

Научная статья
УДК 579.69+579.25
EDN: LMRWQY
DOI: 10.21285/achb.1026



Бактериальная ассоциация *Bacillus* sp. MX3 и *Ensifer adhaerens* M1 для эффективной деструкции перфторалкильных соединений

С.Н. Стариков✉, Д.А. Шарипов, С.П. Четвериков

Уфимский институт биологии – обособленное структурное подразделение
Уфимского федерального исследовательского центра РАН, Уфа, Российская Федерация

Аннотация. Перфторалкильные соединения являются стойкими органическими загрязнителями, устойчивыми к природной деградации и представляющими угрозу для экосистем и здоровья человека. Цель проведенного исследования заключалась в оценке эффективности микробной ассоциации *Bacillus* sp. MX3 и *Ensifer adhaerens* M1 в разложении перфтороктансульфоновой (C₈) и перфторнонановой (C₉) кислот. Эксперименты проводили в жидкой среде и модельной почвенной системе. Деградацию оценивали по накоплению фторид-ионов (ионообменная хроматография) и снижению концентрации загрязнителей (жидкостная tandemная масс-спектрометрия). Геном штамма MX3 был секвенирован для выявления генов, потенциально вовлеченных в деградацию. В жидкой среде комбинация штаммов обеспечивала более интенсивное разложение соединений, чем монокультуры, достигая 8,6 мг/л (C₈) и 8,7 мг/л (C₉) фторид-ионов за 9 суток. В почве наибольшая эффективность деградации также наблюдалась при совместной аугментации M1 + MX3, обеспечивающей снижение концентрации C₉ и C₈ на 74 и 64% соответственно за 60 суток. Монокультура M1 снижала содержание C₉ на 34% и C₈ на 33%, а MX3 — на 42 и 52% соответственно. Секвенирование штамма MX3 выявило гены, участвующие в метаболизме перфтороктансульфоновой и перфторнонановой кислот: *dehH1* (галоацетатдегалогеназа), *CrcB* (транспортер фторид-ионов) и *SsuE* (десульфонирование). Совместное действие штаммов M1 и MX3 повышает эффективность разложения соединений за счет кооперативных метаболических механизмов. Эти штаммы перспективны для биологической очистки загрязненных почв и воды.

Ключевые слова: биodeградация, биоаугментация, *Ensifer adhaerens* M1, *Bacillus* sp. MX3, ремедиация, перфторалкильные соединения

Финансирование. Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда (номер гранта 23-24-00154).

Для цитирования: Стариков С.Н., Шарипов Д.А., Четвериков С.П. Бактериальная ассоциация *Bacillus* sp. MX3 и *Ensifer adhaerens* M1 для эффективной деструкции перфторалкильных соединений // Известия вузов. Прикладная химия и биотехнология. 2026. Т. 16. N 1. С. 101–111. DOI: 10.21285/achb.1026. EDN: LMRWQY.

PHYSICOCHEMICAL BIOLOGY

Original article

Bacterial consortium of *Bacillus* sp. MX3 and *Ensifer adhaerens* M1 for efficient degradation of perfluoroalkyl compounds

Sergei N. Starikov✉, Danil A. Sharipov, Sergei P. Chetverikov

Ufa Institute of Biology of the Ufa Federal Research Center of the Russian Academy of Sciences,
Ufa, Russian Federation

Abstract. As persistent organic pollutants that are resistant to natural degradation, perfluoroalkyl compounds pose a significant threat to ecosystems and human health. The aim of this study was to evaluate the effectiveness of a microbial consortium consisting of *Bacillus* sp. MX3 and *Ensifer adhaerens* M1 for the degradation of perfluorooctanesulfonic

(C₈) and perfluorononanoic (C₉) acids. The experiments were conducted in liquid medium and in a model soil system. Degradation was assessed based on fluoride ion accumulation (ion chromatography) and the decrease in pollutant concentrations (liquid chromatography–tandem mass spectrometry). The genome of strain MX3 was sequenced to identify genes potentially involved in degradation. In liquid medium, the combined use of the strains resulted in a more intensive degradation compared to monocultures, reaching 8.6 mg/L (C₈) and 8.7 mg/L (C₉) of fluoride ions over 9 days. In soil, the highest degradation effectiveness was also observed with co-augmentation of M1 + MX3, resulting in a 74 and 64% reduction in C₉ and C₈ concentrations, respectively, over 60 days. The M1 monoculture reduced C₉ and C₈ levels by 34 and 33%, respectively, while MX3 achieved reductions of 42% and 52%. Sequencing of strain MX3 revealed genes involved in the metabolism of perfluorooctanesulfonic and perfluorononanoic acids, including dehH1 (haloacetate dehalogenase), CrcB (fluoride ion transporter), and SsuE (desulfonation). The combined activity of M1 and MX3 strains enhances degradation effectiveness through cooperative metabolic mechanisms. These strains demonstrate substantial potential for the bioremediation of contaminated soils and water.

Keywords: biodegradation, bioaugmentation, *Ensifer adhaerens* M1, *Bacillus* sp. MX3, remediation, perfluoroalkyl compounds

Funding. The Russian Science Foundation financially supported this work (grant no. 23-24-00154).

For citation: Starikov S.N., Sharipov D.A., Chetverikov S.P. Bacterial consortium of *Bacillus* sp. MX3 and *Ensifer adhaerens* M1 for efficient degradation of perfluoroalkyl compounds. *Proceedings of Universities. Applied Chemistry and Biotechnology*. 2026;16(1):101-111. (In Russian). DOI: 10.21285/achb.1026. EDN: LMRWQY.

ВВЕДЕНИЕ

Полифторалкильные соединения (ПФАС) представляют собой класс устойчивых органических соединений, широко применяемых в промышленности в течение более 50 лет благодаря уникальным характеристикам: химической стабильности, термостойкости, водоотталкивающим и поверхностно-активным свойствам [1, 2]. Они используются в производстве противопожарных пен, фторполимеров, антипригарных покрытий, косметики, моющих средств и других продуктов [3]. В то же время именно их устойчивость к деградации, обусловленная прочной связью C-F, делает их стойкими органическими загрязнителями, способными накапливаться в почвах, грунтовых водах, биологических тканях и даже в отдаленных регионах, таких как Антарктика [4, 5].

Токсическое воздействие этих веществ на здоровье человека и экосистемы вызывает серьезные опасения. ПФАС нарушают работу эндокринной системы, негативно влияют на развитие плода и обладают биоаккумулятивным потенциалом [6]. Все перечисленное привело к включению ряда ПФАС в Стокгольмскую конвенцию о стойких органических загрязнителях [1].

Физико-химические методы ремедиации, такие как адсорбция, мембранная фильтрация, озонирование и пиролиз, остаются дорогостоящими и технически сложными [7, 8]. В этом контексте биodeградация с использованием микроорганизмов рассматривается как экологически безопасная и экономически выгодная альтернатива [9]. Ранние представления о «вечности» ПФАС опровергнуты недавними исследованиями, показавшими способность некоторых бактерий разрушать связь C-F [10]. Однако эффективность отдельных микроорганизмов в деградации ПФАС может быть ограниченной. В то же время микробные ассоциации способны обеспечивать более эффективное разложение этих соединений благодаря различным механизмам. К ним относятся комбинированное действие ферментных систем, создание благоприятных условий для каждого участника сообщества, передача электронов между автотрофными и гетеротрофными видами, поддержание баланса азотного цикла, последовательная трансформация промежуточных продуктов разложения, а

также повышение устойчивости к неблагоприятным условиям и оптимизация метаболических путей [11]. Такой комплексный подход делает микробные сообщества более адаптивными и эффективными в процессах биodeградации.

Целью данного исследования является изучение эффективности микробной ассоциации штаммов *Bacillus* и *Ensifer* в биodeградации ПФАС на примере перфтороктансульфоновой (C₈) и перфторнонановой (C₉) кислот.

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНАЯ ЧАСТЬ

В работе использовали микроорганизмы из коллекции Уфимского института биологии – обособленного структурного подразделения Уфимского федерального исследовательского центра РАН (г. Уфа, Россия), способные к деструкции ПФАС: *Ensifer adhaerens* M1 и *Bacillus* sp. MX3. Ранее было показано, что эти штаммы разлагают перфтороктансульфоновую кислоту (C₈) и перфторнонановую кислоту (C₉) с высвобождением фторид-ионов [12, 13].

Штаммы MX3 и M1 были выделены из почвы с территории испытаний средств пожаротушения методом накопительных культур. Оба штамма депонированы в коллекции микроорганизмов Уфимского института биологии под номерами UIB-252 (MX3) и UIB-50 (M1), а штамм MX3 также во Всероссийскую коллекцию микроорганизмов (ВКМ В-3775D).

Выделение геномной ДНК штамма MX3, полногеномное секвенирование, сборка, проверка качества, аннотация генома, построение минимального филогенетического дерева, идентификация штамма, биоинформационный анализ выполнены по методике, описанной в предыдущем исследовании [14] и также представленной ниже. Геномную ДНК выделяли из биомассы фенол-хлороформным методом [15]. Секвенирование выполнено на оборудовании DNBSEQ-G50 (MGI, Китай), получены парноконцевые прочтения длиной 100 пар нуклеотидов (п.н.). Контроль качества прочтений проведен методом HTQC (High-Throughput Quality Control). Низкокачественные (Q < 25) и короткие (<100 п.н.) прочтения и адаптерные последовательности были удалены с использованием программы Trimomatic версии 0.39 [16].

Геном был собран с помощью программы SPAdes версии 3.15.4 [17]. Для исправления ошибок использовались программы Pilon версии 1.23 [18] и Bowtie2 версии 2.3.5.1 [19]. Для идентификации штамма использованы параметры средней нуклеотидной идентичности (ANI)¹ [20] и цифровой ДНК – ДНК гибридизации (DDH)² [21] с настройками по умолчанию. Континги короче 500 п.н. были удалены. Аннотирование выполнено с помощью программы Prokka версии 1.14.5 [22]. Анализ последовательностей целевых генов был выполнен с помощью сервиса BLAST NCBI [23] при использовании базы данных nr/nt и WGS. Для построения минимального эволюционного древа на основе полученных межгеномных расстояний использована программа FASTME 2.1.6.1 [24]. Древо было укоренено по середине [25] и визуализировано с помощью ресурса iTOL³ [26]. Функциональный анализ, основанный на метаболических и регуляторных путях, выполнен с помощью KEGG [27]. Геном штамма MX3 депонирован в открытом доступе в GenBank (BioProject № PRJNA1145257).

В исследованиях использовали перфторнонановую и перфтороктансульфоновую кислоты (>98%, Sigma Aldrich, США), ацетонитрил и метанол (Merck, Германия) для высокоэффективной жидкостной хроматографии. Остальные реагенты – категории «ч.д.а.». Для оценки дефторирования штаммы культивировались при температуре 28 °С на жидкой минеральной среде Раймонда [28]. В качестве единственного источника углерода и энергии в среду добавляли 100 мг/л C₈ и C₉ кислоты.

Опыт проводили с черноземной почвой фермерского хозяйства органического земледелия. В почву вносили C₈ или C₉ до концентрации 10 мг/кг сухой почвы. Контрольный вариант был без бактерий. Во втором варианте добавляли штамм M1, в третьем – MX3, в обоих случаях с конечной концентрацией 2×10⁷ КОЕ/г почвы. В четвертом варианте использовали комбинацию штаммов MX3 + M1 с общей

концентрацией 2×10⁷ КОЕ/г. Инкубацию проводили при 28±1 °С, поддерживая влажность на уровне 40% от влагоемкости почвы. Эксперимент длился 60 суток.

Экстракцию ПФАС проводили модифицированным методом, описанным в источнике [29]: 3,5 г почвы, 8,5 мл ацетонитрила/воды (9:1), 400 мкл NaOH (2 М), ультразвук (15 мин), встряхивание (30 мин), центрифугирование (10 мин, 11800 g). Супернатанты выпаривали, сухой остаток растворяли в смеси ацетонитрила и воды (2:3).

Численность микроорганизмов определяли посевом с последовательными разведениями на мясо-пептонном агаре (инкубация при 28 °С). Посевы проводили на 30-е и 60-е сутки эксперимента, выражая результат в КОЕ/г.

Определение содержания ионов F⁻ и ПФАС проводили соответственно при помощи ионной хроматографии и жидкостной хромато-масс-спектрометрии, как описано ранее [14].

Статистический анализ выполняли в Microsoft Excel 2021. Эксперименты проводили в трехкратном повторении. Для обработки данных использовали параметрические методы, включая вычисление среднего, стандартного отклонения и двухсторонний t-тест Стьюдента (p = 0,05).

ОБСУЖДЕНИЕ РЕЗУЛЬТАТОВ

Опыт в жидкой среде. На первом этапе эксперимента оценивалась эффективность ассоциации MX3 + M1 и одиночных штаммов по накоплению фторид-ионов в среде, что может служить ключевым индикатором процесса дефторирования и подтверждением биодегградации ПФАС [10].

Ассоциация MX3 + M1 показала наибольшее увеличение в среде F⁻ при разложении C₉: 1,3 мг/л через 2 суток и 8,7 мг/л через 9 суток. Штаммы по отдельности высвобождали в среду меньшие количества ионов фтора: MX3 – 5,8 мг/л, M1 – 5,5 мг/л через 9 суток (рис. 1, а).

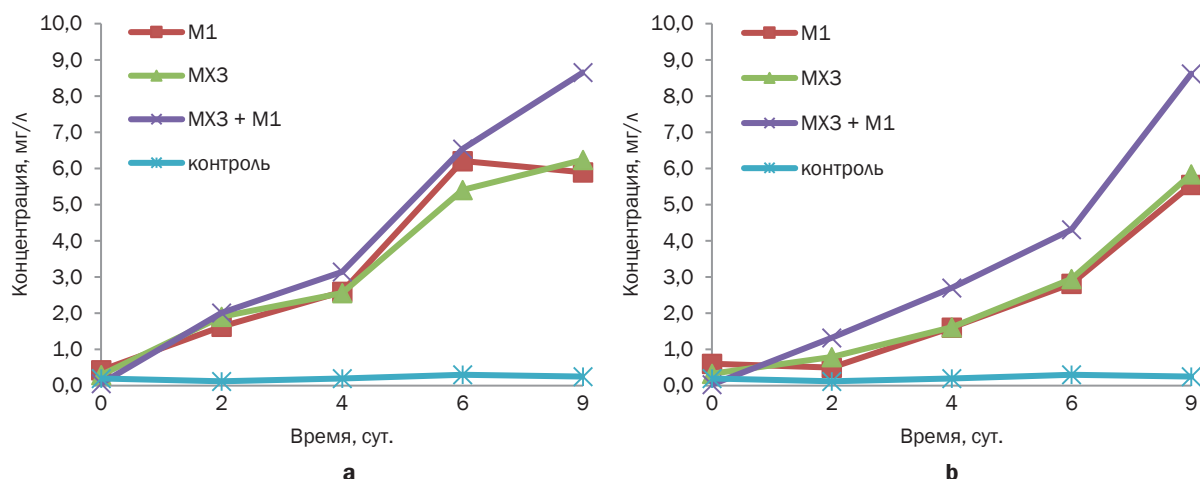


Рис. 1. Динамика накопления фторид-ионов в жидкой среде при разложении перфторнонановой (C₉) (а) перфтороктансульфоновой (C₈) (б) кислот штаммами *Bacillus sp. MX3* и *Ensifer adhaerens* M1 и их ассоциацией

Fig. 1. Dynamics of fluoride ion accumulation in a liquid medium during the decomposition of perfluorononanoic C₉ (а) and sulfonic C₈ (б) by *Bacillus sp. MX3* and *Ensifer adhaerens* M1 strains and their association

¹ ANI Calculation // Ezbiocloud.net. Режим доступа: <https://www.ezbiocloud.net/tools/ani> (дата обращения: 25.02.2026).

² Genome-to-Genome Distance Calculator // Ggdc.dsmz.de. Режим доступа: <https://ggdc.dsmz.de/ggdc.php> (дата обращения: 25.02.2026).

³ ITOL // itol.embl.de. Режим доступа: <https://itol.embl.de/> (дата обращения: 25.02.2026).

Для C_8 совместное внесение штаммов увеличивало концентрацию F до 2 мг/л через 2 суток и 8,6 мг/л через 9 суток, тогда как отдельное применение MX3 и M1 показало меньшую эффективность (рис. 1, b).

В контроле для C_8 и C_9 повышения концентрации фторид-ионов не наблюдалось.

Результаты эксперимента в жидкой среде согласовались с данными предыдущих исследований, демонстрирующих способность некоторых микроорганизмов разлагать ПФАС с выделением ионов фтора [11, 30].

В то же время остается открытым вопрос масштабируемости, так как успешные лабораторные результаты требуют адаптации к реальным условиям [31]. Модельные эксперименты в почве позволяют частично воспроизвести природные условия, обеспечивая более точное понимание биодеструктивного потенциала микроорганизмов в гетерогенных средах. Они служат промежуточным этапом перед полевыми испытаниями, помогая определить оптимальные параметры биоаугментации, включая выбор штаммов, условия культивирования и факторы, влияющие на разложение загрязняющих веществ [32].

Модельный эксперимент в почве. На втором этапе эксперимента проводились модельные испытания в почве для оценки деструктивного потенциала комбинации MX3 + M1.

Результаты эксперимента показали, что ассоциация штаммов MX3 и M1 обеспечила наибольшую эффективность в разложении C_9 и C_8 . В частности, концентрация C_9 снизилась до 7 мг/кг через 30 суток и до 2,6 мг/кг к 60 суткам. В случае одиночной культуры M1 деградация происходила менее интенсивно: содержание соединения практически не изменялось в течение 30 суток, а затем к 60 суткам снизилось до 6,6 мг/кг. Монокультура MX3 показала несколько лучшие результаты, чем M1, но уступила комбинации штаммов: за 30 суток концентрация C_9 уменьшилась до 8,8 мг/кг, а к 60 суткам – до 5,8 мг/кг (рис. 2, a). Аналогичная тенденция выявлена при деградации C_8 : комбинация MX3 + M1 обеспечила снижение концентрации соединения до 3,6 мг/кг к 60 суткам, тогда как монокультуры действовали менее эффективно (4,8 мг/кг для MX3 и 6,7 мг/кг для M1) (рис. 2, b). В контрольных образцах концентрации C_9 и C_8 оставались неизменными на протяжении всего эксперимента.

Анализ динамики численности микроорганизмов выявил некоторые закономерности их адаптации к перфторорганическим соединениям и продуктам их разложения (табл. 1). При разложении исследуемых ПФАС численность бактерий штамма MX3 оставалась в одном порядке на протяжении 60 суток с незначительным снижением, вероятно, связанным со стрессом от присутствия

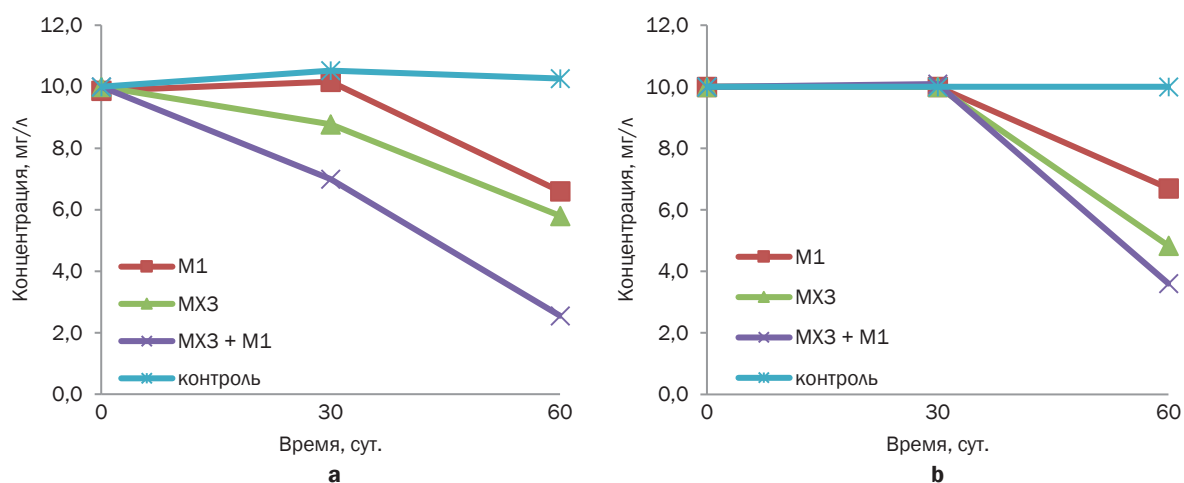


Рис. 2. Снижение концентрации перфторнонановой (C_9) (a) перфтороктансульфоновой (b) (C_8) кислот в почвенном эксперименте штаммами *Bacillus* sp. MX3 и *Ensifer adhaerens* M1 и их ассоциации

Fig. 2. Reduction of perfluorononanoic C_9 (a) and sulfonic C_8 (b) acids in a soil experiment by *Bacillus* sp. MX3 and *Ensifer adhaerens* M1 strains and their association

Таблица 1. Динамика численности штаммов-деструкторов в почве, содержащей перфтороктансульфоновую (C_8) и перфторнонановую (C_9) кислоты, КОЕ/г ($\times 10^6$)

Table 1. Dynamics of destructive strains number in soil containing perfluorooctane sulfonic (C_8) and perfluorononanoic (C_9) acids, CFU/g ($\times 10^6$)

Вариант опыта	C_8			C_9		
	Срок отбора, сут.			Срок отбора, сут.		
	0	30	60	0	30	60
M1	24,6 $\pm$ 2,3	11,8 $\pm$ 1,5	1,4 $\pm$ 0,2	22,2 $\pm$ 1,9	1,2 $\pm$ 0,2	2,4 $\pm$ 0,2
MX3	24,8 $\pm$ 2,5	12,0 $\pm$ 1,2	10,0 $\pm$ 1,1	22,0 $\pm$ 2,2	14,4 $\pm$ 1,5	23,0 $\pm$ 1,9
MX3 + M1	25,0 $\pm$ 2,2	2,0 $\pm$ 0,2	10,3 $\pm$ 0,9	21,9 $\pm$ 2,0	23,8 $\pm$ 2,9	1,0 $\pm$ 0,1
Контроль	15,2 $\pm$ 1,9	0,8 $\pm$ 0,1	$\leq$ 0,1	10,1 $\pm$ 1,2	0,8 $\pm$ 0,1	$\leq$ 0,1

ксенобиотика, с последующим формированием механизмов устойчивости и активации ферментов деградации [33]. К концу эксперимента деградация достигала 52 и 42% соответственно для C_8 и C_9 . Штамм M1 демонстрировал аналогичную динамику деградации (снижение на 33–34% ПФАС), но с более выраженным падением численности (на один порядок), особенно в середине эксперимента. Это может свидетельствовать о токсичности промежуточных продуктов разложения ПФАС, способных ингибировать рост бактерий [34], при этом некоторое увеличение численности к концу эксперимента указывает на возможную адаптацию и повышение эффективности утилизации субстрата.

Ассоциация MX3 + M1 продемонстрировала иную динамику. В случае C_8 титр снижался на порядок к середине опыта, при этом значительного разложения субстрата не наблюдалось. Однако к 60 суткам численность микроорганизмов стремилась к исходной за счет бактерий более устойчивого к токсичным метаболитам штамма MX3, а деструкция достигала 64%. В случае C_9 численность штаммов оставалась стабильной первые 30 суток, что делало его единственным вариантом без спада численности в этот срок. Однако к 60 суткам титр резко снижался до 1×10^6 КОЕ с превалированием бактерий штамма MX3, что являлось ответом на вероятное накопление токсичных метаболитов, образующихся при ускоренной деградации субстрата (разложение ПФАС в этом варианте опыта было максимальным – 74%). В контрольных образцах численность бактерий снизилась на несколько порядков без изменения концентраций загрязнителей. Это свидетельствует об отсутствии раз-

ложения данных соединений природным микробным сообществом почвы в рассматриваемые сроки эксперимента, а также о высокой токсичности ПФАС для естественной микрофлоры.

Сравнение с ранее проведенными исследованиями в гетерогенных средах показывает, что *Rhodococcus jostii* RHA1 снижает концентрацию 6:2 FTSA в песчаной почве на 20% за 25 дней [35], тогда как комбинация штаммов MX3 + M1 разлагает соединение полнее, но за более длительный срок. В то же время эффективность биоразложения ПФАС зависит от химической структуры соединения и типа почвы: соединения с короткими углеродными цепями разлагаются быстрее, а аэробные условия и наличие питательных веществ могут существенно влиять на активность микроорганизмов [36]. Скорость и степень деградации ПФАС также определяются множеством факторов, включая начальную концентрацию загрязнителя и наличие доноров электронов [37]. Этот подход может успешно применяться при разложении галогенированных органических соединений [38, 39] и ПФАС [40].

За последние годы эффективность ассоциаций микроорганизмов была продемонстрирована и в других исследованиях, где ассоциация штаммов способствовала более интенсивному разложению ПФАС по сравнению с одиночными культурами. В частности, в работе [41] показано, что ассоциация штаммов усиливает разложение перфторированных соединений благодаря взаимодействию микроорганизмов: *Luteolibacter* создает благоприятные условия, *Pseudorhodobacter* катализирует десульфурацию и разложение, используя электроны от

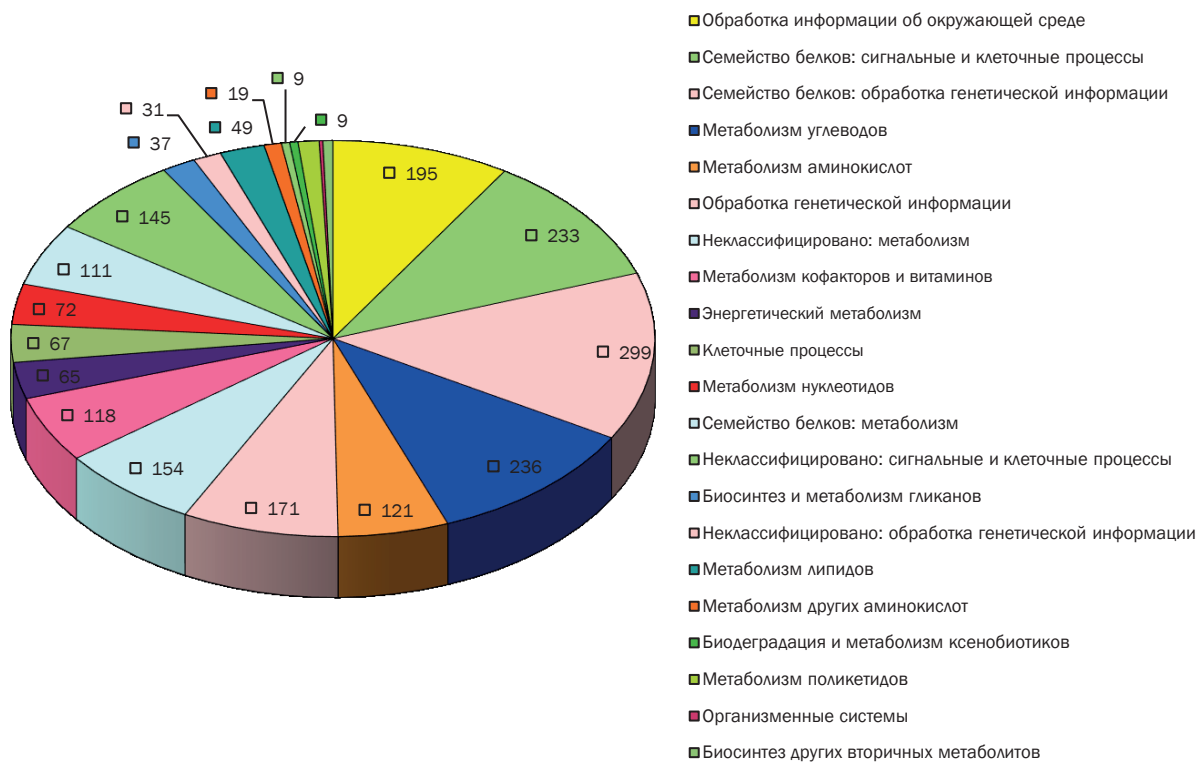


Рис. 3. Распределение генов, аннотированных в геноме штамма *Bacillus sp. MX3*, по функциональным категориям согласно классификации KEGG

Fig. 3. Distribution of genes annotated in the genome of the *Bacillus sp. MX3* strain by functional categories according to the KEGG classification

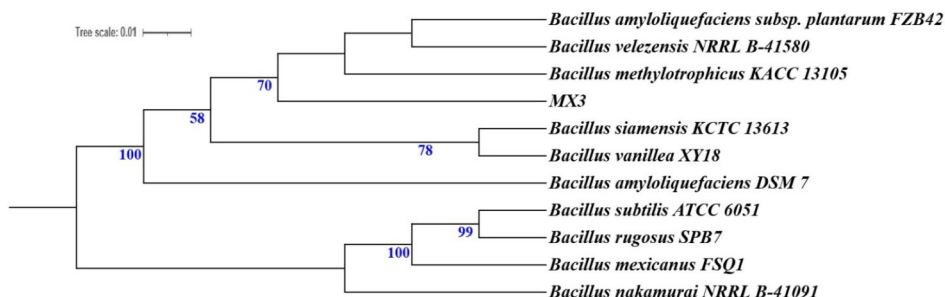


Рис. 4. Полногеномное филогенетическое дерево, отображающее эволюционное положение штамма *Bacillus* sp. MX3

Fig. 4. Genome wide phylogenetic tree showing the evolutionary position of the *Bacillus* sp. MX3 strain

Таблица 2. Генный комплекс *Bacillus* sp. MX3, ответственный за деградацию перфторированных соединений

Table 2. *Bacillus* sp. MX3 gene complex responsible for degradation of perfluorinated compounds

Сокращение	Ген	Функция гена
<i>dehH1</i>	Ген галоацетат дегалогеназы H1	Ферменты класса галоацетат дегалогеназ
<i>CrcB</i>	Ген транспортера фторидов	F-специфические транспортные белки
<i>SsuE</i>	Ген алкансульфонатмонооксигеназы	Десульфирование субстрата

Hydrogenophaga, а *Rhodobacter* и *Rhodopirellula* косвенно поддерживают процесс через азотный цикл. Подобные результаты были показаны и в работе [11], где накопительная культура совместно со штаммом *Acidimicrobium* sp. A6 продемонстрировала более высокий уровень удаления ПФАС, а также активное производство более мелких перфторированных соединений, ацетата и фторид-ионов по сравнению с одиночной культурой A6.

Полногеномное секвенирование. Для исследования механизма деградации ПФАС было проведено полногеномное секвенирование штамма MX3. Аннотирование генома с использованием базы данных KEGG выявило группу генов, вовлеченных в метаболизм ксенобиотиков (рис. 3).

На основе анализа полного генома была предпринята попытка филогенетической идентификации штамма MX3 (рис. 4). Результаты показали, что он принадлежит к роду *Bacillus*, однако точная видовая классификация, даже при наличии полной геномной информации, оказалась затруднительной. В связи с этим штамм был отнесен к таксономической группе *Bacillus* sp.

Ранее штамм *Ensifer adhaerens* M1 продемонстрировал способность к деструкции перфторированных соединений, что свидетельствует о его потенциале в биоремедиации стойких органических загрязнителей [12]. Хотя конкретные гены, ответственные за деградацию перфторированных соединений у *Ensifer adhaerens* M1, в настоящее время не идентифицированы, известно, что представители рода *Ensifer* обладают спектром метаболических путей, позволяющих им разлагать сложные органические молекулы, включая галогенсодержащие ксенобиотики [42].

Возможное взаимодействие штаммов *Bacillus* sp. MX3 и *Ensifer adhaerens* M1 в деградации перфторированных соединений может быть обусловлено взаимодополняющими генетическими механизмами. Анализ полного генома *Bacillus* sp. MX3 выявил ряд генов, потенциально вовлеченных в процессы разложения

перфторированных соединений и устойчивости к фтору (табл. 2). В частности, ген *dehH1* кодирует ферменты класса галоацетатдегалогеназ, способные разрывать углерод-галогеновые связи, что делает их перспективными кандидатами для биodeградации органо-галогеновых соединений, включая фторорганику [43]. Ген *CrcB* кодирует белок-транспортер, участвующий в выведении фторид-ионов из клетки, снижая их токсическое воздействие, что может иметь значение при разложении перфторированных соединений [44]. Кроме того, ген *SsuE* участвует в десульфировании субстратов при дефиците серы, что может способствовать разложению сульфированных перфторированных соединений [45].

С другой стороны, *Ensifer adhaerens* M1 может обладать дополнительными ферментативными системами, дополняющими или усиливающими деградацию, инициированную *Bacillus* sp. MX3. Взаимодействие этих штаммов может привести к более эффективному разложению стойких перфторированных загрязнителей за счет комбинированного действия различных катаболических путей, увеличения скорости трансформации субстратов и снижения токсичности продуктов деградации.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Результаты исследования показывают, что совокупное действие ферментных систем и устойчивость к продуктам метаболизма ПФАС делают ассоциацию микроорганизмов *Bacillus* sp. MX3 и *Ensifer adhaerens* M1 эффективной основой для биоремедиации окружающей среды, загрязненной фторорганическими соединениями. Использование штаммов в ассоциации способствует более активному разложению C_3 и C_9 ПФАС как в почве, так и в жидкой среде, что подтверждает их перспективность в качестве инновационной технологии для очистки загрязненных объектов.

Тем не менее для дальнейшего развития данной технологии требуются дополнительные исследования.

Они должны быть направлены на детальный анализ метаболитов, образующихся при разложении ПФАС, изучение механизмов взаимодействия микроорга-

низмов в ассоциации, а также оптимизацию условий для практического применения бактериальных ассоциаций в реальных экосистемах.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Stockholm convention secretariat // Conference of the parties of the Stockholm convention on persistent organic pollutants on the work of its 4th meeting (Geneva, 4–8 May 2009). Geneva: Stockholm Convention Secretariat, 2009. P. 66–69.
2. Leung S.C.E., Wanninayake D., Chen D., Nguyen N.-T., Li Q. Physicochemical properties and interactions of perfluoroalkyl substances (PFAS)-Challenges and opportunities in sensing and remediation // *Science of the Total Environment*. 2023. Vol. 905. P. 166764. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2023.166764.
3. Gaines L.G. Historical and current usage of per- and polyfluoroalkyl substances (PFAS): a literature review // *American Journal of Industrial Medicine*. 2023. Vol. 66, no. 5. P. 353–378. DOI: 10.1002/ajim.23362.
4. Kim D.-H., Lee H., Kim K., Kim S., Kim J.H., Ko Y.W., et al. Persistent organic pollutants in the Antarctic marine environment: the influence impacts of human activity, regulations, and climate change // *Environmental Pollution*. 2024. Vol. 363, no. 1. P. 125100. DOI: 10.1016/j.envpol.2024.125100.
5. Kurwadkar S., Dane J., Kanel S.R., Nadagouda M.N., Cawdrey R.W., Ambade B., et al. Per- and polyfluoroalkyl substances in water and wastewater: a critical review of their global occurrence and distribution // *Science of the Total Environment*. 2022. Vol. 809. P. 151003. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2021.151003.
6. Fenton S.E., Ducatman A., Boobis A., DeWitt J.C., Lau C., Ng C., et al. Per- and polyfluoroalkyl substance toxicity and human health review: Current state of knowledge and strategies for informing future research // *Environmental Toxicology and Chemistry*. 2021. Vol. 40, no. 3. P. 606–630. DOI: 10.1002/etc.4890.
7. Kabiri S., Navarro D.A., Hamad S.A., Grimison C., Higgins C.P., Mueller J.F., et al. Physical and chemical properties of carbon-based sorbents that affect the removal of per- and polyfluoroalkyl substances from solution and soil // *Science of the Total Environment*. 2023. Vol. 875. P. 162653. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2023.162653.
8. Nzeribe B.N., Crimi M., Mededovic Thagard S., Holsen T.M. Physico-chemical processes for the treatment of per- and polyfluoroalkyl substances (PFAS): a review // *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*. 2019. Vol. 49, no. 10. P. 866–915. DOI: 10.1080/10643389.2018.1542916.
9. Zhou T., Li X., Liu H., Zhang Z., Wang Z., Li J., et al. Occurrence, fate, and remediation for per- and polyfluoroalkyl substances (PFAS) in sewage sludge: a comprehensive review // *Journal of Hazardous Materials*. 2024. Vol. 466. P. 133637. DOI: 10.1016/j.jhazmat.2024.133637.
10. Smorada C.M., Sima M.W., Jaffé P.R. Bacterial degradation of perfluoroalkyl acids // *Current Opinion in Biotechnology*. 2024. Vol. 88. P. 103170. DOI: 10.1016/j.copbio.2024.103170.
11. Huang S., Jaffé P. Defluorination of perfluorooctanoic acid (PFOA) and perfluorooctane sulfonate (PFOS) by *Acidimicrobium* sp. strain A6 // *Environmental Science & Technology*. 2019. Vol. 53, no. 19. P. 11410–11419. DOI: 10.1021/acs.est.9b04047.
12. Chetverikov S.P., Loginov O.N. A new *Ensifer adhaerens* strain M1 is capable of transformation of perfluorocarboxylic acids // *Microbiology*. 2019. Vol. 88, no. 1. P. 115–117. DOI: 10.1134/S0026261718060085. EDN: PMPMPI.
13. Шарипов Д.А., Худайгулов Г.Г., Стариков С.Н., Четвериков С.П. Дефторирование микроорганизмами новых фторорганических поллютантов // *Естественные и технические науки*. 2023. N 9. С. 10–13. DOI: 10.25633/ETN.2023.09.01. EDN: XRFCWC.
14. Chetverikov S., Hkudaigulov G., Sharipov D., Starikov S. Probable new species of bacteria of the genus *Pseudomonas* accelerates and enhances the destruction of perfluorocarboxylic acids // *Toxics*. 2024. Vol. 12. P. 930. DOI: 10.3390/toxics12120930.
15. Sambrook J., Russell D.W. Purification of nucleic acids by extraction with phenol:chloroform // *Cold Spring Harbor Protocols*. 2006. Vol. 3. P. 4455. DOI: 10.1101/pdb.prot4455.
16. Bolger A.M., Lohse M., Usadel B. Trimmomatic: a flexible trimmer for illumina sequence data // *Bioinformatics*. 2014. Vol. 30, no. 15. P. 2114–2120. DOI: 10.1093/bioinformatics/btu170.
17. Bankevich A., Nurk S., Antipov D., Gurevich A., Dvorkin M., Kulikov A.S., et al. SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing // *Journal of Computational Biology*. 2012. Vol. 19. P. 455–477. DOI: 10.1089/cmb.2012.0021.
18. Walker B.J., Abeel T., Shea T., Priest M., Abouelliel A., Sakthikumar S., et al. Pilon: an integrated tool for comprehensive microbial variant detection and genome assembly improvement // *PLoS One*. 2014. Vol. 9. P. e112963. DOI: 10.1371/journal.pone.0112963.
19. Langmead B., Salzberg S.L. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2 // *Nature Methods*. 2012. Vol. 9. P. 357–359. DOI: 10.1038/nmeth.1923.
20. Yoon S.-H., Ha S.-M., Lim J., Kwon S., Chun J. A large-scale evaluation of algorithms to calculate average nucleotide identity // *Antonie Van Leeuwenhoek*. 2017. Vol. 110. P. 1281–1286. DOI: 10.1007/s10482-017-0844-4.
21. Meier-Kolthoff J.P., Sardà Carbasse J., Peinado-Olarte R.L., Göker M. TYGS and LPSN: a database tandem for fast and reliable genome-based classification and nomenclature of prokaryotes // *Nucleic Acids Research*. 2022. Vol. 50, no. D1. P. D801–D807. DOI: 10.1093/nar/gkab902.
22. Seemann T. Prokka: rapid prokaryotic genome annotation // *Bioinformatics*. 2014. Vol. 30. P. 2068–2069. DOI: 10.1093/bioinformatics/btu153.
23. Altschul S.F., Gish W., Miller W., Myers E.W., Lipman D.J. Basic local alignment search tool // *Journal of Molecular Biology*. 1990. Vol. 215. P. 403–410. DOI: 10.1016/S0022-2836(05)80360-2.
24. Lefort V., Desper R., Gascuel O. FastME 2.0: a comprehensive, accurate, and fast distance-based phylogeny inference program // *Molecular Biology and Evolution*. 2015. Vol. 32. P. 2798–2800. DOI: 10.1093/molbev/msv150.
25. Farris J.S. Estimating phylogenetic trees from distance matrices // *American Naturalist*. 1972. Vol. 6. P. 645–667.

26. Letunic I., Bork P. Interactive Tree of Life (iTOL) v5: an online tool for phylogenetic tree display and annotation // *Nucleic Acids Research*. 2021. Vol. 49. P. W293–W296. DOI: 10.1093/nar/gkab301.
27. Kanehisa M. KEGG: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes // *Nucleic Acids Research*. 2000. Vol. 28, no. 1. P. 27–30. DOI: 10.1093/nar/28.1.27.
28. Raymond R.L. Microbial oxidation of *n*-paraffinic hydrocarbons // *Development Industrial Microbiology*. 1961. Vol. 2, no. 1. P. 23–32.
29. Rankin K., Mabury S.A., Jenkins T.M., Washington J.W. A North American and global survey of perfluoroalkyl substances in surface soils: distribution patterns and mode of occurrence // *Chemosphere*. 2016. Vol. 161. P. 333–341. DOI: 10.1016/j.chemosphere.2016.06.109.
30. Park J., Huang S., Koel B.E., Jaffé P.R. Enhanced Feammox activity and perfluorooctanoic acid (PFOA) degradation by *Acidimicrobium* sp. strain A6 using PAA-coated ferrihydrite as an electron acceptor // *Journal of Hazardous Materials*. 2023. Vol. 459. P. 132039. DOI: 10.1016/j.jhazmat.2023.132039.
31. Soil remediation science and technology / eds J.J. Ortega-Calvo, F. Coulon. Cham: Springer, 2024. 437 p. DOI: 10.1007/978-3-031-60192-7.
32. Hassard F., Castro-Gutierrez V. Fundamental and practical advances in bioremediation of emerging pollutants as add-on treatments for polluted waters // *Frontiers in Microbiology*. 2024. Vol. 15. P. 1514698. DOI: 10.3389/fmicb.2024.1514698.
33. Kognou A.L.M., Ngane R.A.N., Jiang Z.-H., Xu C.C., Qin W., Inui H. Harnessing the power of microbial consortia for the biodegradation of per- and polyfluoroalkyl substances: challenges and opportunities // *Chemosphere*. 2025. Vol. 374. P. 144221. DOI: 10.1016/j.chemosphere.2025.144221.
34. Tripathi V., Edrisi S.A., Aloo B.N., Fraceto L.F., Srivastava V., Pant G. Environmental remediation strategies of new and emerging chemical contaminants // *Frontiers in Environmental Chemistry*. 2024. Vol. 5. P. 1500489. DOI: 10.3389/fenvc.2024.1500489.
35. Yang S.-H., Shan L., Chu K.-H. Fate and transformation of 6:2 fluorotelomer sulfonic acid affected by plant, nutrient, bioaugmentation, and soil microbiome interactions // *Environmental Science & Technology*. 2022. Vol. 56, no. 15. P. 10721–10731. DOI: 10.1021/acs.est.2c01867.
36. Hu M., Scott C. Toward the development of a molecular toolkit for the microbial remediation of per- and polyfluoroalkyl substances // *Applied and Environmental Microbiology*. 2024. Vol. 90, no. 4. P. e00157–e00124. DOI: 10.1128/aem.00157-24.
37. Yan P.-F., Dong S., Pennell K.D., Cápiro N.L. A review of the occurrence and microbial transformation of per- and polyfluoroalkyl substances (PFAS) in aqueous film-forming foams (AFFFs)-impacted environments // *Science of The Total Environment*. 2024. Vol. 927. P. 171883. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2024.171883.
38. Olaniran A.O., Pillay D., Pillay B. Biostimulation and bioaugmentation enhances aerobic biodegradation of dichloroethenes // *Chemosphere*. 2006. Vol. 63, no. 4. P. 600–608. DOI: 10.1016/j.chemosphere.2005.08.027.
39. Willmann A., Trautmann A.L., Kushmaro A., Tiehm A. Intrinsic and bioaugmented aerobic trichloroethene degradation at seven sites // *Heliyon*. 2023. Vol. 9, no. 2. P. e13485. DOI: 10.1016/j.heliyon.2023.e13485.
40. Bolan N., Sarkar B., Yan Y., Li Q., Wijesekara H., Kannan K., et al. Remediation of poly- and perfluoroalkyl substances (PFAS) contaminated soils – to mobilize or to immobilize or to degrade? // *Journal of Hazardous Materials*. 2021. Vol. 401. P. 123892. DOI: 10.1016/j.jhazmat.2020.123892.
41. Yao S., Zhang H., Zhang J., Luo Y., Zhou Q., Kong M. Microbial adaptation and biodegradation mechanisms of perfluorinated compounds in different functional zones of the Yellow River Delta, China // *Process Safety and Environmental Protection*. 2024. Vol. 187. P. 1037–1046. DOI: 10.1016/j.psep.2024.04.142.
42. Zhao Y.X., Wang L., Chen K.X., Jiang N.D., Sun S.L., Ge F., et al. Biodegradation of flonicamid by *Ensifer adhaerens* CGMCC 6315 and enzymatic characterization of the nitrile hydratases involved // *Microbial Cell Factories*. 2021. Vol. 20. P. 133. DOI: 10.1186/s12934-021-01620-4.
43. Sota M., Endo M., Nitta K., Kawasaki H., Tsuda M. Characterization of a class II defective transposon carrying two haloacetate dehalogenase genes from *Delftia acidovorans* plasmid pU01 // *Applied and Environmental Microbiology*. 2002. Vol. 68, no. 5. P. 2307–2315. DOI: 10.1128/AEM.68.5.2307-2315.2002.
44. Calero P., Gurdo N., Pablo I. Role of the CrcB transporter of *Pseudomonas putida* in the multi-level stress response elicited by mineral fluoride // *Environmental Microbiology*. 2022. Vol. 24, no. 11. P. 5082–5104. DOI: 10.1111/1462-2920.16110.
45. Chulwoo P., Bora S., Park W. Protective role of bacterial alkanesulfonate monooxygenase under oxidative stress // *Applied and Environmental Microbiology*. 2020. Vol. 86, no. 15. P. e00692–e00720. DOI: 10.1128/AEM.00692-20.

REFERENCES

1. Stockholm convention secretariat. In: *Conference of the parties of the Stockholm convention on persistent organic pollutants on the work of its 4th meeting*. 4–8 May 2009, Geneva. Geneva: Stockholm Convention Secretariat; 2009, p. 66–69.
2. Leung S.C.E., Wanninayake D., Chen D., Nguyen N.-T., Li Q. Physicochemical properties and interactions of perfluoroalkyl substances (PFAS)-Challenges and opportunities in sensing and remediation. *Science of the Total Environment*. 2023;905:166764. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2023.166764.
3. Gaines L.G. Historical and current usage of per- and polyfluoroalkyl substances (PFAS): a literature review. *American Journal of Industrial Medicine*. 2023;66(5):353–378. DOI: 10.1002/ajim.23362.
4. Kim D.-H., Lee H., Kim K., Kim S., Kim J.H., Ko Y.W., et al. Persistent organic pollutants in the Antarctic marine environment: the influence impacts of human activity, regulations, and climate change. *Environmental Pollution*. 2024;363(1):125100. DOI: 10.1016/j.envpol.2024.125100.
5. Kurwadkar S., Dane J., Kanel S.R., Nadagouda M.N., Cawdrey R.W., Ambade B., et al. Per- and polyfluoroalkyl substances in water and wastewater: a critical review of their global occurrence and distribution. *Science of the Total Environment*. 2022;809:151003. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2021.151003.

6. Fenton S.E., Ducatman A., Boobis A., DeWitt J.C., Lau C., Ng C., et al. Per- and polyfluoroalkyl substance toxicity and human health review: Current state of knowledge and strategies for informing future research. *Environmental Toxicology and Chemistry*. 2021;40(3):606-630. DOI: 10.1002/etc.4890.
7. Kabiri S., Navarro D.A., Hamad S.A., Grimison C., Higgins C.P., Mueller J.F., et al. Physical and chemical properties of carbon-based sorbents that affect the removal of per- and polyfluoroalkyl substances from solution and soil. *Science of the Total Environment*. 2023;875:162653. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2023.162653.
8. Nzeribe B.N., Crimi M., Mededovic Thagard S., Holsen T.M. Physico-chemical processes for the treatment of per- and polyfluoroalkyl substances (PFAS): a review. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*. 2019;49(10):866-915. DOI: 10.1080/10643389.2018.1542916.
9. Zhou T., Li X., Liu H., Zhang Z., Wang Z., Li J., et al. Occurrence, fate, and remediation for per- and polyfluoroalkyl substances (PFAS) in sewage sludge: a comprehensive review. *Journal of Hazardous Materials*. 2024;466:133637. DOI: 10.1016/j.jhazmat.2024.133637.
10. Smorada C.M., Sima M.W., Jaffé P.R. Bacterial degradation of perfluoroalkyl acids. *Current Opinion in Biotechnology*. 2024;88:103170. DOI: 10.1016/j.copbio.2024.103170.
11. Huang S., Jaffé P. Defluorination of perfluorooctanoic acid (PFOA) and perfluorooctane sulfonate (PFOS) by *Acidimicrobium* sp. strain A6. *Environmental Science & Technology*. 2019;53(19):11410-11419. DOI: 10.1021/acs.est.9b04047.
12. Chetverikov S.P., Loginov O.N. A new *Ensifer adhaerens* strain M 1 is capable of transformation of perfluorocarboxylic acids. *Microbiology*. 2019;88(1):115-117. DOI: 10.1134/S0026261718060085. EDN: PMPMPI.
13. Sharipov D.A., Khudaigulov G.G., Starikov S.N., Chetverikov S.P. Defluorination of new organofluorine pollutants by microorganisms. *Natural and technical sciences*. 2023;9:10-13. (In Russian). DOI: 10.25633/ETN.2023.09.01. EDN: XRFCWC.
14. Chetverikov S., Hkudaigulov G., Sharipov D., Starikov S. Probable new species of bacteria of the genus *Pseudomonas* accelerates and enhances the destruction of perfluorocarboxylic acids. *Toxics*. 2024;12:930. DOI: 10.3390/toxics12120930.
15. Sambrook J., Russell D.W. Purification of nucleic acids by extraction with phenol:chloroform. *Cold Spring Harbor Protocols*. 2006;3:4455. DOI: 10.1101/pdb.prot4455.
16. Bolger A.M., Lohse M., Usadel B. Trimmomatic: a flexible trimmer for illumina sequence data. *Bioinformatics*. 2014;30(15):2114-2120. DOI: 10.1093/bioinformatics/btu170.
17. Bankevich A., Nurk S., Antipov D., Gurevich A., Dvorkin M., Kulikov A.S., et al. SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing. *Journal of Computational Biology*. 2012;19:455-477. DOI: 10.1089/cmb.2012.0021.
18. Walker B.J., Abeel T., Shea T., Priest M., Abouelliel A., Sakthikumar S., et al. Pilon: an integrated tool for comprehensive microbial variant detection and genome assembly improvement. *PLoS One*. 2014;9:e112963. DOI: 10.1371/journal.pone.0112963.
19. Langmead B., Salzberg S.L. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nature Methods*. 2012;9:357-359. DOI: 10.1038/nmeth.1923.
20. Yoon S.-H., Ha S.-M., Lim J., Kwon S., Chun J. A large-scale evaluation of algorithms to calculate average nucleotide identity. *Antoine Van Leeuwenhoek*. 2017;110:1281-1286. DOI: 10.1007/s10482-017-0844-4.
21. Meier-Kolthoff J.P., Sardà Carbasse J., Peinado-Olarte R.L., Göker M. TYGS and LPSN: a database tandem for fast and reliable genome-based classification and nomenclature of prokaryotes. *Nucleic Acids Research*. 2022;50(D1):D801-D807. DOI: 10.1093/nar/gkab902.
22. Seemann T. Prokka: rapid prokaryotic genome annotation. *Bioinformatics*. 2014;30:2068-2069. DOI: 10.1093/bioinformatics/btu153.
23. Altschul S.F., Gish W., Miller W., Myers E.W., Lipman D.J. Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*. 1990;215:403-410. DOI: 10.1016/S0022-2836(05)80360-2.
24. Lefort V., Desper R., Gascuel O. FastME 2.0: a comprehensive, accurate, and fast distance-based phylogeny inference program. *Molecular Biology and Evolution*. 2015;32:2798-2800. DOI: 10.1093/molbev/msv150.
25. Farris J.S. Estimating phylogenetic trees from distance matrices. *American Naturalist*. 1972;6:645-667.
26. Letunic I., Bork P. Interactive Tree of Life (iTOL) v5: an online tool for phylogenetic tree display and annotation. *Nucleic Acids Research*. 2021;49:W293-W296. DOI: 10.1093/nar/gkab301.
27. Kanehisa M. KEGG: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes. *Nucleic Acids Research*. 2000;28(1):27-30. DOI: 10.1093/nar/28.1.27.
28. Raymond R.L. Microbial oxidation of *n*-paraffinic hydrocarbons. *Development Industrial Microbiology*. 1961;2(1):23-32.
29. Rankin K., Mabury S.A., Jenkins T.M., Washington J.W. A North American and global survey of perfluoroalkyl substances in surface soils: distribution patterns and mode of occurrence. *Chemosphere*. 2016;161:333-341. DOI: 10.1016/j.chemosphere.2016.06.109.
30. Park J., Huang S., Koel B.E., Jaffé P.R. Enhanced Feammox activity and perfluorooctanoic acid (PFOA) degradation by *Acidimicrobium* sp. strain A6 using PAA-coated ferrihydrite as an electron acceptor. *Journal of Hazardous Materials*. 2023;459:132039. DOI: 10.1016/j.jhazmat.2023.132039.
31. Ortega-Calvo J.J., Coulon F. *Soil remediation science and technology*. Cham: Springer; 2024, 437 p. DOI: 10.1007/978-3-031-60192-7.
32. Hassard F., Castro-Gutierrez V. Fundamental and practical advances in bioremediation of emerging pollutants as add-on treatments for polluted waters. *Frontiers in Microbiology*. 2024;15:1514698. DOI: 10.3389/fmicb.2024.1514698.
33. Kognou A.L.M., Ngane R.A.N., Jiang Z.-H., Xu C.C., Qin W., Inui H. Harnessing the power of microbial consortia for the biodegradation of per- and polyfluoroalkyl substances: challenges and opportunities. *Chemosphere*. 2025;374:144221. DOI: 10.1016/j.chemosphere.2025.144221.
34. Tripathi V., Edrisi S.A., Aloo B.N., Fraceto L.F., Srivastava V., Pant G. Environmental remediation strategies of new and emerging chemical contaminants. *Frontiers in Environmental Chemistry*. 2024;5:1500489. DOI: 10.3389/fenvc.2024.1500489.
35. Yang S.-H., Shan L., Chu K.-H. Fate and transformation of 6:2 fluorotelomer sulfonic acid affected by plant,

nutrient, bioaugmentation, and soil microbiome interactions. *Environmental Science & Technology*. 2022;56(15):10721-10731. DOI: 10.1021/acs.est.2c01867.

36. Hu M., Scott C. Toward the development of a molecular toolkit for the microbial remediation of per- and polyfluoroalkyl substances. *Applied and Environmental Microbiology*. 2024;90(4):e00157-e00124. DOI: 10.1128/aem.00157-24.

37. Yan P.-F., Dong S., Pennell K.D., Cápiro N.L. A review of the occurrence and microbial transformation of per- and polyfluoroalkyl substances (PFAS) in aqueous film-forming foams (AFFFs)-impacted environments. *Science of the Total Environment*. 2024. Vol. 927. P. 171883. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2024.171883.

38. Olaniran A.O., Pillay D., Pillay B. Biostimulation and bioaugmentation enhances aerobic biodegradation of dichloroethenes. *Chemosphere*. 2006;63(4):600-608. DOI: 10.1016/j.chemosphere.2005.08.027.

39. Willmann A., Trautmann A.L., Kushmaro A., Tiehm A. Intrinsic and bioaugmented aerobic trichloroethene degradation at seven sites. *Heliyon*. 2023;9(2):e13485. DOI: 10.1016/j.heliyon.2023.e13485.

40. Bolan N., Sarkar B., Yan Y., Li Q., Wijesekara H., Kannan K., et al. Remediation of poly- and perfluoroalkyl substances (PFAS) contaminated soils – to mobilize or to immobilize or to degrade? *Journal of Hazardous Materials*. 2021;401:123892. DOI: 10.1016/j.jhazmat.2020.123892.

41. Yao S., Zhang H., Zhang J., Luo Y., Zhou Q., Kong M. Microbial adaptation and biodegradation mechanisms of perfluorinated compounds in different functional zones of the Yellow River Delta, China. *Process Safety and Environmental Protection*. 2024;187:1037-1046. DOI: 10.1016/j.psep.2024.04.142.

42. Zhao Y.X., Wang L., Chen K.X., Jiang N.D., Sun S.L., Ge F., et al. Biodegradation of flonicamid by *Ensifer adhaerens* CGMCC 6315 and enzymatic characterization of the nitrile hydratases involved. *Microbial Cell Factories*. 2021;20:133. DOI: 10.1186/s12934-021-01620-4.

43. Sota M., Endo M., Nitta K., Kawasaki H., Tsuda M. Characterization of a class II defective transposon carrying two haloacetate dehalogenase genes from *Delftia acidovorans* plasmid pUO1. *Applied and Environmental Microbiology*. 2002;68(5):2307-2315. DOI: 10.1128/AEM.68.5.2307-2315.2002.

44. Calero P., Gurdo N., Pablo I. Role of the CrcB transporter of *Pseudomonas putida* in the multi-level stress response elicited by mineral fluoride. *Environmental Microbiology*. 2022;24(11):5082-5104. DOI: 10.1111/1462-2920.16110.

45. Chulwoo P., Bora S., Park W. Protective role of bacterial alkanesulfonate monooxygenase under oxidative stress. *Applied and Environmental Microbiology*. 2020;86(15):e00692-e00720. DOI: 10.1128/AEM.00692-20.

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ

Стариков Сергей Николаевич,

младший научный сотрудник,
Уфимский институт биологии –
обособленное структурное подразделение
Уфимского федерального
исследовательского центра РАН,
450054, г. Уфа, пр. Октября, 69,
Российская Федерация,
✉ senik0406@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0001-9681-5762>

Шарипов Данил Альмирович,

младший научный сотрудник,
Уфимский институт биологии –
обособленное структурное подразделение
Уфимского федерального
исследовательского центра РАН,
450054, г. Уфа, пр. Октября, 69,
Российская Федерация,
Male886@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0001-5567-2902>

Четвериков Сергей Павлович,

д.б.н., заведующий лабораторией,
ведущий научный сотрудник,
Уфимский институт биологии –
обособленное структурное подразделение
Уфимского федерального
исследовательского центра РАН,
450054, г. Уфа, пр. Октября, 69,
Российская Федерация,
Che-kov@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-7961-1503>

INFORMATION ABOUT THE AUTHORS

Sergei N. Starikov,

Junior Researcher,
Ufa Institute of Biology
of the Ufa Federal Research Center
of the Russian Academy of Sciences,
69, Oktyabrya Ave., Ufa, 450054,
Russian Federation,
✉ senik0406@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0001-9681-5762>

Danil A. Sharipov,

Junior Researcher,
Ufa Institute of Biology
of the Ufa Federal Research Center
of the Russian Academy of Sciences,
69, Oktyabrya Ave., Ufa, 450054,
Russian Federation,
male886@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0001-5567-2902>

Sergei P. Chetverikov,

Dr. Sci. (Biology), Head of the Laboratory,
Leading Researcher,
Ufa Institute of Biology
of the Ufa Federal Research Center
of the Russian Academy of Sciences,
69, Oktyabrya Ave., Ufa, 450054,
Russian Federation,
che-kov@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-7961-1503>

Вклад авторов

С.Н. Стариков – формальный анализ, проведение исследования, валидация результатов, визуализация, написание черновика рукописи.
Д.А. Шарипов – проведение исследования, визуализация, редактирование рукописи.
С.П. Четвериков – разработка концепции, разработка методологии, курирование данных, получение финансирования, проведение исследования, административное руководство исследовательским проектом, научное руководство, редактирование рукописи.

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Все авторы прочитали и одобрили окончательный вариант рукописи.

Информация о статье

Поступила в редакцию 07.03.2025.
Одобрена после рецензирования 16.06.2025.
Принята к публикации 20.03.2026.

Contribution of the authors

Sergei N. Starikov – formal analysis, investigation, validation, visualization, writing – original draft.
Danil A. Sharipov – investigation, visualization, editing.
Sergei P. Chetverikov – conceptualization, methodology, data curation, funding acquisition, investigation, project administration, supervision, editing.

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interests regarding the publication of this article.

The final manuscript has been read and approved by all the co-authors.

Information about the article

The article was submitted 07.03.2025.
Approved after reviewing 16.06.2025.
Accepted for publication 20.03.2026.