cl] в компост из опилок и навоза также приводило к увеличению доли Actinobacteria (с 19,8 до 38,5 % в термофильной фазе) и повышению численности родов *Streptomyces*, *Thermobifida* и *Thermomonospora*. Однако в отличие от наблюдаемого нами резкого снижения доли Proteobacteria в цитируемом исследовании их относительное обилие, напротив, возросло с 4,2 до 37,8 %, что может быть связано с использованием другого типа ИЖ (производное имидазола) и иного субстрата. Тем не менее оба исследования подтверждают, что об-

работка ионными жидкостями способствует обогащению сообщества актинобактериями, которые, как известно, участвуют в деградации лигноцеллюлозы.

Функциональная значимость наблюдаемого обогащения актинобактериями подтверждается результатами метагеномного исследования [Metagenomic ... , 2016], которое показывает, что в компостных сообществах, адаптированных к лигноцеллюлозным субстратам, именно актинобактерии являются основными носителями генов углеводов-активных ферментов (CAZymes), составляя до 46 % от их общей численности и обеспечивая деградацию целлюлозы, гемицеллюлозы и лигнина.

Таким образом, результаты разных исследований, включая наше, подтверждают, что обработка ионными жидкостями способствует обогащению сообщества актинобактериями – таксоном, хорошо известным своей важной ролью в биоконверсии лигноцеллюлозы. При этом характер сопутствующих таксономических сдвигов (например, динамика *Proteobacteria* или *Firmicutes*) может варьировать в зависимости от типа ИЖ и субстрата, что открывает перспективы для направленной модуляции микробиоты.

Заключение

Результаты исследования демонстрируют, что даже кратковременное воздействие фосфор-азотсодержащей ионной жидкости (глициний фосфата) вызывает глубокую структурную перестройку аборигенного микробного сообщества лигноцеллюлозного субстрата. Ключевым эффектом является селекция в пользу устойчивых таксонов филума *Actinomycetota*, прежде всего семейств *Streptomycetaceae* и *Microbacteriaceae*, сопровождающаяся резким снижением доли доминировавших в контроле *Pseudomonadota*. Это свидетельствует о том, что обработка ИЖ создаёт новые экологические ниши, благоприятные для развития микроорганизмов с высоким деструктивным потенциалом, что может быть использовано для направленной модуляции микробиоты в биотехнологических целях.

Следует отметить, что в рамках данной пилотной работы метагеномное секвенирование было выполнено в одной повторности на экспериментальное условие, что является распространённой практикой для предварительных исследований ввиду высокой стоимости анализа. Это накладывает определённые ограничения на условия интерпретации результатов, не позволяя применять статистические методы, требующие множественных повторностей, и требует осторожности при прямом сравнении образцов с разной глубиной секвенирования.

Перспективы дальнейших исследований связаны с проведением экспериментов с достаточным числом биологических повторностей, выполнением сборки метагеномов и функциональной аннотации генов, а также интеграцией таксономического и функционального анализов. Необходимо также оценить динамику деградации лигноцеллюлозного субстрата, активность ключевых ферментов и устойчивость сформировавшегося микробного консорциума в условиях более длительного компостирования. Комплексная реализация указанных подходов позволит установить причинно-следственные связи между воздействием ионной жидкости, структурной реорганизацией мик-

робиоты и функциональной эффективностью биодеструкции и лигноцеллюлозного сырья.

Список литературы

A review on the pretreatment of lignocellulose for high-value chemicals / H. Chen, J. Liu, X. Chang, D. Chen, Y. Xue, P. Liu, H. Lin, S. Han // *Fuel Process. Technol.* 2017. Vol. 160. P. 196–206. <https://doi.org/10.1016/j.fuproc.2016.12.007>

Bolger A. M., Lohse M., Usadel B. Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina sequence data // *Bioinformatics*. 2014. Vol. 30, N 15. P. 2114–2120. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu170>

Bracken: Estimating species abundance in metagenomics data / J. Lu, F. P. Breitwieser, P. Thielen, S. L. Salzberg // *PeerJ Comput. Sci.* 2017. Vol. 3. Art. e104. <https://doi.org/10.7717/peerj-cs.104>

Deconstruction of Lignin: From Enzymes to Microorganisms / J. P. Silva, A. R. P. Ticona, P. R. V. Hamann, B. F. Quirino, E. F. Noronha // *Molecules*. 2021. Vol. 26, N 8. Art. 2299. <https://doi.org/10.3390/molecules26082299>

Dynamic changes in the composite microbial system MC1 during and following its rapid degradation of lignocellulose / B. Hua, Y. Lü, J. Wang, B. Wen, Y. Cao, X. Wang, Z. Cui // *Appl. Biochem. Biotechnol.* 2014. Vol. 172, N 2. P. 951–962. <https://doi.org/10.1007/s12010-013-0566-7>

Effect of Soil Washing with an Amino-Acid-Derived Ionic Liquid on the Properties of Cd-Contaminated Paddy Soil / Y. Deng, S. Wang, I. Beadham, X. Gao, M. Ji, G. Wang, C. Zhang, W. Ruan // *Toxics*. 2023. Vol. 11, N 3. Art. 288. <https://doi.org/10.3390/toxics11030288>

Enhancing rice straw compost with an amino acid-derived ionic liquid as additive / H. Ma, I. Beadham, W. Ruan, C. Zhang, Y. Deng // *Bioresour. Technol.* 2022. Vol. 345. Art. 126387. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2021.126387>

From lignocellulosic metagenomes to lignocellulolytic genes: Trends, challenges and future prospects / R. A. Batista-García, M. Del Rayo Sánchez-Carbente, P. Talia, S. A. Jackson, N. D. O'Leary, A. D. W. Dobson, J. L. Folch-Mallol // *Biofuels, Bioproducts and Biorefining*. 2016. Vol. 10, N 6. P. 864–882. <https://doi.org/10.1002/bbb.1709>

Fu D., Mazza G., Tamaki Y. Lignin Extraction from Straw by Ionic Liquids and Enzymatic Hydrolysis of the Cellulosic Residues // *J. Agric. Food Chem.* 2010. Vol. 58, N 5. P. 2915–2922. <https://doi.org/10.1021/jf903616y>

Ionic liquid-mediated selective extraction of lignin from wood leading to enhanced enzymatic cellulose hydrolysis / S. H. Lee, T. V. Doherty, R. J. Linhardt, J. S. Dordick // *Biotechnol. Bioengineer.* 2009. Vol. 102, N 5. P. 1368–1376. <https://doi.org/10.1002/bit.22179>

Kirchhecker S., Esposito D. Amino acid based ionic liquids: A green and sustainable perspective // *Curr. Opin. Green Sustain. Chem.* 2016. Vol. 2. P. 28–33. <https://doi.org/10.1016/j.cogsc.2016.09.001>

Langmead B., Salzberg S. L. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2 // *Nat. Meth.* 2012. Vol. 9, N 4. P. 357–359. <https://doi.org/10.1038/nmeth.1923>

Lignocellulosic depolymerization induced by ionic liquids regulating composting habitats based on metagenomics analysis / H. Yang, Y. Huang, K. Li, P. Zhu, Y. Wang, X. Li, Q. Meng, Q. Niu, S. Wang, Q. Li // *Environ. Sci. Pollut. Res.* 2022. Vol. 29, N 50. P. 76298–76309. <https://doi.org/10.1007/s11356-022-21148-3>

Low melting point pyridinium ionic liquid pretreatment for enhancing enzymatic saccharification of cellulosic biomass / Uju, A. Nakamoto, Y. Shoda, M. Goto, W. Tokuhara, Y. Noritake, S. Katahira, N. Ishida, C. Ogino, N. Kamiya // *Bioresour. Technol.* 2013. Vol. 135. P. 103–108. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2012.06.096>

Metagenomic analysis of microbial consortia enriched from compost: New insights into the role of Actinobacteria in lignocellulose decomposition / C. Wang, D. Dong, H. Wang, K. Müller, Y. Qin, H. Wang, W. Wu // *Biotechnology for Biofuels*. 2016. Vol. 9, N 1. Art. 22. <https://doi.org/10.1186/s13068-016-0440-2>

Microbial community structure and dynamics in thermophilic composting viewed through metagenomics and metatranscriptomics / L. P. Antunes, L. F. Martins, R. V. Pereira, A. M. Thomas, D. Barbosa, L. N. Lemos, G. M. M. Silva, L. M. S. Moura, G. W. C. Epamino, L. A. Digiampietri, K. C. Lombardi, P. L. Ramos, R. B. Quaggio, J. C. F. De Oliveira, R. C. Pascon, J. B. D. Cruz, A. M. Da Silva, J. C. Setubal // *Sci. Rep.* 2016. Vol. 6, N 1. Art. 38915. <https://doi.org/10.1038/srep38915>

Microbial enzyme systems for biomass conversion: Emerging paradigms / M. E. Himmel, Q. Xu, Y. Luo, S.-Y. Ding, R. Lamed, E. A. Bayer // *Biofuels*. 2010. Vol. 1, N 2. P. 323–341. <https://doi.org/10.4155/bfs.09.25>

Novel renewable ionic liquids as highly effective solvents for pretreatment of rice straw biomass by selective removal of lignin / X. D. Hou, T. J. Smith, N. Li, M. H. Zong // *Biotechnol. Bioengineer.* 2012. Vol. 109, N 10. P. 2484–2493. <https://doi.org/10.1002/bit.24522>

Ojo A. An Overview of Lignocellulose and Its Biotechnological Importance in High-Value Product Production // *Fermentation*. 2023. Vol. 9, N 11. Art. 990. <https://doi.org/10.3390/fermentation9110990>

Package ‘vegan’ / J. Oksanen, F. G. Blanchet, R. Kindt, P. Legendre, P. R. Minchin, R. B. O’hara, G. L. Simpson, P. Solymos, M. H. H. Stevens, E. Szoecs, H. Wagner, M. J. Oksanen // *Community Ecology Package*. 2013. Vol. 2 (9). P. 1–295. URL: <https://github.com/vegandevs/vegan>

Pretreatment of Lignocellulosic Biomass with Ionic Liquids and Ionic Liquid-Based Solvent Systems / Q. Hou, M. Ju, W. Li, L. Liu, Y. Chen, Q. Yang // *Molecules*. 2017. Vol. 22, N 3. Art. 490. <https://doi.org/10.3390/molecules22030490>

The Toxic Effect of Herbicidal Ionic Liquids on Biogas-Producing Microbial Community / J. Czarny, A. Piotrowska-Cyplik, A. Lewicki, A. Zgoła-Grzeskowiak, Ł. Wolko, N. Galant, A. Syguda, P. Cyplik // *Int. J. Environ. Res. Publ. Health*. 2019. Vol. 16, N 6. Art. 916. <https://doi.org/10.3390/ijerph16060916>

Tree bark characterization envisioning an integrated use in a biorefinery / T. Vangeel, D. M. Neiva, T. Quilhó, R. A. Costa, V. Sousa, B. F. Sels, H. Pereira // *Biomass Conversion and Biorefinery*. 2023. Vol. 13, N 3. P. 2029–2043. <https://doi.org/10.1007/s13399-021-01362-8>

Wingett S. W., Andrews S. FastQ Screen: A tool for multi-genome mapping and quality control // *F1000Research*. 2018. Vol. 7. Art. 1338. <https://doi.org/10.12688/f1000research.15931.2>

Wood D. E., Lu J., Langmead B. Improved metagenomic analysis with Kraken 2 // *Genome Biol.* 2019. Vol. 20, N 1. Art. 257. <https://doi.org/10.1186/s13059-019-1891-0>

References

Chen H., Liu J., Chang X., Chen D., Xue Y., Liu P., Lin H., Han S. A review on the pretreatment of lignocellulose for high-value chemicals. *Fuel Process. Technol.*, 2017, vol. 160, pp. 196–206. <https://doi.org/10.1016/j.fuproc.2016.12.007>

Bolger A.M., Lohse M., Usadel B. Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics*, 2014, vol. 30, no. 15, pp. 2114–2120. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu170>

Lu J., Breitwieser F.P., Thielen P., Salzberg S.L. Bracken: Estimating species abundance in metagenomics data. *PeerJ Comput. Sci.*, 2017, vol. 3, e104. <https://doi.org/10.7717/peerj-cs.104>

Silva J.P., Ticona A.R.P., Hamann P.R.V., Quirino B.F., Noronha E.F. Deconstruction of Lignin: From Enzymes to Microorganisms. *Molecules*, 2021, vol. 26, no. 8, art. 2299. <https://doi.org/10.3390/molecules26082299>

Hua B., Lü Y., Wang J., Wen B., Cao Y., Wang X., Cui Z. Dynamic changes in the composite microbial system MC1 during and following its rapid degradation of lignocellulose. *Appl. Biochem. Biotechnol.*, 2014, vol. 172, no. 2, pp. 951–962. <https://doi.org/10.1007/s12010-013-0566-7>

Deng Y., Wang S., Beadham I., Gao X., Ji M., Wang G., Zhang C., Ruan W. Effect of Soil Washing with an Amino-Acid-Derived Ionic Liquid on the Properties of Cd-Contaminated Paddy Soil. *Toxics*, 2023, vol. 11, no. 3, 288. <https://doi.org/10.3390/toxics11030288>

Ma H., Beadham I., Ruan W., Zhang C., Deng Y. Enhancing rice straw compost with an amino acid-derived ionic liquid as additive. *Biores. Technol.*, 2022, vol. 345, art. 126387. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2021.126387>

Batista-García R.A., Del Rayo Sánchez-Carbente M., Talia P., Jackson S.A., O’Leary N.D., Dobson A.D.W., Folch-Mallol J.L. From lignocellulosic metagenomes to lignocellulolytic genes: Trends, challenges and future prospects. *Biofuels, Bioproducts and Biorefining*, 2016, vol. 10, no. 6, pp. 864–882. <https://doi.org/10.1002/bbb.1709>

Fu D., Mazza G., Tamaki Y. Lignin Extraction from Straw by Ionic Liquids and Enzymatic Hydrolysis of the Cellulosic Residues. *J. Agric. Food Chem.*, 2010, vol. 58, no. 5, pp. 2915–2922. <https://doi.org/10.1021/jf903616y>

Lee S.H., Doherty T.V., Linhardt R.J., Dordick J.S. Ionic liquid-mediated selective extraction of lignin from wood leading to enhanced enzymatic cellulose hydrolysis. *Biotechnol. Bioengineer.*, 2009, vol. 102, no. 5, pp. 1368–1376. <https://doi.org/10.1002/bit.22179>

- Kirchhecker S., Esposito D. Amino acid based ionic liquids: A green and sustainable perspective. *Curr. Opin. Green Sustain. Chem.*, 2016, vol. 2, pp. 28-33. <https://doi.org/10.1016/j.cogsc.2016.09.001>
- Langmead B., Salzberg S.L. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nat. Meth.*, 2012, vol. 9, no. 4, pp. 357-359. <https://doi.org/10.1038/nmeth.1923>
- Yang H., Huang Y., Li K., Zhu P., Wang Y., Li X., Meng Q., Niu Q., Wang S., Li Q. Ligno-cellulosic depolymerization induced by ionic liquids regulating composting habitats based on meta-genomics analysis. *Environ. Sci. Pollut. Res.*, 2022, vol. 29, no. 50, pp. 76298-76309. <https://doi.org/10.1007/s11356-022-21148-3>
- Uju, Nakamoto A., Shoda Y., Goto M., Tokuhara W., Noritake Y., Katahira S., Ishida N., Ogino C., Kamiya N. Low melting point pyridinium ionic liquid pretreatment for enhancing enzymatic saccharification of cellulosic biomass. *Bioresour. Technol.*, 2013, vol. 135, pp. 103-108. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2012.06.096>
- Wang C., Dong D., Wang H., Müller K., Qin Y., Wang H., Wu W. Metagenomic analysis of microbial consortia enriched from compost: New insights into the role of Actinobacteria in lignocellulose decomposition. *Biotechnology for Biofuels*, 2016, vol. 9, no. 1, art. 22. <https://doi.org/10.1186/s13068-016-0440-2>
- Antunes L.P., Martins L.F., Pereira R.V., Thomas A.M., Barbosa D., Lemos L.N., Silva G.M.M., Moura L.M.S., Epamino G.W.C., Digiampietri L.A., Lombardi K.C., Ramos P.L., Quaggio R.B., De Oliveira J.C.F., Pascon R.C., Cruz J.B.D., Da Silva A.M., Setubal J.C. Microbial community structure and dynamics in thermophilic composting viewed through metagenomics and meta-transcriptomics. *Sci. Rep.*, 2016, vol. 6, no. 1, 38915. <https://doi.org/10.1038/srep38915>
- Himmel M.E., Xu Q., Luo Y., Ding S.-Y., Lamed R., Bayer E.A. Microbial enzyme systems for biomass conversion: Emerging paradigms. *Biofuels*, 2010, vol. 1, no. 2, pp. 323-341. <https://doi.org/10.4155/bfs.09.25>
- Hou X. D., Smith T. J., Li N., Zong M. H. Novel renewable ionic liquids as highly effective solvents for pretreatment of rice straw biomass by selective removal of lignin. *Biotechnol. Bioengineering*, 2012, vol. 109, no. 10, p. 2484-2493. <https://doi.org/10.1002/bit.24522>
- Ojo A. An Overview of Lignocellulose and Its Biotechnological Importance in High-Value Product Production. *Fermentation*, 2023, vol. 9, no. 11, art. 990. <https://doi.org/10.3390/fermentation9110990>
- Oksanen J., Blanchet F.G., Kindt R., Legendre P., Minchin P.R., O'hara R.B., Simpson G.L., Solymos P., Stevens M.H.H., Szoecs E., Wagner H., Oksanen M.J. Package 'vegan'. *Community Ecology Package*, v. 2(9), 2013, pp. 1-295. Available at: <https://github.com/vegandevs/vegan>
- Hou Q., Ju M., Li W., Liu L., Chen Y., Yang Q. Pretreatment of Lignocellulosic Biomass with Ionic Liquids and Ionic Liquid-Based Solvent Systems. *Molecules*, 2017, vol. 22, no. 3, art. 490. <https://doi.org/10.3390/molecules22030490>
- Czarny J., Piotrowska-Cyplik A., Lewicki A., Zgoła-Grzeškowiak A., Wolko Ł., Galant N., Syguda A., Cyplik P. The Toxic Effect of Herbicidal Ionic Liquids on Biogas-Producing Microbial Community. *Int. J. Environ. Res. Publ. Health*, 2019, vol. 16, no. 6, art. 916. <https://doi.org/10.3390/ijerph16060916>
- Vangeel T., Neiva D.M., Quilhó T., Costa R.A., Sousa V., Sels B.F., Pereira H. Tree bark characterization envisioning an integrated use in a biorefinery. *Biomass Conversion and Biorefinery*, 2023, vol. 13, no. 3, pp. 2029-2043. <https://doi.org/10.1007/s13399-021-01362-8>
- Wingett S.W., Andrews S. FastQ Screen: A tool for multi-genome mapping and quality control. *F1000Research*, 2018, vol. 7, art. 1338. <https://doi.org/10.12688/f1000research.15931.2>
- Wood D.E., Lu J., Langmead B. Improved metagenomic analysis with Kraken 2. *Genome Biol.*, 2019, vol. 20, no. 1, art. 257. <https://doi.org/10.1186/s13059-019-1891-0>

Сведения об авторах**Ярыгин Дмитрий Андреевич**

магистрант

Иркутский государственный университет
Россия, 664003, г. Иркутск, ул. К. Маркса 1,
e-mail: mr.dmitry.yarygin@gmail.com

Михайленко Валентина Львовна

кандидат химических наук, доцент

Information about the authors**Yarygin Dmitry Andreevich**

Undergraduate

Irkutsk State University
1, K. Marx st., Irkutsk, 664003,
Russian Federation
e-mail: mr.dmitry.yarygin@gmail.com

Mikhailenko Valentina Lvovna

Candidate of Science (Chemistry),

*Иркутский государственный университет
Россия, 664003, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 1
e-mail: mival63@gmail.com*

*Associate Professor
Irkutsk State University
1, K. Marx st., Irkutsk, 664003,
Russian Federation
e-mail: mival63@gmail.com*

Букин Юрий Сергеевич
*кандидат биологических наук,
старший научный сотрудник
Лимнологический институт СО РАН,
Россия, 664033, Иркутск, ул.
Улан-Баторская, 3
доцент
Иркутский государственный университет
Россия, 664003, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 1
e-mail: bukinyura@mail.ru*

Bukin Yuri Sergeevich
*Candidate of Science (Biology),
Senior Research Scientist
Limnological Institute SB RAS
3, Ulan-Batorskaya st., Irkutsk, 664033,
Russian Federation
Associate Professor
Irkutsk State University
1, K. Marx st., Irkutsk, 664003,
Russian Federation
e-mail: bukinyura@mail.ru*

Верхотурова Светлана Ильясовна
*кандидат химических наук,
старший научный сотрудник
Иркутский институт химии
им. А. Е. Фаворского СО РАН
Россия, 664033, г. Иркутск,
ул. Фаворского, 1
e-mail: verkhoturova@irioc.irk.ru*

Verkhoturova Svetlana Ilyasovna
*Candidate of Sciences (Chemistry),
Senior Research Scientist
A. E. Favorsky Irkutsk Institute
of Chemistry SB RAS
1, Favorsky st., Irkutsk, 664033,
Russian Federation
e-mail: verkhoturova@irioc.irk.ru*

Орлова Анастасия Алексеевна
*Магистрант
Иркутский государственный университет
Россия, 664003, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 1
e-mail: nastay.orlowa2002@yandex.ru*

Orlova Anastasiya Alekseevna
*Undergraduate
Irkutsk State University
1, K. Marx st., Irkutsk, 664003,
Russian Federation
e-mail: nastay.orlowa2002@yandex.ru*

Сигова Анна Александровна
*магистрант
Иркутский государственный университет
Россия, 664003, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 1
e-mail: sigovaann02@gmail.com*

Sigova Anna Alexandrovna
*Undergraduate
Irkutsk State University
1, K. Marx st., Irkutsk, 664003,
Russian Federation
e-mail: sigovaann02@gmail.com*

Юринова Галина Валерьевна
*кандидат биологических наук., доцент
Иркутский государственный университет
Россия, 664003, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 1
e-mail: yurinova@yandex.ru*

Yurinova Galina Valerievna
*Candidate of Sciences (Biology),
Associate Professor
Irkutsk State University
1, K. Marx st., Irkutsk, 664003,
Russian Federation
e-mail: yurinova@yandex.ru*

Саловарова Валентина Петровна
*доктор биологических наук, профессор
заведующий кафедрой
Иркутский государственный университет
Россия, 664003, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 1
e-mail: vsalovarova@gmail.com*

Salovarova Valentina Petrovna
*Doctor of Sciences (Biology),
Professor, Head of Department
Irkutsk State University
1, K. Marx st., Irkutsk, 664003,
Russian Federation
e-mail: vsalovarova@gmail.com*