

## БАКТЕРИАЛЬНЫЕ СООБЩЕСТВА АКТИВНОГО ИЛА ОЧИСТНЫХ СООРУЖЕНИЙ г. ПЕРМИ (РОССИЯ)

Максимова Ю. Г., Бурлуцкая Е. Ю., Максимов А. Ю.

## BACTERIAL COMMUNITIES OF ACTIVATED SLUDGE AT TREATMENT PLANTS IN PERM (RUSSIA)

Maksimova Yu. G., Burlutskaya E. Yu., Maksimov A. Yu.

### Аннотация

**Введение.** Изучение биоразнообразия активных илов может служить основой для выбора альтернативных путей утилизации избытков активного ила. **Цель исследования:** изучение разнообразия бактериального сообщества активных илов муниципальных и промышленных биологических очистных сооружений (БОС) г. Перми методом метагеномного секвенирования и определение возможности накопления полигидроксиалканоатов биомассой смешанных культур. **Методы:** метагеномное секвенирование генов 16S рРНК, эпифлуоресцентная микроскопия, атомно-абсорбционный метод определения концентрации тяжелых металлов. **Результаты:** изучено биоразнообразие активных илов коммунально-бытовых БОС, нефтеперерабатывающего (ПНОС) и целлюлозно-бумажного (ПЦБК) предприятий Перми (Россия). Показано, что доминирующими филумами домена *Bacteria* во всех исследуемых образцах являлись *Proteobacteria*, *Firmicutes* и *Bacteroidetes*, причем доля *Proteobacteria* в активном иле муниципальных БОС составляла 55 %, промышленных — от 26 (ПНОС) до 62 % (ПЦБК). В активном иле очистных сооружений ПНОС преобладали *Firmicutes* (45 %), а доминирующим семейством являлось *Peptostreptococcaceae* (61 %). В активном иле анаэробной и аэробной зоны аэротенка муниципальных БОС доминировал род *Acinetobacter* — 12 и 44 % соответственно, в очистных сооружениях ПЦБК — *Sulfuricurvum* sp. (17 %), ПНОС — *Romboutsia* sp. (50 %). Показано, что после выращивания биомассы активных илов на среде с бутиратом натрия, лимитированной по азоту, клетки всех образцов содержат включения полигидроксиалканоатов, что может рассматриваться как вариант использования избытков активного ила.

**Ключевые слова:** активный ил, метагеномика, бактериальное разнообразие, полигидроксиалканоаты.

### Введение

Биоразнообразие активных илов формируется микроорганизмами разных систематических групп, однако именно прокариотам принадлежит главенствующая роль в процессах очистки сточных вод. На соотношение различных филогенетических групп домена *Bacteria* могут

### Abstract

Studying activated sludge biodiversity can serve as a basis for choosing alternative ways for disposal of excess activated sludge. The purpose of the study was to explore diversity of the activated sludge bacterial community at municipal and industrial biological wastewater treatment plants (BWWTPs) in Perm using the method of metagenomic sequencing and determine the possibility of accumulating polyhydroxyalkanoates with a biomass of mixed cultures. The following methods were used: metagenomic sequencing of 16S rRNA genes, epifluorescence microscopy, atomic absorption method for determination of heavy metals concentration. As a result, biodiversity of activated sludge at municipal BWWTPs, an oil refinery (OR) and a pulp-and-paper mill (PPM) (Perm, Russia) was analyzed. It was shown that *Proteobacteria*, *Firmicutes* and *Bacteroidetes* were the dominant phyla of the *Bacteria* domain in all samples studied, with *Proteobacteria* in activated sludge at the municipal BWWTPs being 55 %, industrial BWWTPs — from 26 (OR) to 62% (PPM). Activated sludge at OR treatment facilities was dominated by *Firmicutes* (45 %), and the dominant family was *Peptostreptococcaceae* (61 %). In activated sludge of the anaerobic and aerobic zones of the aerotank at municipal BWWTPs, the *Acinetobacter* genus dominated — 12 and 44 %, respectively, at PPM treatment facilities — *Sulfuricurvum* sp. (17 %), OR treatment facilities — *Romboutsia* sp. (50 %). It was shown that after growing the biomass of activated sludge in the nitrogen-limited medium with sodium butyrate, the cells of all samples contained inclusions of polyhydroxyalkanoates. Polyhydroxyalkanoates production can be considered as an option for the use of excess activated sludge.

**Keywords:** activated sludge, metagenomics, bacterial diversity, polyhydroxyalkanoates.

влиять такие физико-химические факторы, как химический состав воды, pH, присутствие загрязняющих веществ и их концентрация, температура, содержание растворенного кислорода. Одним из современных методов, позволяющим получить наиболее полную информацию о составе микробного сообщества, является метод

метагеномного секвенирования генов 16S рРНК. В последнее время метагеномные исследования широко используются для изучения микробных сообществ различных экологических ниш, в том числе ряд работ посвящен изучению метагенома активных илов [8, 10, 13–16, 21, 22, 30, 33–35]. Так, методом метагеномного секвенирования изучено биоразнообразие активного ила муниципальных сточных вод [14, 30, 35], сталелитейных предприятий [21], системы очистки сточных вод угольных шахт [22], общей станции очистки сточных вод, обрабатывающей стоки фармацевтических, химических и лакокрасочных производств [33], нефтеперерабатывающего [16, 34], текстильного, фармацевтического производства, предприятия синтеза акриловых полимеров, окраски тканей, обработки сыворотки, производства кормов для домашних животных [16]. Информация о микробном разнообразии активных илов расширяет представление об участии бактерий разных систематических групп в круговороте биогенных элементов, и, кроме того, может служить основой для выбора альтернативных путей утилизации избытков активного ила.

Одной из основных проблем биологической обработки сточных вод является накопление избытка активного ила, которые необходимо утилизировать. Известны различные подходы к этой проблеме: анаэробная переработка, сжигание, пиролиз, получение сингаза [27], использование активного ила в качестве удобрений [5], карбонизация с целью получения адсорбентов [31], получение полезных веществ из активного ила, например, извлечение металлов, получение ферментов, протеинов, биопестицидов и биопластика [27].

Полигидроксиалканоаты (ПГА) — запасные питательные вещества микроорганизмов, биodeградебельные полиэфиры, которые являются экологически безопасной альтернативой пластику, производимому нефтехимической промышленностью. ПГА могут быть получены не только из биомассы микроорганизмов-суперпродуцентов, но и синтезированы смешанными культурами. Ряд исследователей рассматривает потенциал активных илов как источника ПГА [6, 7, 9, 20, 25, 26, 28]. Процесс получения ПГА из активного ила может включать несколько стадий: 1) обработка сточных вод с обогащением и производ-

ством биомассы, накапливающей ПГА; 2) ацидогенная ферментация активного ила для получения летучих жирных кислот; 3) аккумуляция ПГА биомассой на среде с летучими жирными кислотами; 4) выделение ПГА и их характеристика [25]. Известно, что микроорганизмы накапливают ПГА в клетках при недостатке биогенных элементов (в основном азота и фосфора) в среде и избытке источника углерода. Cavaillé с соавторами было показано, что около 40 % бактериального сообщества активных илов из культуры, лимитированной по фосфору, представлено *Acinetobacter* sp., *Zoogloea* sp. и *Simplicispira* sp. [6], причем *Acinetobacter* и *Zoogloea* являются типичными продуцентами ПГА в активном иле.

В связи с вышесказанным целью работы явилось изучение разнообразия бактериального сообщества активных илов муниципальных и промышленных БОС г. Перми методом метагеномного секвенирования и определение возможности накопления ПГА биомассой смешанных культур.

#### Материалы и методы

Пробы активных илов отобраны в апреле 2017 г. на коммунальных биологических очистных сооружениях г. Перми (ООО «Новогор-Прикамье») и ООО «ЛУКОЙЛ-Пермнефтеоргсинтез» (ПНОС), в мае 2017 г. на БОС Пермского целлюлозно-бумажного комбината (ПЦБК). До выделения ДНК пробы хранили при температуре 5 °С.

Препараты хромосомной ДНК бактерий получали фенольным методом [1].

Проводили метагеномный анализ исследуемых образцов по генам 16S рРНК на платформах MiSeq и Ion Torrent PGM. Приготовление библиотеки для секвенирования проводили в соответствии с инструкциями и протоколами для секвенаторов MiSeq и Ion Torrent PGM (Roche Kara Library Prep Kit Illumina 50 Rxn / Набор КАРА). Для получения необходимых ПЦР фрагментов использовали 2 раунда ПЦР. Использовали нуклеотидные последовательности основных праймеров для региона 16S rRNA:

V1F GAGTTTGATCMTGGCTCAG;

V3R WTTACCGCGGCTGCTGG.

Структура праймеров с адаптером для секвенса региона 16S rRNA (V1E9F и V2E10R):

- Прямой праймер 5' — TTTCCCAGTCACG ACGTTGAGTTTGATCMTGGCTCAG -3';

- Обратный праймер 5' — ТААТАСГАСТСА СТАТАГГГВТТАСССГСГГСТГСТГГ -3'

Для секвенирования по гену 16S рРНК и точной обработке данных каждый образец был помечен MIDом. Структура праймеров с адаптером и MIDом:

- Прямой праймер 5' — CGTATCGCCTCCSTCGCGCCATCAG-MID-праймер-3'

- Обратный праймер 5' — STATGCGCCTTGCCAGCCCGCTCAG-MID-праймер-3'.

Праймеры были синтезированы ООО «Евроген» (Россия). ПЦР проводили набором Tersus PCR kit (ООО «Евроген», Россия). Первый раунд ПЦР проводили в 25 мкл реакционной смеси, содержащей 10 мкл 10х буфера; 2,5 мкл dNTP; 1 единицу активности Tersus-полимеразы; 1 мкл хромосомной ДНК, по 20 пмоль праймеров, и H<sub>2</sub>O до 25 мкл. Реакцию проводили в амплификаторе «Т-100» фирмы «Bio-Rad». Режим амплификации: 95 °С — 5' ([95 °С — 30''; 57 °С — 30''; 72 °С — 30''] 25 циклов) 72 °С — 5'; 10 °С. После амплификации наличие ПЦР продуктов проверяли в 1,5 %-ном агарозном геле. Далее проводили второй раунд ПЦР, в котором на полученные ПЦР-фрагменты добавляли MIDы. Второй раунд ПЦР проводили в 50 мкл реакционной смеси, содержащей 10 мкл 10х буфера; 2,5 мкл dNTP; 1 единицу активности Tersus-полимеразы; 5 мкл ПЦР-микса после первого раунда амплификации, по 20 пмоль праймеров, и H<sub>2</sub>O до 50 мкл. Реакцию проводили в амплификаторе «Т-100», фирмы «Bio-Rad». Режим амплификации: 95 °С — 2' ([95 °С — 30''; 57 °С — 30''; 72 °С — 30''] 10 циклов) 72 °С — 5'; 10 °С. Длина ПЦР продукта (после отжига адаптера и довшенного MIDа) равнялась 534 пн. После второго раунда амплификации наличие ПЦР продуктов проверяли в 1,5 %-ном агарозном геле. После визуализации фрагментов проводили двойную очистку каждого ампликона при помощи частиц AMPure XP по протоколу, рекомендуемому фирмой «Roche». Далее оценивали концентрацию каждого ампликона, используя Quant-it Picogreen dsDNA Assay Kit, и смешивали ампликоны в эквимольном количестве до конечной концентрации каждого

ампликоне в пуле 5 нг. Качество библиотеки проверяли на биоанализере Agilent 2100.

Дальнейшие секвенирования полученной библиотеки проводили по протоколу для секвенаторов MiSeq и Ion Torrent PGM. Из полученных данных на MiSeq проводили фильтрацию химерных ридов при помощи алгоритма Uchime\* (часть программы Userach v7.0). Анализ фильтрованных данных секвенирования проводили по базе данных Ribosomal Database Project (RDP) <http://rdp.cme.msu.edu/>.

Концентрацию тяжелых металлов определяли атомно-абсорбционным методом на спектрофотометре AA-6300 SHIMADZU (Япония). Для этого пробы воздушно-сухого активного ила смешивали с 5 М азотной кислотой в соотношении 1 : 5, выдерживали на кипящей водяной бане в течение 3 ч, фильтровали, доводили до 50 мл дистиллированной водой.

Культивирование активных илов проводили на минеральной солевой среде состава (г/л): КН<sub>2</sub>Р<sub>4</sub> — 1, К<sub>2</sub>НР<sub>4</sub>×3Н<sub>2</sub>О — 3,75, NaCl — 0,5; микроэлементы, 0,1 М NH<sub>4</sub>Cl, 0,05 М бутират Na, при 22 °С на шейкере со скоростью вращения 100 об/мин в течение 5 суток. Производили 4 пересева на свежую питательную среду, отбирая надосадочную жидкость. Следующий пересев производили на среду, дефицитную по азоту, которая содержала тот же состав солей и микроэлементов, 0,2 М бутират Na и не содержала источника азота, культивировали 5 суток, после чего делали мазки для микроскопии.

Включения ПГА в клетках выявляли в световом микроскопе Leica DM LS при увеличении в 1000 раз после окраски мазков флуоресцентным красителем Nile Blue A (Fluca). Окрашивание проводили по методике [23].

#### Результаты исследования и обсуждение

Проведен метагеномный анализ бактериального сообщества образцов активного ила коммунальных (кБОС) и промышленных (ПНОС, ПЦБК) БОС. Показано, что основными филумами домена *Bacteria*, представленными в активном иле как промышленных, так и коммунально-бытовых очистных сооружений, являлись *Proteobacteria*, *Firmicutes* и *Bacteroidetes* (рис. 1). Среди бактериальных филумов активного ила как аэробных, так и анаэробных зон муниципальных БОС и очистных сооружений целлюлозно-

бумажного комбината преобладал филум *Proteobacteria*, тогда как в активном иле очистных сооружений нефтеперерабатывающего предприятия 45 % всех представителей бактериального сообщества относились к филуму *Firmicutes*. Фирмикуты обладают строением клеточной стенки, характерной для грамположительных бактерий, что обуславливает их устойчивость к ряду неблагоприятных факторов. Относительная доля представителей филума *Bacteroidetes* в активном иле БОС нефтеперерабатывающего предприятия составляет 22 %, что вдвое превышает долю представителей этого филума в активном иле очистных сооружений ПЦБК. Представители филума *Actinobacteria*, доля которой составляла 7–10 %, встречались в активном иле очистных сооружений коммунально-бытового сектора, но не промышленных предприятий. В работе [30] было показано, что наиболее распространенным филумом среди микробного сообщества активного ила муниципальных очистных сооружений являлись *Proteobacteria* (30,8575 родов, 58,20 %), за которой следовали *Bacteroidetes* (68,614 родов, 12,94 %), *Nitrospirae* (63,859 родов, 12,04 %) и *Chloroflexi* (22,509 родов, 4,25 %), а *Firmicutes* составляли лишь 1,54 %. По нашим данным к филуму *Firmicutes* принадлежала значительная

часть представителей микробиоты активного ила как муниципальных (8–12 %), так и промышленных (17–45 %) очистных сооружений, в особенности нефтеперерабатывающего предприятия. Есть сведения, что в консорциуме из буровых шламмов, обогащенном на среде с нефтью, преобладали *Firmicutes*, что связано со способностью видов, относящихся к порядкам *Bacillales*, *Lactobacillales* и *Clostridiales*, разлагать углеводороды нефти [12].

Максимальная доля представителей активного ила аэробной зоны коммунально-бытовых и промышленных БОС приходилась на семейство *Moraxellaceae* (35 %), относящееся к филуму *Proteobacteria*, классу *Gammaproteobacteria*, тогда как в анаэробной зоне доля этого семейства составляла 5,8 % от общего содержания (рис. 2). В анаэробной зоне присутствовали представители семейства *Chromatiaceae* (28 %) из класса *Gammaproteobacteria*, растущие в бескислородных условиях на свету при использовании сульфида как донора электронов для фотосинтеза [17]. Доминирующим семейством активного ила ПНОС являлось *Peptostreptococcaceae* (61 % от общего числа родов), члены которого являются анаэробами с ферментативным типом метаболизма, многие из которых формируют эн-

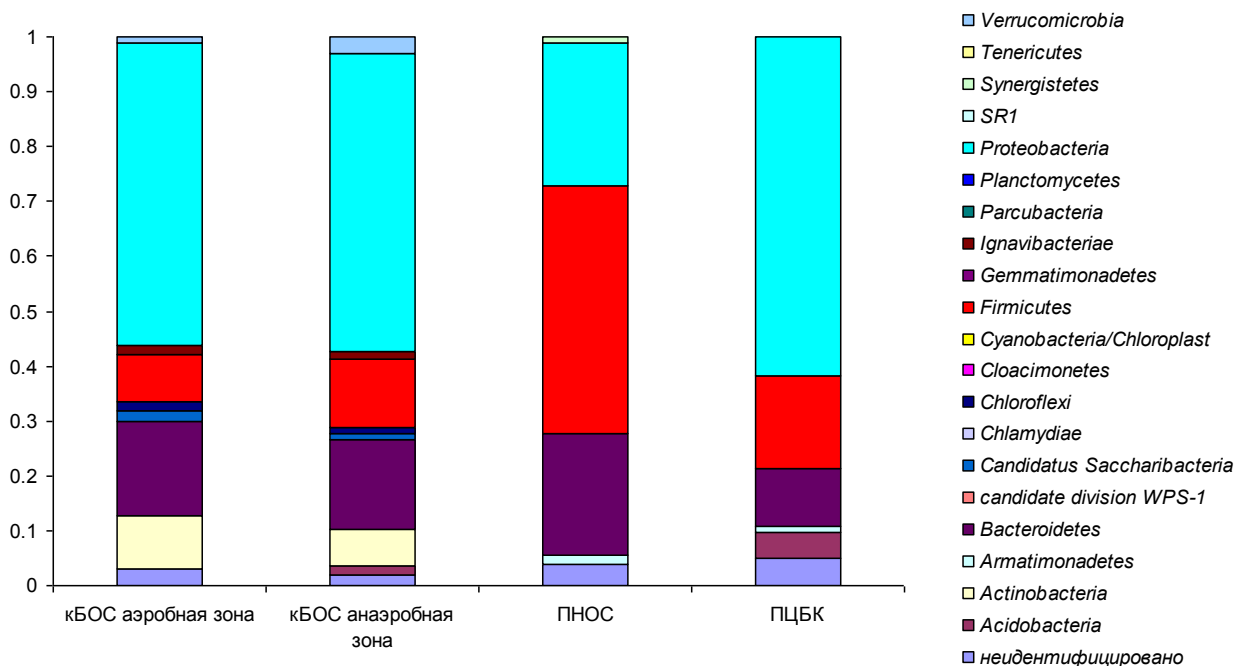


Рис. 1. Филумы домена *Bacteria*, преобладающие в активных илах различных БОС

доспоры [29]. Это семейство также было представлено и в активном иле ПЦБК (23 %), наряду с *Helicobacteraceae* (16 %). Интересно, что хотя представители последнего семейства обычно ассоциированы с хозяином (человеком или животными) и колонизируют их пищеварительную систему, ряд видов, отнесенных к этому семейству, был выделен из природных сред, включая богатые железом и серой пресные воды, сульфидные источники, гидротермы и глубоководные отложения [24].

Метагеномный анализ родовой принадлежности представителей показал, что доминирующим родом в образце активного ила очистных сооружений ПНОС являлся *Romboutsia* sp. (50 % от общего количества родов), относящийся к семейству *Peptostreptococcaceae*, порядку *Clostridiales*, классу *Clostridia*, филуму *Firmicutes*. Среди представителей этого рода обнаружены спорообразующие облигатно анаэробные бактерии, в частности новый вид, выделенный из щелочного соленого озера [32], что может свидетельствовать об адаптивных способностях этих бактерий. В активном иле анаэробной и аэробной

зоны кБОС доминировал обычный представитель водной микробиоты — род *Acinetobacter* (12 и 44 % соответственно), а в очистных сооружениях ПЦБК — *Sulfuricurvum* sp., относящийся к семейству *Helicobacteraceae*, классу *Epsilonproteobacteria*, филуму *Proteobacteria*. В этот род входят факультативно анаэробные хемолитоавтотрофные сероокисляющие бактерии [18]. Образцы активного ила аэротенка кБОС характеризовались наибольшим биоразнообразием — было идентифицировано 24 семейства, а в анаэробной зоне — 29 различных родов.

Показатели, измеренные в сточных водах изучаемых БОС, представлены в табл. 1. Наибольшее количество нефтепродуктов содержалось в сточных водах профилированного предприятия, а максимальное значение ХПК было отмечено в сточных водах ПЦБК.

Определены концентрации тяжелых металлов в активном иле и сточных водах. Показано, что в активном иле коммунально-бытовых БОС содержание тяжелых металлов в несколько раз выше, чем в таковом ПНОС и ПЦБК (табл. 2).

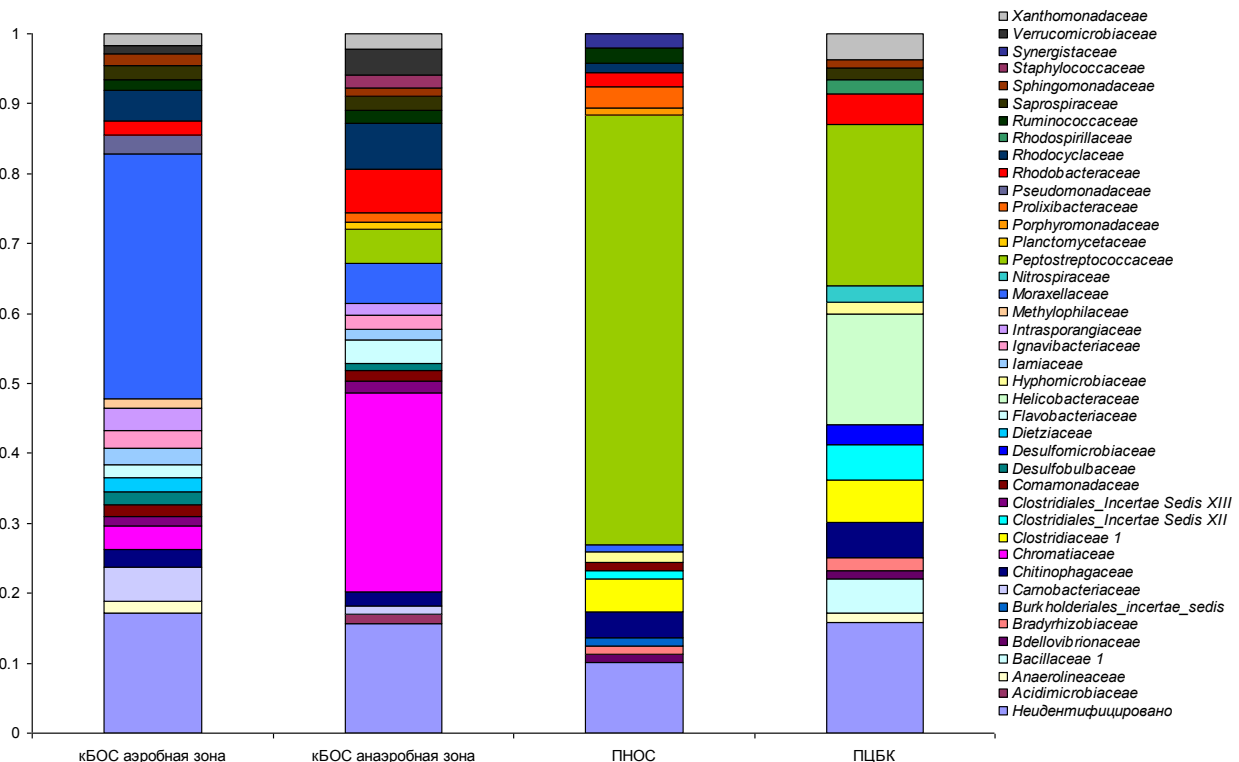


Рис. 2. Семейства домена *Bacteria*, преобладающие в активных илах различных БОС

Таблица 1  
Показатели содержания органического вещества и загрязненности сточных вод нефтепродуктами (мг/л)

Показатели Образцы	ХПК	БПК	Нефтепродукты
кБОС	324,67	189,56	5,7
ПНОС	317,24	–	156,3
ПЦБК	2846,00	760,00	–

Из полученных результатов можно заключить, что тяжелые металлы концентрируются в активном иле, тогда как их содержание в сточных водах, которые обрабатываются в аэротенках, на порядок ниже. По ГОСТ 17.4.1.0283 к первому классу опасности относятся высокотоксичные Zn, Pb, Cd, ко второму (умеренно опасным веществам) — Cu и Ni. По свинцу даже в воде отмечается превышение ПДК, равное 0,03 мг/дм<sup>3</sup>. Отмечено высокое содержание железа в активном иле, составляющее 10–12,5 г/кг в образцах, полученных как на коммунально-бытовых БОС, так и на промышленных предприятиях.

Как один из возможных способов утилизации активного ила указывается его компостирование с целью удобрения почв [3], однако в соответствии с гигиеническими нормативами ГН 2.1.7.2041–06 «Предельно допустимые концентрации (ПДК) химических веществ в почве» ПДК свинца в почве составляет 6, никеля 4, меди 3, цинка 23 мг/кг [4]. По нашим данным содержание свинца в активном иле как муниципальных, так и промышленных БОС, составляет от 25 до 50 мг/кг. Государственный стандарт (ГОСТ Р 17.4.3.07–2001) устанавливает основные требования к осадкам сточных вод при использовании их в качестве

удобрений, однако не распространяется на осадки производственных предприятий, в том числе целлюлозно-бумажной и нефтехимической промышленности, в сточных водах которых могут содержаться токсичные органические вещества первого и второго класса опасности в количествах, превышающих их ПДК в воде [2]. Из-за превышения допустимого валового содержания кадмия активные илы муниципальных БОС можно отнести к группе II по ГОСТ Р 17.4.3.07–2001. Такие осадки могут быть внесены под зерновые, зернобобовые, зернофуражные и технические культуры, в промышленном цветоводстве, зеленом строительстве, лесных и декоративных питомниках, для биологической рекультивации нарушенных земель и полигонов твердых бытовых отходов. Однако внесение содержащего высокие концентрации тяжелых металлов активного ила в почвы может повлиять на микробиоценоз почвы. Так, проведенные исследования [11] показали, что активный ил, загрязненный кадмием и цинком, оказывает как кратковременный, так и долговременный эффект на структуру микробного сообщества почвы.

В качестве одного из возможных вариантов применения избытков активного ила можно рассмотреть получение каких-либо полезных веществ, в том числе ПГА, продуцируемых микроорганизмами. После культивирования на полноценной минеральной среде, содержащей бутират натрия, биомасса смешанной культуры микроорганизмов была перенесена на безазотистую среду с избытком углеродного субстрата (бутирата натрия) с целью индукции синтеза запасных углеродных включений в клетке. После культивирования на среде, лимитированной по азоту,

Таблица 2  
Содержание тяжелых металлов в сточных водах (мг/л) и активном иле (мг/кг)

Очистные сооружения	Вид образца	Zn	Pb	Cd	Cu	Ni	Fe
кБОС, аэробная зона	Активный ил	1251,35	32,49	29,48	241,61	88,58	11896,01
	Сточная вода	0,04	0,15	0,005	0,005	0,03	0,18
кБОС, анаэробная зона	Активный ил	1648,76	50,09	30,09	248,63	100,06	12554,23
	Сточная вода	0,02	0,16	0	0,01	0,02	0,26
ПНОС	Активный ил	461,37	30,90	2,12	68,22	26,27	11467,35
	Сточная вода	0,02	0,17	0	0,02	0,005	2,51
ПЦБК	Активный ил	502,89	25,16	1,8186	59,34	25,98	10185,39
	Сточная вода	0,03	0,18	0,004	0,02	0,01	0,16

клетки были окрашены флуоресцентным красителем нильским голубым и исследованы в световом микроскопе с эпифлуоресценцией. Показано, что бактериальные клетки из всех изученных образцов активного ила содержали оранжевые флуоресцирующие включения ПГА (рис. 3).

Известно, что *Acinetobacter sp.* является типичным продуцентом ПГА [19]. По нашим данным представители этого рода доминировали в активном иле муниципальных БОС, тогда как в образцах из очистных сооружений предприятий ПНОС и ПЦБК преобладали *Romboutsia sp.* и *Sulfuricurvum sp.* Данных о накоплении ПГА у представителей этих родов обнаружено не было, хотя это может быть следствием их недостаточной изученности, так как новые виды, принадлежащие к этим родам, описаны относительно недавно [18, 32]. Включения ПГА были обнаружены в клетках всех изученных смешанных культур после выращивания на лимитированной по азоту среде, следовательно, такой вариант использования избытков активного ила может быть

рассмотрен как для муниципальных, так и промышленных источников.

#### Выводы

Таким образом, при изучении биоразнообразия активных илов коммунально-бытовых и промышленных БОС методом метагеномного секвенирования было показано, что доминирующими филумами во всех исследуемых образцах являлись *Proteobacteria*, *Firmicutes* и *Bacteroidetes*, с преобладанием протеобактерий во всех образцах, за исключением активного ила БОС нефтехимического предприятия, в котором доминировали *Firmicutes*. *Acinetobacter sp.*, типичный представитель водной микрофлоры, доминировал в активном иле кБОС, тогда как в образцах из БОС целлюлозно-бумажного и нефтеперерабатывающего предприятия — *Sulfuricurvum sp.* и *Romboutsia sp.* соответственно. Методом эпифлуоресцентной микроскопии было подтверждено, что смешанные бактериальные культуры активных илов из различных источников после выращивания на среде, лимитированной по азоту и избыточной по источнику углерода — бутирату

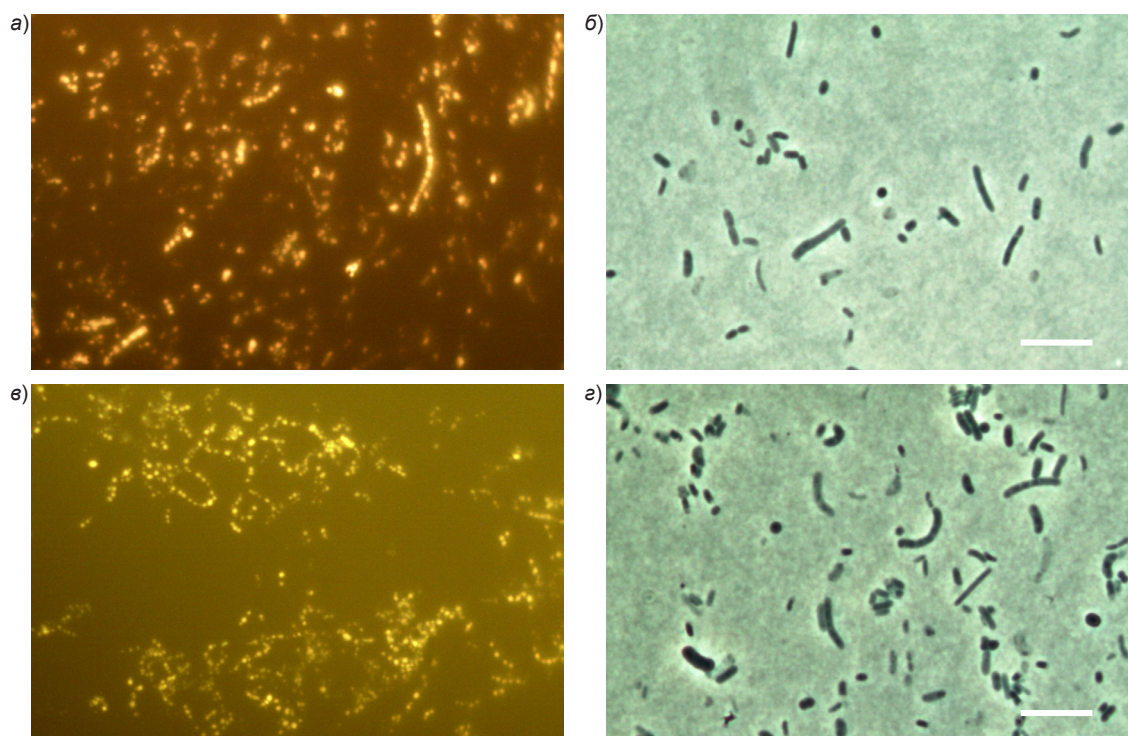


Рис. 3. Смешанная бактериальная культура, полученная из активного ила кБОС (а, б) и ПНОС (в, г) при выращивании на минеральной среде с бутиратом натрия: а, в — окраска внутриклеточных включений ПГА флуоресцентным красителем нильским голубым; б, г — фазово-контрастная микроскопия. Масштабная линейка соответствует 15 мкм

натрия, накапливают ПГА в клетках, что может рассматриваться как вариант использования избытков активного ила.

### Благодарности

Авторы благодарят Белик Екатерину Сергеевну, кандидата технических наук, доцента кафедры охраны окружающей среды ПНИПУ за предоставленные образцы активных илов и информацию, отраженную в табл.1.

### Финансирование

Работа выполнена в рамках государственного задания, номер государственной регистрации темы: 01201353247.

### Литература

1. Гловер, Д. (1988). Клонирование ДНК. Методы. М.: Мир, 538 с.
2. Госстандарт России (2001). ГОСТ Р 17.4.3.07-2001. Охрана природы. Почвы. Требования к свойствам осадков сточных вод при использовании их в качестве удобрений. Москва: Стандартинформ, 5 с.
3. Иванов, В. А., Переведенцев, С. В. и Тыгер, Л. М. (2015). Совершенствование технологий переработки органической части биошлама сточных вод ЖКХ. [online] Доступно по ссылке: <http://naukovedenie.ru/PDF/139TVN115.pdf> [дата обращения: 13.04.2018].
4. Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека (2006). ГН 2.1.7.2041-06. Предельно допустимые концентрации (ПДК) химических веществ в почве. Москва: Федеральный центр гигиены и эпидемиологии Роспотребнадзора, 15 с.
5. Bratina, B., Sorgo, A., Kramberger, J., Ajdnik, U., Zemljic, L. F., Ekart, J. and Šafarič, R. (2016). From municipal/industrial wastewater sludge and FOG to fertilizer: a proposal for economic sustainable sludge management. *Journal of Environmental Management*, vol. 183, part 3, pp. 1009–1025. doi: 10.1016/j.jenvman.2016.09.063.
6. Cavallé, L., Grousseau, E., Pocquet, M., Lepeuple, A. S., Uribebarrea, J.-L., Hernandez-Raquet, G. and Paul, E. (2013). Polyhydroxybutyrate production by direct use of waste activated sludge in phosphorus-limited fed-batch culture. *Bioresource Technology*, vol. 149, pp. 301–309. doi: 10.1016/j.biortech.2013.09.044.
7. Cha, S.-H., Son, J.-H., Jamal, Y., Zafar, M. and Park, H.-S. (2016). Characterization of polyhydroxyalkanoates extracted from wastewater sludge under different environmental conditions. *Biochemical Engineering Journal*, vol. 112, pp. 1–12. doi: 10.1016/j.bej.2015.12.021.
8. Delforno, T. P., Lacerda, G. V. Jr., Sierra-Garcia, I. N., Okada, D. Y., Macedo, T. Z., Varesche, M. B. A. and Oliveira, V. M. (2017). Metagenomic analysis of the microbiome in three different bioreactor configurations applied to commercial laundry wastewater treatment. *Science of the Total Environment*, vol. 587–588, pp. 389–398. doi: 10.1016/j.scitotenv.2017.02.170.
9. Fernández-Dacosta, C., Posada, J. A., Kleerebezem, R., Cuellar, M. C. and Ramirez, A. (2015). Microbial community-based polyhydroxyalkanoates (PHAs) production from wastewater: techno-economic analysis and ex-ante environmental assessment. *Bioresource Technology*, vol. 185, pp. 368–377. doi: 10.1016/j.biortech.2015.03.025.
10. Ferrera, I. and Sánchez, O. (2016). Insights into microbial diversity in wastewater treatment systems: how far have we come? *Biotechnology Advances*, vol. 34, issue 5, pp. 790–802. doi: 10.1016/j.biotechadv.2016.04.003.
11. Gomes, N. C. M., Landi, L., Smalla, K., Nannipieri, P., Brookes, P. C. and Renella, G. (2010). Effects of Cd- and Zn-enriched sewage sludge on soil bacterial and fungal communities. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, vol. 73, issue 6, pp.1255–1263. doi: 10.1016/j.ecoenv.2010.07.027.
12. Guerra, A. B., Oliveira, J. S., Silva-Portela, R. C. B., Araújo, W., Carlos, A. C., Vasconcelos, A. T. R., Freitas, A. T., Domingos, Y. S., de Farias, M. F., Fernandes, G. J. T. and Agnez-Lima, L. F. (2018). Metagenome enrichment approach used for selection of oil-degrading bacteria consortia for drill cutting residue bioremediation. *Environmental Pollution*, vol. 235, pp. 869–880. doi: 10.1016/j.envpol.2018.01.014.
13. Guo, J., Ni, B.-J., Han, X., Chen, X., Bond, P., Peng, Y. and Yuan, Z. (2017). Data on metagenomic profiles of activated sludge from a full-scale wastewater treatment plant. *Data in Brief*, vol. 15, pp. 833–839. doi: 10.1016/j.dib.2017.10.048.
14. Guo, J., Ni, B. J., Han, X., Chen, X., Bond, P., Peng Y. and Yuan Z. (2017). Unraveling microbial structure and diversity of activated sludge in a full-scale simultaneous nitrogen and phosphorus removal plant using metagenomic sequencing. *Enzyme and Microbial Technology*, vol. 102, pp. 16–25. doi: 10.1016/j.enzymictec.2017.03.009.
15. He, S., Ding, L., Li, K., Hu, H., Ye, L. and Ren, H. (2018). Comparative study of activated sludge with different individual nitrogen sources at a low temperature: Effluent dissolved organic nitrogen compositions, metagenomic and microbial community. *Bioresource Technology*, vol. 247, pp. 915–923. doi: 10.1016/j.biortech.2017.09.026.
16. Ibarbalz, F. M., Figuerola, E. L. M. and Erijman, L. (2013). Industrial activated sludge exhibit unique bacterial community composition at high taxonomic ranks. *Water Research*, vol. 47, issue 11, pp. 3854–3864. doi: 10.1016/j.watres.2013.04.010.
17. Imhoff, J. F. (2014). The Family *Chromatiaceae*. In: Rosenberg, E., DeLong, E. F., Lory, S., Stackebrandt, E. and Thompson, F. (eds) *The Prokaryotes. Gammaproteobacteria*. 4<sup>th</sup> edition. Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag, pp. 151–178. doi: 10.1007/978-3-642-38922-1\_295.
18. Kodama, Y. and Watanabe, K. (2004). *Sulfuricurvum kujiense* gen. nov., sp. nov., a facultatively anaerobic, chemolithoautotrophic, sulfur-oxidizing bacterium isolated from an underground crude-oil storage cavity. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, vol. 54, pp. 2297–2300. doi: 10.1099/ijs.0.63243-0.
19. Koller, M., Salerno, A., Dias, M., Reiterer, A. and Braunegg, G. (2010). Modern biotechnological polymer synthesis: a review. *Food Technology and Biotechnology*, vol. 48, issue 3, pp. 255–269.
20. Lee, W. S., Chua, A. S. M., Yeoh, H. K., Nittami, T. and Ngho, G. C. (2015). Strategy for the biotransformation of fermented palm oil mill effluent into biodegradable polyhydroxyalkanoates by activated sludge. *Chemical*

*Engineering Journal*, vol. 269, pp. 288–297. doi: 10.1016/j.cej.2015.01.103.

21. Ma, Q., Qu, Y., Shen, W., Zhang, Z., Wang, J., Liu, Z., Li, D., Li, H. and Zhou, J. (2015). Bacterial community compositions of coking wastewater treatment plants in steel industry revealed by Illumina high-throughput sequencing. *Bioresource Technology*, vol. 179, pp. 436–443. doi: 10.1016/j.biortech.2014.12.041.

22. Ma, Q., Qu, Y.-Y., Zhang, X.-W., Shen, W.-L., Liu, Z.-Y., Wang, J.-W., Zhang, Z.-J. and Zhou, J.-T. (2015). Identification of the microbial community composition and structure of coal-mine wastewater treatment plants. *Microbiological Research*, vol. 175, pp. 1–5. doi: 10.1016/j.micres.2014.12.013.

23. Mesquita, D. P., Amaral, A. L., Leal, C., Oehmen, A., Reis, M. A. M. and Ferreira, E. C. (2015). Polyhydroxyalkanoate granules quantification in mixed microbial cultures using image analysis: Sudan Black B versus Nile Blue A staining. *Analytica Chimica Acta*, vol. 865, pp. 8–15. doi: 10.1016/j.aca.2015.01.018.

24. Mitchell, H. M., Rocha, G. A., Kaakoush, N. O., O'Rourke, J. L. and Queiroz, D. M. M. (2014). The Family *Helicobacteraceae*. In: Rosenberg, E., DeLong, E. F., Lory, S., Stackebrandt, E., Thompson, F. (eds) *The Prokaryotes. Deltaproteobacteria and Epsilonproteobacteria*. 4<sup>th</sup> edition. Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag, pp. 337–392. doi: 10.1007/978-3-642-39044-9\_275.

25. Morgan-Sagastume, F., Valentino, F., Hjort, M., Cirne, D. G., Karabegovic, L., Gerardin, F., Johansson, P., Karlsson, A., Magnusson, P., Alexandersson, T., Bengtsson, S., Majone, M. and Werker, A. G. (2014). Polyhydroxyalkanoate (PHA) production from sludge and municipal wastewater treatment. *Water Science and Technology*, vol. 69, issue 1, pp. 177–184. doi: 10.2166/wst.2013.643.

26. Pittmann, T. and Steinmetz, H. (2017). Polyhydroxyalkanoate Production on waste water treatment plants: process scheme, operating conditions and potential analysis for German and European municipal waste water treatment plants. *Bioengineering*, vol. 4, issue 2, 54. doi: 10.3390/bioengineering4020054.

27. Raheem, A., Sikarwar, V. S., He, J., Dastyar, W., Dionysiou, D. D., Wang, W. and Zhao, M. (2018). Opportunities and challenges in sustainable treatment and resource reuse of sewage sludge: a review. *Chemical Engineering Journal*, vol. 337, pp. 616–641. doi: 10.1016/j.cej.2017.12.149.

28. Serafim, L. S., Lemos, P. C., Oliveira, R. and Reis, M. A. M. (2004). Optimization of polyhydroxybutyrate production by mixed cultures submitted to aerobic dynamic feeding conditions. *Biotechnology Bioengineering*, vol. 87, issue 2, pp. 145–160. doi: 10.1002/bit.20085.

29. Slobodkin, A. (2014). The Family *Peptostreptococcaceae*. In: Rosenberg, E., DeLong, E. F., Lory, S., Stackebrandt, E., Thompson, F. (eds) *The Prokaryotes. Firmicutes and Tenericutes*. 4th edition. Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag, pp. 291–302. doi: 10.1007/978-3-642-30120-9\_217.

30. Tian, M., Zhao, F., Shen, X., Chu, K., Wang, J., Chen, S., Guo, Y. and Liu, H. (2015). The first metagenome of activated sludge from full-scale anaerobic/anoxic/oxic (A2O) nitrogen and phosphorus removal reactor using Illumina sequencing. *Journal of Environmental Sciences*, vol. 35, pp. 181–190. doi: 10.1016/j.jes.2014.12.027.

31. Vlasova, M., Parra, A. P., Aguilar, P. A. M., Estrada, A. T., Molina, V. G., Kakazey, M., Tomila, T. and Gómez-Vidales, V. (2018). Closed cycle of recycling of waste activated sludge. *Waste Management*, vol. 71, pp. 320–333. doi: 10.1016/j.wasman.2017.10.051.

32. Wang, Y., Song, J., Zhai, Y., Zhang, C., Gerritsen, J., Wang, H., Chen, X., Li, Y., Zhao, B., Zhao, B., and Ruan, Z. (2015). *Romboutsia sedimentorum* sp. nov., isolated from an alkaline-saline lake sediment and emended description of the genus *Romboutsia*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, vol. 65, issue 4, pp. 1193–1198. doi: 10.1099/ijs.0.000079.

33. Yadav, T. C., Khardenavis, A. A. and Kapley, A. (2014). Shifts in microbial community in response to dissolved oxygen levels in activated sludge. *Bioresource Technology*, vol. 165, pp. 257–264. doi: 10.1016/j.biortech.2014.03.007.

34. Yadav, T. C., Pal, R. R., Shastri, S., Jadeja, N. B. and Kapley, A. (2015). Comparative metagenomics demonstrating different degradative capacity of activated biomass treating hydrocarbon contaminated wastewater. *Bioresource Technology*, vol. 188, pp. 24–32. doi: 10.1016/j.biortech.2015.01.141.

35. Yang, Q., Zhao, H. and Du, B. (2017). Bacteria and bacteriophage communities in bulking and non-bulking activated sludge in full-scale municipal wastewater treatment systems. *Biochemical Engineering Journal*, vol. 119, pp. 101–111. doi: 10.1016/j.bej.2016.12.017.

#### References

1. Glover, D. (1988). *Klonirovaniye DNK. Metody [DNA cloning. Methods]*. Moscow: Mir, 538 p. (in Russian)

2. Federal Agency on Technical Regulation and Metrology (2001). *GOST R 17.4.3.07–2001. Okhrana prirody. Pochvy. Trebovaniya k svoystvam osadkov stochnykh vod pri ispolzovanii ikh v kachestve udobreniy [State Standard GOST R 17.4.3.07–2001. Nature protection. Soil. Requirements for sewage sludge use for fertilization]*. Moscow: Standartinform, 5 p. (in Russian)

3. Ivanov, V. A., Perevedencev, S. V. and Tiger, L. M. (2015). *Sovershenstvovaniye tekhnologiy pererabotki organicheskoy chasti bioshlama stochnykh vod ZhKH [Improvement of technologies processing of organic part bioslime of sewage]*. Available at: <http://naukovedenie.ru/PDF/139TVN115.pdf> (in Russian)

4. Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing (2006). *GN 2.1.7.2041–06. Predelno dopustimye kontsentratsii (PDK) khimicheskikh veshchestv v pochve [Hygienic Standards GN 2.1.7.2041–06. Maximum allowable concentrations (MAC) of chemicals in soil]*. Moscow: Federal Hygiene and Epidemiology Center of the Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, 15 p. (in Russian).

5. Bratina, B., Sorgo, A., Kramberger, J., Ajdnik, U., Zemljic, L. F., Ekart, J. and Šafarič, R. (2016). From municipal/industrial wastewater sludge and FOG to fertilizer: a proposal for economic sustainable sludge management. *Journal of Environmental Management*, vol. 183, part 3, pp. 1009–1025. doi: 10.1016/j.jenvman.2016.09.063.

6. Cavaillé, L., Grousseau, E., Pocquet, M., Lepeuple, A. S., Uribebarrea, J.-L., Hernandez-Raquet, G. and Paul, E. (2013). Polyhydroxybutyrate production by direct use of waste activated sludge in phosphorus-limited fed-batch culture.

- Bioresource Technology*, vol. 149, pp. 301–309. doi: 10.1016/j.biortech.2013.09.044
7. Cha, S.-H., Son, J.-H., Jamal, Y., Zafar, M. and Park, H.-S. (2016). Characterization of polyhydroxyalkanoates extracted from wastewater sludge under different environmental conditions. *Biochemical Engineering Journal*, vol. 112, pp. 1–12. doi: 10.1016/j.bej.2015.12.021.
8. Delforno, T. P., Lacerda, G. V. Jr., Sierra-Garcia, I. N., Okada, D. Y., Macedo, T. Z., Varesche, M. B. A. and Oliveira, V. M. (2017). Metagenomic analysis of the microbiome in three different bioreactor configurations applied to commercial laundry wastewater treatment. *Science of the Total Environment*, vol. 587–588, pp. 389–398. doi: 10.1016/j.scitotenv.2017.02.170.
9. Fernández-Dacosta, C., Posada, J. A., Kleerebezem, R., Cuellar, M. C. and Ramirez, A. (2015). Microbial community-based polyhydroxyalkanoates (PHAs) production from wastewater: techno-economic analysis and ex-ante environmental assessment. *Bioresource Technology*, vol. 185, pp. 368–377. doi: 10.1016/j.biortech.2015.03.025.
10. Ferrera, I. and Sánchez, O. (2016). Insights into microbial diversity in wastewater treatment systems: how far have we come? *Biotechnology Advances*, vol. 34, issue 5, pp. 790–802. doi: 10.1016/j.biotechadv.2016.04.003.
11. Gomes, N. C. M., Landi, L., Smalla, K., Nannipieri, P., Brookes, P. C. and Renella, G. (2010). Effects of Cd- and Zn-enriched sewage sludge on soil bacterial and fungal communities. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, vol. 73, issue 6, pp. 1255–1263. doi: 10.1016/j.ecoenv.2010.07.027.
12. Guerra, A. B., Oliveira, J. S., Silva-Portela, R. C. B., Araújo, W., Carlos, A. C., Vasconcelos, A. T. R., Freitas, A. T., Domingos, Y. S., de Farias, M. F., Fernandes, G. J. T. and Agnez-Lima, L. F. (2018). Metagenome enrichment approach used for selection of oil-degrading bacteria consortia for drill cutting residue bioremediation. *Environmental Pollution*, vol. 235, pp. 869–880. doi: 10.1016/j.envpol.2018.01.014.
13. Guo, J., Ni, B.-J., Han, X., Chen, X., Bond, P., Peng, Y. and Yuan, Z. (2017). Data on metagenomic profiles of activated sludge from a full-scale wastewater treatment plant. *Data in Brief*, vol. 15, pp. 833–839. doi: 10.1016/j.dib.2017.10.048.
14. Guo, J., Ni, B.-J., Han, X., Chen, X., Bond, P., Peng Y. and Yuan Z. (2017). Unraveling microbial structure and diversity of activated sludge in a full-scale simultaneous nitrogen and phosphorus removal plant using metagenomic sequencing. *Enzyme and Microbial Technology*, vol. 102, pp. 16–25. doi: 10.1016/j.enzmictec.2017.03.009.
15. He, S., Ding, L., Li, K., Hu, H., Ye, L. and Ren, H. (2018). Comparative study of activated sludge with different individual nitrogen sources at a low temperature: Effluent dissolved organic nitrogen compositions, metagenomic and microbial community. *Bioresource Technology*, vol. 247, pp. 915–923. doi: 10.1016/j.biortech.2017.09.026.
16. Ibarbalz, F. M., Figuerola, E. L. M. and Erijman, L. (2013). Industrial activated sludge exhibit unique bacterial community composition at high taxonomic ranks. *Water Research*, vol. 47, issue 11, pp. 3854–3864. doi: 10.1016/j.watres.2013.04.010.
17. Imhoff, J. F. (2014). The Family *Chromatiaceae*. In: Rosenberg, E., DeLong, E. F., Lory, S., Stackebrandt, E. and Thompson, F. (eds) *The Prokaryotes. Gammaproteobacteria*. 4<sup>th</sup> edition. Berlin, Heidenberg: Springer-Verlag, pp. 151–178. doi: 10.1007/978-3-642-38922-1\_295.
18. Kodama, Y. and Watanabe, K. (2004). *Sulfuricurvum kujiense* gen. nov., sp. nov., a facultatively anaerobic, chemolithoautotrophic, sulfur-oxidizing bacterium isolated from an underground crude-oil storage cavity. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, vol. 54, pp. 2297–2300. doi: 10.1099/ijs.0.63243-0.
19. Koller, M., Salerno, A., Dias, M., Reiterer, A. and Brauneegg, G. (2010). Modern biotechnological polymer synthesis: a review. *Food Technology and Biotechnology*, vol. 48, issue 3, pp. 255–269.
20. Lee, W. S., Chua, A. S. M., Yeoh, H. K., Nittami, T. and Ngoh, G. C. (2015). Strategy for the biotransformation of fermented palm oil mill effluent into biodegradable polyhydroxyalkanoates by activated sludge. *Chemical Engineering Journal*, vol. 269, pp. 288–297. doi: 10.1016/j.cej.2015.01.103.
21. Ma, Q., Qu, Y., Shen, W., Zhang, Z., Wang, J., Liu, Z., Li, D., Li, H. and Zhou, J. (2015). Bacterial community compositions of coking wastewater treatment plants in steel industry revealed by Illumina high-throughput sequencing. *Bioresource Technology*, vol. 179, pp. 436–443. doi: 10.1016/j.biortech.2014.12.041.
22. Ma, Q., Qu, Y.-Y., Zhang, X.-W., Shen, W.-L., Liu, Z.-Y., Wang, J.-W., Zhang, Z.-J. and Zhou, J.-T. (2015). Identification of the microbial community composition and structure of coal-mine wastewater treatment plants. *Microbiological Research*, vol. 175, pp. 1–5. doi: 10.1016/j.micres.2014.12.013.
23. Mesquita, D. P., Amaral, A. L., Leal, C., Oehmen, A., Reis, M. A. M. and Ferreira, E. C. (2015). Polyhydroxyalkanoate granules quantification in mixed microbial cultures using image analysis: Sudan Black B versus Nile Blue A staining. *Analytica Chimica Acta*, vol. 865, pp. 8–15. doi: 10.1016/j.aca.2015.01.018.
24. Mitchell, H. M., Rocha, G. A., Kaakoush, N. O., O'Rourke, J. L. and Queiroz, D. M. M. (2014). The Family *Helicobacteraceae*. In: Rosenberg, E., DeLong, E.F., Lory, S., Stackebrandt, E., Thompson, F. (eds) *The Prokaryotes. Deltaproteobacteria and Epsilonproteobacteria*. 4<sup>th</sup> edition. Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag, pp. 337–392. doi: 10.1007/978-3-642-39044-9\_275.
25. Morgan-Sagastume, F., Valentino, F., Hjort, M., Cirne, D. G., Karabegovic, L., Gerardin, F., Johansson, P., Karlsson, A., Magnusson, P., Alexandersson, T., Bengtsson, S., Majone, M. and Werker, A. G. (2014). Polyhydroxyalkanoate (PHA) production from sludge and municipal wastewater treatment. *Water Science and Technology*, vol. 69, issue 1, pp. 177–184. doi: 10.2166/wst.2013.643.
26. Pittmann, T. and Steinmetz, H. (2017). Polyhydroxyalkanoate production on waste water treatment plants: process scheme, operating conditions and potential analysis for German and European Municipal waste water treatment plants. *Bioengineering*, vol. 4, issue 2, 54. doi: 10.3390/bioengineering4020054.
27. Raheem, A., Sikarwar, V. S., He, J., Dastyar, W., Dionysiou, D. D., Wang, W. and Zhao, M. (2018). Opportunities and challenges in sustainable treatment and resource reuse of sewage sludge: a review. *Chemical Engineering Journal*, vol. 337, pp. 616–641. doi: 10.1016/j.cej.2017.12.149.

28. Serafim, L. S., Lemos, P. C., Oliveira, R. and Reis, M. A. M. (2004). Optimization of polyhydroxybutyrate production by mixed cultures submitted to aerobic dynamic feeding conditions. *Biotechnology Bioengineering*, vol. 87, issue 2, pp. 145–160. doi: 10.1002/bit.20085.

29. Slobodkin, A. (2014). The Family *Peptostreptococcaceae*. In: Rosenberg, E., DeLong, E. F., Lory, S., Stackebrandt, E., Thompson, F. (eds). *The Prokaryotes. Firmicutes and Tenericutes*. 4th edition. Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag, pp. 291–302. doi: 10.1007/978-3-642-30120-9\_217.

30. Tian, M., Zhao, F., Shen, X., Chu, K., Wang, J., Chen, S., Guo, Y. and Liu, H. (2015). The first metagenome of activated sludge from full-scale anaerobic/anoxic/oxic (A2O) nitrogen and phosphorus removal reactor using Illumina sequencing. *Journal of Environmental Sciences*, vol. 35, pp. 181–190. doi: 10.1016/j.jes.2014.12.027.

31. Vlasova, M., Parra, A. P., Aguilar, P. A. M., Estrada, A. T., Molina, V. G., Kakazey, M., Tomila, T. and Gómez-Vidales, V. (2018). Closed cycle of recycling of waste activated sludge. *Waste Management*, vol. 71, pp. 320–333. doi: 10.1016/j.wasman.2017.10.051.

32. Wang, Y., Song, J., Zhai, Y., Zhang, C., Gerritsen, J., Wang, H., Chen, X., Li, Y., Zhao, B., Zhao, B., and Ruan, Z. (2015). *Romboutsia sedimentorum* sp. nov., isolated from an alkaline-saline lake sediment and emended description of the genus *Romboutsia*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, vol. 65, issue 4, pp. 1193–1198. doi: 10.1099/ijs.0.000079.

33. Yadav, T. C., Khardenavis, A. A. and Kapley, A. (2014). Shifts in microbial community in response to dissolved oxygen levels in activated sludge. *Bioresource Technology*, vol. 165, pp. 257–264. doi: 10.1016/j.biortech.2014.03.007.

34. Yadav, T. C., Pal, R. R., Shastri, S., Jadeja, N. B. and Kapley, A. (2015). Comparative metagenomics demonstrating different degradative capacity of activated biomass treating hydrocarbon contaminated wastewater. *Bioresource Technology*, vol. 188, pp. 24–32. doi: 10.1016/j.biortech.2015.01.141.

35. Yang, Q., Zhao, H. and Du, B. (2017). Bacteria and bacteriophage communities in bulking and non-bulking activated sludge in full-scale municipal wastewater treatment systems. *Biochemical Engineering Journal*, vol. 119, pp. 101–111. doi: 10.1016/j.bej.2016.12.017.

#### Авторы

**Максимова Юлия Геннадьевна**, докт. биол. наук, доцент  
«Институт экологии и генетики микроорганизмов  
Уральского отделения Российской академии наук» — филиал  
Пермского федерального исследовательского центра  
УрО РАН, г. Пермь, Россия

Пермский государственный национальный исследова-  
тельный университет, г. Пермь, Россия  
E-mail: yul\_max@mail.ru

#### Бурлуцкая Елена Юрьевна

Пермский государственный национальный исследова-  
тельный университет, г. Пермь, Россия  
E-mail: burlutskajalena@yandex.ru

#### Максимов Александр Юрьевич

канд. биол. наук, доцент  
«Институт экологии и генетики микроорганизмов  
Уральского отделения Российской академии наук» — филиал  
Пермского федерального исследовательского центра УрО  
РАН, г. Пермь, Россия

Пермский государственный национальный исследова-  
тельный университет, г. Пермь, Россия  
E-mail: almaks1@mail.ru

#### Authors

**Maksimova Yuliya Gennad'evna**, Dr. of Biology,  
Associate Professor

Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms, Ural  
Branch, Russian Academy of Sciences, Perm, Russia  
Perm State University, Perm, Russia  
E-mail: yul\_max@mail.ru

#### Burlutskaya Elena Yur'evna

Perm State University, Perm, Russia  
E-mail: burlutskajalena@yandex.ru

**Maksimov Aleksandr Yur'evich**, Ph. D. in Biology,  
Associate Professor

Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms, Ural  
Branch, Russian Academy of Sciences, Perm, Russia  
Perm State University, Perm, Russia  
E-mail: almaks1@mail.ru