

**О. Ю. Паренюк^{1,2}, К. Є. Шаванова¹, В. В. Ілленко¹, І. О. Сімутін³, Д. О. Самофалова⁴,
В. Б. Рибалка⁵, К. Нанба², Т. Такасі², І. М. Гудков^{1,*}**

¹ Національний університет біоресурсів і природокористування України, Київ, Україна

² Інститут радіоактивності навколишнього середовища Університету Фукусіма, Фукусіма, Японія

³ Київський національний університет імені Тараса Шевченка, Київ, Україна

⁴ ДУ «Інститут харчової біотехнології та геноміки НАН України», Київ, Україна

⁵ Інститут проблем безпеки АЕС НАН України, Чорнобиль, Україна

*Відповідальний автор: ingudkov@ukr.net

РІЗНОМАНІТТЯ МІКРОФЛОРИ У ЗРУЙНОВАНОМУ ЧЕТВЕРТОМУ ЕНЕРГОБЛОЦІ ЧАЕС

За допомогою методики секвенування ДНК нового покоління проаналізовано ДНК мікробіому субстрату у шести точках 4-го аварійного енергоблока ЧАЕС, в якому потужність дози на мікроорганізми коливається від 0,007 до 0,12 Гр/год. Установлено, що найбільш різноманітним і стабільним виявився мікробіом зразка, що був розташований за межами об'єкта «Укриття» на території проммайdanчика (умовний контроль). У ньому відсутні домінанти, тобто він є найбільш збалансованим і наближеним за станом до мікробіому ґрунту екосистем, що оточують ЧАЕС. Для зразка, потужність обрахованої дози на місці відбору якого була найвищою, загальна кількість представлених видів була у 8 разів меншою, проте індекс домінування був найвищим, що свідчить про формування мікробіому з чітко вираженими домінантами.

Ключові слова: Чорнобильська АЕС, четвертий енергоблок, радіонуклідне забруднення, секвенування ДНК, мікробіом.

**Е. Ю. Паренюк^{1,2}, Е. Е. Шаванова¹, В. В. Ільєнко¹, І. О. Сімутін³, Д. А. Самофалова⁴,
В. Б. Рыбалка⁵, К. Нанба², Т. Такаси², И. Н. Гудков^{1,*}**

¹ Национальный университет биоресурсов и природопользования Украины, Киев, Украина

² Институт радиоактивности окружающей среды Университета Фукусимы, Фукусима, Япония

³ Киевский национальный университет имени Тараса Шевченко, Киев, Украина

⁴ ГУ «Институт пищевой биотехнологии и геномики НАН Украины», Киев, Украина

⁵ Институт проблем безопасности АЭС НАН Украины, Чернобыль, Украина

*Ответственный автор: ingudkov@ukr.net

РАЗНООБРАЗИЕ МИКРОФЛОРЫ В РАЗРУШЕННОМ ЧЕТВЕРТОМ ЭНЕРГОБЛОКЕ ЧАЭС

С помощью методики секвенирования ДНК нового поколения проанализирована ДНК микробиома субстрата в шести точках 4-го аварийного энергоблока ЧАЭС, в котором рассчитанная мощность дозы на микроорганизмы колеблется от 0,007 до 0,12 Гр/ч. Показано, что наиболее разнообразным и стабильным оказался микробиом образца, взятый за пределами объекта «Укрытие» на территории промплощадки (условный контроль). В нем отсутствуют доминанты, т. е. он является наиболее сбалансированным и приближенным по состоянию к микробиому почвы экосистем, окружающих ЧАЭС. Для образца, мощность дозы на месте отбора которого была самой высокой, общее количество представленных видов было в 8 раз меньшим, но индекс доминирования был самым высоким, что свидетельствует о формировании микробиома с четко выраженными доминантами.

Ключевые слова: ЧАЭС, четвертый энергоблок, радионуклидное загрязнение, секвенирование ДНК, микробиом.

**O. Yu. Pareniuk^{1,2}, K. E. Shavanova¹, V. V. Ilienko¹, I. O. Simutin³, D. O. Samofalova⁴,
V. B. Rybalka⁵, K. Nanba², T. Takasi², I. M. Gudkov^{1,*}**

¹ National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine

² Institute of Environmental Radioactivity of Fukushima University, Fukushima, Japan

³ Kyiv Taras Shevchenko National University, Kyiv, Ukraine

⁴ SI "Institute of Food Biotechnology and Genomics of National Academy of Sciences of Ukraine", Kyiv, Ukraine

⁵ Institute for Safety Problems of NPP, National Academy of Sciences of Ukraine, Chornobyl, Ukraine

*Corresponding author: ingudkov@ukr.net

DIVERSITY OF MICROFLORA AT THE FOURTH DESTROYED UNIT OF THE ChNPP

DNA of the substrate, sampled from six points in the destroyed 4-th power unit of ChNPP, where the dose rate on the microorganisms ranges from 0.008 to 0.12 Gy/h, was analyzed by New Generation Sequencing technology. It was found that the most diverse and stable microbiome occurs in sample, located outside of the "Ukryttya" object on the industrial site (conditional control). There are no dominants in it, which means that it is the most balanced and approximate to the general state of the soil microbiome of ecosystems surrounding the ChNPP. As for the sample, taken from the spot, where the dose rate was the highest, total number of species represented appeared eight times smaller, but dominance index was the highest, which indicates the formation of distinct microbiome dominants.

Keywords: ChNPP, the fourth unit, radionuclide contamination, DNA sequencing, microflora.

REFERENCES

1. A.A. Borovoj. Kurchatov Institute works on liquidation of consequences of the accident. 25-th anniversary of the Chernobyl Nuclear Power Plant accident (Research Center "Kurchatovskij institut", 2011) 83 p.
2. T.I. Tugay et al. Principles of the low doses irradiation influence on microscopic fungi. *Yaderna Fizyka ta Energetyka (Nucl. Phys. At. Energy)* 13(4) (2012) 396. (Ukr)
3. T.I. Tugay et al. Response reactions of the fungi, isolated from inner locations of "Ukryttya", which have different levels of radioactivity. *Zbirnyk naukovykh prats' Instytutu yadernykh doslidzhen' 1*(14) (2005) 128. (Ukr)
4. J. Dighton, T. Tugay, N. Zhdanova. Fungi and ionizing radiation from radionuclides. *FEMS Microbiology Letters* 281(2) (2008) 109.
5. V.B. Rybalka et al. The microbic factor, fuel-containing materials and submicronic particles formation in object "Ukryttya". *Problemy Bezpeky Atomnykh Electrostantsij i Chornobylya* 3 (2005) 87. (Rus)
6. M.O. Boretska, I.A. Kozlova. Biofilms on a metal surface as microbial corrosion factor. *Microbiol. Zhurn.* 72(3) (2010) 57.
7. A.K. Lee, D.K. Newman. Microbial iron respiration: impacts on corrosion processes. *Applied microbiology and biotechnology* 62(2-3) (2003) 134.
8. *Understanding biocorrosion. Fundamentals and applications.* Eds. T. Liengen et al. (Woodhead Publishing, 2014) 447 p.
9. L.E. Rendon Diaz Miron, M.E. Lara Magaña, M.R. Lara. Microorganisms concrete interactions. *MRS Proceedings* 1768 (2015).
10. Z.P. Kopteva, V.V. Zanina, I.A. Kozlova. Microbial corrosion of protective coatings. *Surface Engineering* 20(4) (2004) 275.
11. S.C. Schuster. Next-generation sequencing transforms today's biology. *Nature Methods* 5(1) (2008) 16.
12. J. Kuczynski et al. Using QIIME to analyze 16s rRNA gene sequences from microbial communities. *Current Protocols in Bioinformatics* 36 (2011) 10.7.
13. K.M. Keiblinger et al. Soil metaproteomics - comparative evaluation of protein extraction protocols. *Soil Biology & Biochemistry* 54 (2012) 14.
14. M. Ragon et al. Sunlight-exposed biofilm microbial communities are naturally resistant to Chernobyl ionizing-radiation levels. *PLoS One* 6(7) (2011) e21764.
15. G.B. Zavilgelsky et al. Isolation and analysis of UV and radio-resistant bacteria from Chernobyl. *Journal of Photochemistry and Photobiology. Photobiology B: Biology* 43(2) (1998) 152.
16. N.S. Davis, G.J. Silverman, E.B. Msurovsky. Radiation-resistant, pigmented coccus isolated from haddock tissue. *Journal of Bacteriology* 86 (1963) 294.
17. A.W. Anderson et al. Studies on a radio-resistant micrococcus. I. Isolation, morphology, cultural characteristics, and resistance to gamma radiation. *Food Technol.* 10(1) (1956) 575.
18. C. Luo et al. Soil microbial community responses to a decade of warming as revealed by comparative metagenomics. *Applied and Environmental Microbiology* 80(5) (2014) 1777.
19. J.E. Brown et al. A new version of the erica tool to facilitate impact assessments of radioactivity on wild plants and animals. *Journal of Environmental Radioactivity* 153 (2016) 141.
20. M. Sagova-Mareckova et al. Innovative methods for soil DNA purification tested in soils with widely differing characteristics. *Applied and Environmental Microbiology* 74(9) (2008) 2902.
21. J.G. Caporaso et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature Methods* 7(5) (2010) 335.
22. J.R. Rideout et al. Subsampled open-reference clustering creates consistent, comprehensive OTU definitions and scales to billions of sequences. *PeerJ* 2 (2014) e545.
23. D. McDonald et al. An improved greengenes taxonomy with explicit ranks for ecological and evolutionary analyses of bacteria and archaea. *The ISME Journal* 6(3) (2012) 610.
24. J. Algina, S. Olejnik. Conducting power analyses for anova and ancova in between-subjects designs. *Evaluation & the Health Professions* 26(3) (2003) 288.
25. J. Stegemann, N. Buenfeld. Prediction of leachate PH for cement paste containing pure metal compounds. *Journal of Hazardous Materials* 90(2) (2002) 169.

26. J. Balogh. *Lebensgemeinschaften der landtiere: ihre erforschung unter besonderer beruecksichtigung der zoozoenologischen arbeitsmethoden* (Berlin: Akademie Verlag, 1958) 560 p.
27. A. Chao. Nonparametric estimation of the number of classes in a population. [Scandinavian Journal of Statistics 11\(4\) \(1984\) 265.](#)
28. D.P. Faith, A.M. Baker. Phylogenetic diversity (pd) and biodiversity conservation: some bioinformatics challenges. [Evolutionary Bioinformatics 2 \(2006\) 121.](#)
29. C.E. Shannon. A mathematical theory of communication. [Bell System Technical Journal 27\(3\) \(1948\) 379.](#)

Надійшла 14.02.2017

Received 14.02.2017