

ВПЛИВ КСЕНОБІОТИКІВ НА ЯКІСНИЙ СКЛАД ПРОКАРІОТ ВОДНОЇ ЕКОСИСТЕМИ ЧОРНОГО МОРЯ

М.О. ПАВЛОВСЬКА, аспірантка,
Національний університет біоресурсів
і природокористування України, науковий співробітник, Державна
Установа Національний антарктичний науковий центр МОН України
E-mail: mawwwa88@gmail.com

Л. І. СОЛОМЕНКО, кандидат біологічних наук, доцент кафедри
загальної екології та безпеки життєдіяльності,
Національний університет біоресурсів і природокористування
E-mail: sollud@nubip.edu.ua

Є. П. ПРЕКРАСНА, кандидат біологічних наук, старший науковий
співробітник,
Державна Установа Національний антарктичний науковий центр МОН
України
E-mail: preckrasna@gmail.com

Є. О. ДИКИЙ, кандидат біологічних наук, директор,
Державна Установа Національний антарктичний науковий центр МОН
E-mail: evgen.dykyi@gmail.com

Анотація. Процеси біотрансформації та біоремедіації, ключову роль у яких відіграють угруповання мікроорганізмів, виконують значну роль у вилученні токсичних речовин із трофічних ланцюгів екосистеми. Роль мікроорганізмів у розкладі ксенобіотиків є особливо важливою у водних екосистемах напівзакритого типу зі значним річковим стоком – таких, як Чорне море. Згідно з даними проекту ПРООН ЕМБЛАС у водах Чорного моря було відмічено наявність низки поліароматичних вуглеводнів та хлорорганічних сполук, концентрація яких перевищувала гранично допустимі норми. Саме тому для дослідження функціональної відповіді екосистеми Чорного моря на вплив забруднюючих речовин, ми провели молекулярно-генетичну оцінку таксономічного біорізноманіття мікробних угруповань для виявлення таксонів, потенційно здатних до біотрансформації ксенобіотиків. Дослідні зразки морської води та донних осадових відкладів було відібрано в серпні-вересні 2017 року в рамках дослідницького рейсу (Joint Open Sea Survey) проекту EMBLAS-II. Подальший аналіз включав екстракцію ДНК зі зразків та проведення секвенування на платформі Ion Proton для визначення таксономічного біорізноманіття мікробних угруповань. Нами була показана наявність бактерій, що належать до таксономічних груп із попередньо експериментально визначеною здатністю до біотрансформації ксенобіотиків у водній товщі та донних осадах Чорного моря. Так, представники таких таксонів,

як *Rhodobacteraceae*, *Rhodospirillaceae*, *Halomonadaceae*, *Oceanospirillaceae*, *Alcanivoracaceae*, *Bacilliaceae*: *Actinomycetales* та *Acidobacteriaceae* були присутні в угрупованнях бактеріопланктону на всіх станціях дослідницького полігону. В угрупованнях донних осади значну частку становили представники *Alteromonadales* та *Piscirickettsiaceae*, здатні до розкладу поліароматичних вуглеводнів, а також *Desulfuromonadaceae*, *Desulfobacteraceae*, *Syntrophaceae*, *Peptococcaceae*, *Dehalococcoideaceae*, для яких раніше була показана здатність до біотрансформації хлорорганічних сполук.

Отримані результати є базовою інформацією, яка ляже в основу подальшого детального аналізу функціонального потенціалу мікробних угруповань щодо розкладу забруднюючих речовин, що має на меті ідентифікацію нових метаболічних шляхів біотрансформації ксенобіотиків та дослідження адаптаційних стратегій екосистеми до антропогенних змін навколишнього середовища.

Ключові слова: біотрансформація, ксенобіотики, самовідновлення водної екосистеми, угруповання мікроорганізмів, Чорне море

Актуальність та огляд попередніх досліджень.

Необхідність знайти оптимальні шляхи біоремедіації навколишнього середовища призвела до значного зростання наукового інтересу до проблеми розкладу ксенобіотиків мікробними угрупованнями в останні десятиліття [1]. Процеси біоремедіації та біотрансформації передбачають природну здатність мікроорганізмів до розкладу, трансформації та накопичення широкого спектра органічних забруднюючих речовин, які виявляють ксенобіотичні властивості. Ці процеси виконують значну роль у вилученні ксенобіотиків із трофічних ланцюгів екосистеми та її самовідновленні.

Продукти метаболічних перетворень ксенобіотиків мікроорганізмами часто стають менш токсичними, ніж вихідні сполуки [2, 3, 4, 5, 6, 7]. Крім того, мікробне розщеплення довголанцюгових полімерних сполук на оліго- та мономери робить їх доступними для засвоєння іншими організмами.

Роль угруповань мікроорганізмів у метаболізмі забруднюючих речовин є особливо важливим компонентом функціонування морських екосистем напівзакритого типу, якою є Чорне море [8]. Чорне море характеризується значним надходженням ксенобіотиків, зокрема, через масштабний річковий стік Дніпра, Дністра та Дунаю. Згідно з даними, отриманими в рамках проєкту ПРООН ЕМБЛАС у 2016 та 2017 роках у водах Чорного моря присутня низка поліароматичних вуглеводнів, а концентрація хлорорганічних сполук (таких, як гексахлоргексан) перевищує максимально допустимі норми на більшості станцій моніторингу акваторії [9]. Також була відмічена наявність пестицидів та продуктів фармацевтичної індустрії у водному середовищі. Саме тому для оцінки відповіді екосистеми на постійне надходження забруднюючих речовин важливо провести аналіз таксономічного та функціонального складу мікробних угруповань Чорного моря з погляду їхньої

потенційної ролі в розкладі ксенобіотиків. Таке дослідження дасть змогу отримати базову інформацію для подальшого моніторингу стану акваторії Чорного моря згідно з вимогами Морської Рамкової Директиви ЄС (MSFD). Дані моніторингу процесів мікробної трансформації ксенобіотиків можуть використовуватися для оцінки таких дескрипторів Директиви, як 1. Біорізноманіття, 4. Харчові ланцюги та мережі, 8. Забруднюючі речовини [10].

Участь мікроорганізмів у деструкції органічних забруднюючих речовин, що проявляють ксенобіотичні властивості, досліджувалася неодноразово, проте переважно на представниках тих мікробних таксонів, які ростуть у культуральних умовах – *Pseudomonas* spp. та *Rhodococcus* spp [11, 12, 13]. Ці бактерії можуть використовувати органічні забруднюючі речовини, як джерело вуглецю, або розкласти ксенобіотики без використання їх, як субстрату для росту, активуючи специфічні ферменти – ди- та монооксигенази або дигідрохлорінази [3, 11].

Однак, мікроорганізми здатні до розкладу ксенобіотиків, можуть бути представлені як культивованими, так і не культивованими формами [14]. Оскільки більша частина мікробного різноманіття не може бути досліджена в умовах культури (~95 %), є необхідність використання молекулярно-генетичних методів для оцінки потенціалу мікробних угруповань до розкладу ксенобіотиків. Саме тому ми провели молекулярно-генетичну оцінку таксономічного біорізноманіття мікробних угруповань Чорного моря для виявлення таксонів, потенційно здатних до біотрансформації ксенобіотиків.

Матеріали та методи досліджень.

У серпні-вересні 2017 року протягом дослідницького рейсу (Joint Open Sea Survey-JOSS) у рамках проекту EMBLAS-II було відібрано 9 зразків морської води на 3 станціях (5, 8 та 9), а також 5 зразків донних осадів на станціях 1, 1A, 1B, 4, 8) (рис.1). Зразки морської води відбирали на таких горизонтах: поверхня, глибинний максимум хлорофілу та мінімум кисню. Відповідні глибини визначали за даними СТД зонда. Мінімум кисню було встановлено на глибинах із концентрацією O_2 , що не перевищувала 2 мг/л. Для відбору мікробної біомаси з кожного горизонту було пропущено по 2 л води через стерильні фільтри Millipore Sterivex-GP із діаметром пор 0,22 мкм за допомогою системи перистальтичної фільтрації Masterflex. Для запобігання деградації нуклеїнових кислот фільтри заморожували за температури $-80^{\circ}C$ одразу по завершенню фільтрації.

Зразки донних осадів відбирали за допомогою мультикорера в трубки з оргскла. По 5 мл донних осадів було відібрано в стерильні пластикові шприци з поверхневого шару й заморожено за температури $-80^{\circ}C$.

Геномну ДНК було екстраговано за допомогою MO BIO PowerSoil® DNA Isolation Kit (QIAGEN) із використанням стандартних протоколів виробника. Концентрацію та якість ДНК визначали на спектрофотометрі NanoDrop Spectrophotometer та флуориметрі Quibit 2.0 Fluorometer (Thermo Fischer Scientific). В усіх зразках було встановлено концентрацію ДНК, яка була достатня для подальшого молекулярно-генетичного аналізу (від 4.7 нг/мкл to 95 нг/мкл, здебільшого >10 нг/мкл), співвідношення 260/280 – 1.8.

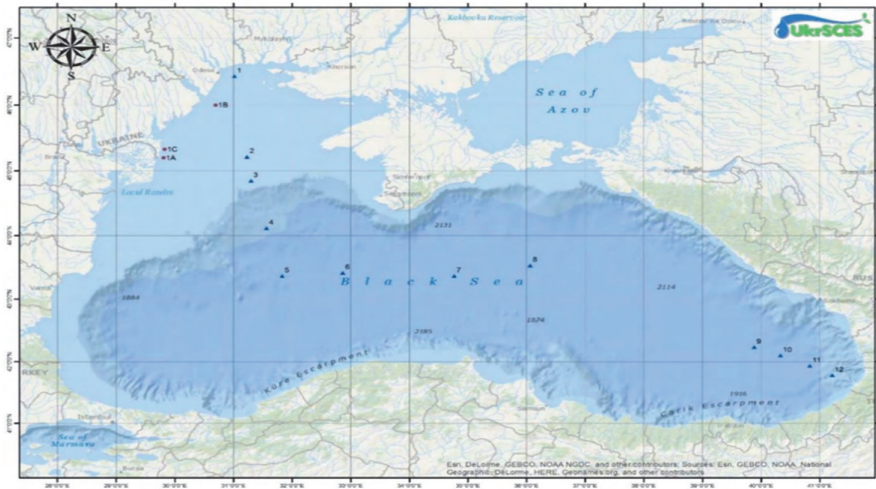


Рис. 1. Розташування станцій моніторингу дослідницького рейсу JOSS

Секвенування зразків проводили в Університеті Нанькін (Nanjing University, China) на платформі Ion Proton sequencer (Life Technologies, U.S.A.). Для визначення таксономічного складу мікробного угруповання використовували універсальну для прокариот пару праймерів 341f/518r (F: ACCTACGGGSGCWGCAG та R: GGTDTTACCGCGGCKGCTG), що ампліфікують V3 ділянку 16S довжиною 180 пн [15]. Згідно з методикою до 5'-кінця кожного з праймерів було додано унікальний фрагмент-баркод довжиною 12 пн (Shanghai Generay Biotech Co., Ltd). Кожну ПЛР реакцію було проведено в трьох повторностях в об'ємі 30 мкл із використанням трьох негативних ПЛР-контролів, у якості яких застосовували воду, очищену від нуклеїнових кислот та нуклеаз. Нижче представлені складові компоненти (табл. 1) та термічні умови реакції (табл. 2).

Продукти ПЛР перевіряли на 2 % агар-гелі й очищали з використанням набору E-Z 96 Cycle Pure Kit (Omega, U.S.A.). На наступному етапі було

визначено кількість ПЛР продуктів для їхнього подальшого об'єднання в однакових концентраціях для секвенування. До очищених ПЛР фрагментів було приєднано адаптори за допомогою набору реагентів Ion Xpress Plus Fragment Library Kit (Thermo Fisher Scientific, U.S.A.), після чого всі зразки розчинили до концентрації 100 пМ і провели секвенування на платформі Ion Proton.

Біоінформатичний та статистичний аналіз було проведено за допомогою програмного забезпечення на сервері ION server (версія 3.6.2). Програмне забезпечення QIIME2 [16], використовували для фільтрації даних та виявлення послідовностей низької якості: гомополімерів, коротких послідовностей <150 пн, помилок спарювання праймерів.

Операційні таксономічні одиниці (ОТО) було об'єднано в кластери з використанням плагіну DADA2 програми QIIME2. Таксономічне підпорядкування ОТО було визначено за базами даних Greengenes [17] та SILVA [18].

1. Складові компоненти ПЛР реакції для отримання 16S ампліконів

Складова	Об'єм, мкл
ddH ₂ O	19.1
Буферний розчин 5×Phusion Green HF Buffer	6
10 мМ дНТФ	0.6
Праймер F	1
Праймер R	1
Полімераза Phusion Green Hot Start II High-Fidelity DNA Polymerase	0.3
ДНК зразок	2

2. Термічні умови ПЛР реакції

Етап	Температура, °C	Час, сек.
Початкова денатурація	98	30
Денатурація	98	5
Відпал	55	30
Елонгація	72	15
Фінальна елонгація	72	420

Зразки, де не було виявлено валідних послідовностей, були вилучені з подальшого аналізу.

Аналіз вмісту органічних забруднюючих речовин та пестицидів було проведено Лабораторією аналітичної хімії Національного Університету Афін в рамках проекту EMBLAS-II.

Результати досліджень та їх обговорення.

Як бачимо (рис. 2), найпоширенішими класами мікробного угруповання поверхневого шару та глибинного максимум хлорофілу є: *Synechococcophycideae* (6,1–46,4 %), *Flavobacteria* (5,8–20,9 %), *Actinobacteria* (3,0–26,2 %), *α-proteobacteria* (7,6–25,2 %), *γ-proteobacteria* (3,0–12,9 %), *Bacilli* (0,1–27,5 %), *Acidimicrobia* (2,4–25,1 %).

У меншій кількості представлені *Verrucomicrobiae* (0,4–8,8 %),

β-proteobacteria (0,4–2,0 %), *Plancomycetia* (0,4–13,3 %), які було виявлено в усіх проаналізованих зразках. Представників *Sphingobacteria* (0,03–3,7 %) та *Rhodotermi* (0,2–5,8 %) було виявлено у більшості зразків з поверхні, в той час, як археї класу *Thaumarchaeota* (0,2–3,8 %) були представлені винятково в глибинному максимумі хлорофілу.

Співвідношення родин, виявлених у класах *Flavobacteria*, *Actinobacteria*, *α-proteobacteria*, *γ-proteobacteria* та *Acidimicrobia* представлено в таблиці 3.

Угруповання прокаріот донних осадів характеризувалося більшим таксономічним різноманіттям, однак домінували лише кілька таксонів. Клас *d-proteobacteria* (13,3–20,1 %), що включає більшість відомих сульфат-редуючих бактерій (*Desulfovibrio*, *Desulfobacter*, *Desulfococcus* та ін.),

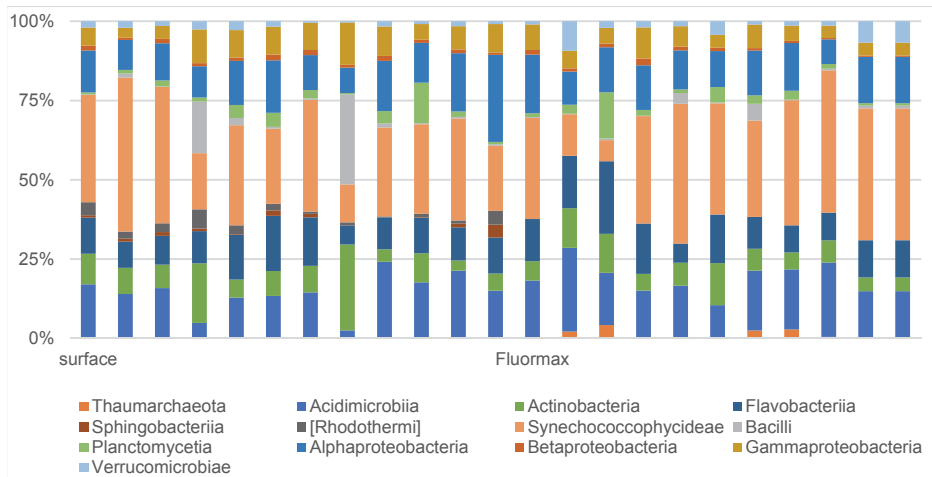


Рис. 2. Вертикальний розподіл класів прокариот у водному середовищі Чорного моря

3. Відносна поширеність родин прокариот у межах виявлених класів у водній товщі Чорного моря

Клас	Родина	Відносна поширеність, %	Стандартне відхилення
Actinobacteria	Microbacteriaceae	1.8	0.4
	Micrococcaceae	0.5	0.4
	Unassigned	5.1	1.7
Acidimicrobia	OCS155	11.1	1.2
	C111	2.4	0.01
	ZA3409c	0.3	0.1
	SC3-41	0.40	0.2
Flavobacteria	Flavobacteriaceae	8.2	1.1
	Cryomorphaceae	0.8	0.4
	NS9	0.8	0.5
	Cryomorphaceae	0.3	0.1
α -proteobacteria	Pelagibacteraceae	7.6	1.4
	Rhodobacteraceae	2.9	0.2
	Rhodospirillaceae	0.4	0.2
	Unassigned	2.9	0.1
	Halomonadaceae	3.1	0.6
γ -proteobacteria	OM60	0.3	0.1
	HTCC2089	0.3	0.1
	Piscirickettsiaceae	0.3	0.1
	Unassigned	1.5	0.3

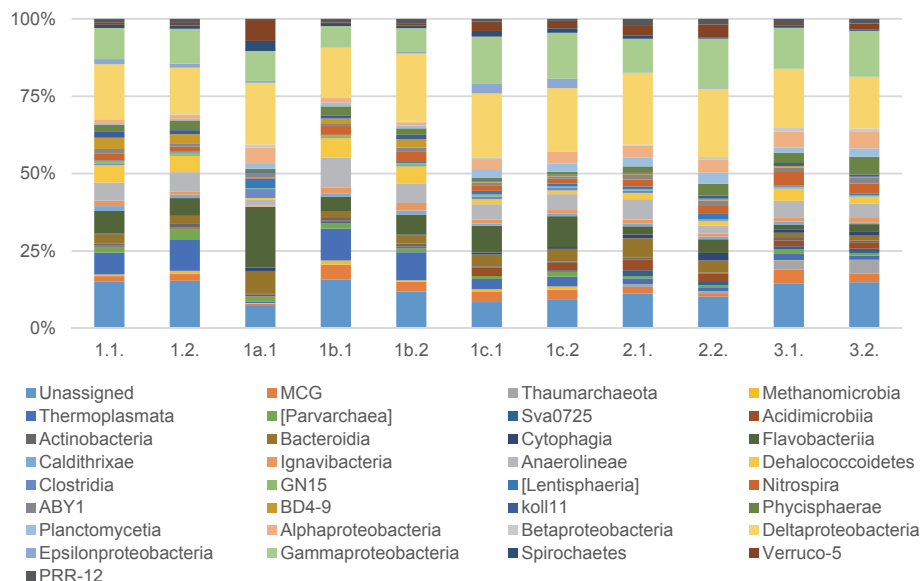


Рис. 3. Відносна поширеність класів прокариот у донних осадах

а також анаеробів із різною фізіологією (наприклад, рід *Geobacter*, здатний до відновлення заліза), були найпоширенішими в донних осадах Чорного моря. Наступними за відносною поширеністю були *g-proteobacteria* (6,0–13,6 %), *Flavobacteriia* (1,3–15,9 %), *Thermoplasmata* (0,4–9,2 %), *Anaerolineae* (1,6–8,7 %), *Dehalococcoidetes* (0,3–5,6 %). Крім зазначених було встановлено наявність представників 24-х класів прокариот. *Bacteroidia*, *Nitrospira*, *Phycisphaerae*, *Alphaproteobacteria*, *Spirochaetes* та *Verruco-5* були присутні в усіх досліджених зразках донних осадів і становили до 5 % кожен. Представники інших класів (рис. 3) були менш чисельні і складали до 3 %.

Відомо, що здатність до розкладу органічних забруднюючих речовин, таких як поліароматичні вуглеводні, була описана для *Pseudomonas spp.*, *Rhodococcus spp.*, *Micrococcus spp.* [5, 11, 12, 13]. Переважна більшість

досліджень зосереджена на представниках цих таксонів, оскільки вони добре вивчені в культурі, а тому порівняно легко піддаються виділенню з різних середовищ. Однак, здатність до біотрансформації органічних ксенобіотиків властива більш широкому спектру мікроорганізмів.

Активність морських мікробних угруповань у метаболізмі забруднюючих речовин є пріоритетним напрямком досліджень, оскільки морське середовище зазнає значної шкоди через антропогенне забруднення під час розливу нафтопродуктів. Так, у прибережних морських водах було виявлено різноманіття бактерій, зданих до розкладу поліароматичних вуглеводнів (ПАВ) [19, 20, 21]. Вважається, що бактерії роду *Cycloclasticus* (родина *Piscirickettsiaceae*, γ -*proteobacteria*) є найпоширенішими деструкторами ПАВ (нафталену, антрацену, фенантрени, пірену та флуорену) серед мікроорганізмів, що населяють морське

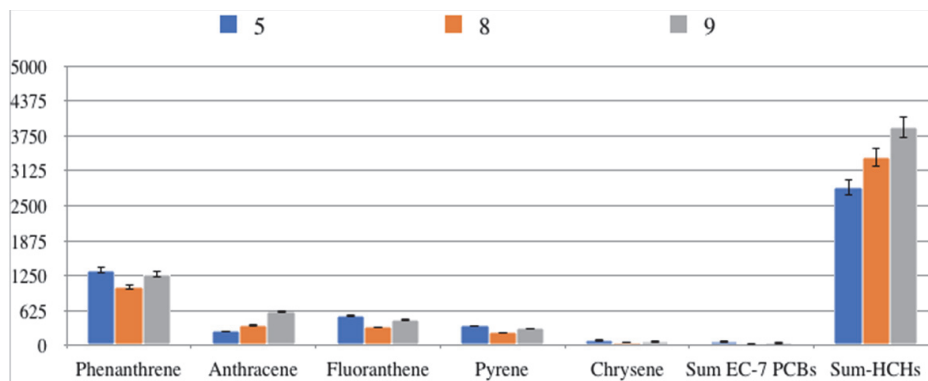


Рис. 4. Концентрація забруднюючих речовин у водній товщі Чорного моря (нг/л)

середовище (водну товщу та донні осади) (Cui et al., 2008; Wang et al., 2008). Більшість бактерій, яким властива здатність до біотрансформації ПАВ належать до класів *α-proteobacteria*, *γ-proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Bacteroides*, *Acidobacteria* та *Bacillus*. Саме представники цих класів і були визначені нами в найбільшій кількості у водній товщі та донних осадах Чорного моря (рис. 2 та 3). В угрупованні мікроорганізмів водної товщі переважали представники *Actinobacteria*, *Acidimicrobia* та *α-proteobacteria*, а в донних осадах домінували *γ-proteobacteria* та *Bacterioides*.

За даними проєкту EMBLAS-II безпосередньо в зразках морської води, у яких ми проаналізували якісний склад мікробних угруповань, виявили високі концентрації ПАВ (фенантрени, флуорантрени, антрацену, пірену), а також пестицидів (гексахлоргексану) (рис. 4).

Крім того, за даними хімічного аналізу донних осадів, було визначено, що станції, розташовані в межах українського шельфу (станції 1А, 1В, 1 – рис. 3) характеризуються найвищими концентраціями пестицидів (44 нг/л для станції 1А).

Висновки та перспективи.

Отже, дані хімічного та метабеномного аналізу підкреслюють перспективи подальших досліджень біотрансформації ксенобіотиків мікробними угрупованнями Чорного моря, що надзвичайно важливо в екологічних дослідженнях самовідновлення водної екосистеми.

Отримані нами результати можуть бути базовою інформацією, яку планується використовувати для подальшого детального аналізу функціонального потенціалу мікробних угруповань щодо розкладу забруднюючих речовин. Це, своєю чергою, має на меті ідентифікацію нових метаболічних шляхів біотрансформації ксенобіотиків та дослідження адаптаційних стратегій екосистеми до антропогенних змін навколишнього середовища.

References

1. Singh, Sh. Nath. (2012). Microbial Degradation of Xenobiotics. [Environmental Science and Engineering]. Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 486.
2. Fetzner S. (2002). Biodegradation of xenobiotics. In Doelle H W, Rokem S, Berovic M (eds.)

- Biotechnology. Volume 10. Encyclopedia of Life Support Systems (EOLSS). EOLSS Publishers Co. Ltd., Oxford. pp. 215–246
3. Muangchinda, C., Pansri, R., Wongwongsee, W. and Pinyakong, O. (2013), Assessment of polycyclic aromatic hydrocarbon biodegradation potential in mangrove sediment from Don Hoi Lot, Samut Songkram Province, Thailand. *J Appl Microbiol*, 114, 1311-1324. doi:10.1111/jam.12128
 4. Louvado, A., Gomes, N.C.M., Simões, M.M.Q., Almeida, A., Cleary, D.F.R., Cunha, A. (2015). Polycyclic aromatic hydrocarbons in deep sea sediments: Microbe–pollutant interactions in a remote environment. *Science of the Total Environment*, 526, 312–328
 5. Isaac, P., Lozada, M., Dionisi, H.M., Estevez, M.C., Ferrero, M.A. (2015). Differential expression of the catabolic nahAc gene and its effect on PAH degradation in *Pseudomonas* strains isolated from contaminated Patagonian coasts International. *Biodeterioration & Biodegradation*, 105, 1-6
 6. Liu, Q, Tang, J, Bai, Z, Hecker, M, Giesy, J.P. (2015). Distribution of petroleum degrading genes and factor analysis of petroleum contaminated soil from the Dagang Oilfield, China. *Scientific Reports*, 5, 11068 doi: 10.1038/srep11068
 7. Duran, R., Cravo-Laureau, C. (2016). Role of environmental factors and microorganisms in determining the fate of polycyclic aromatic hydrocarbons in the marine environment. *FEMS Microbiology Reviews*, fuw031
 8. Vetriani, C., Tran, H.V., Kerkhof, L.J. (2003). Fingerprinting microbial assemblages from the oxic/anoxic chemocline of the Black Sea. *Applied and Environmental Microbiology*, 69, 6481–6488
 9. Slobodnik, J., Alexandrov, B., Komorin, V. (2017). National Pilot Monitoring Studies and Joint Open Sea Surveys in Georgia, Russian Federation and Ukraine. Final Scientific Report
 10. Barnes, R., Metcalf, D. (2010). Current Legal Developments – The European Union: The Marine Strategy Framework Directive. *International Journal of Marine and Coastal Law*, 25, 81-91
 11. Habe, H., Omori, T. (2003). Genetics of Polycyclic Aromatic Hydrocarbon Metabolism in Diverse Aerobic Bacteria. *Biosci. Biotechnol. Biochem*, 67(2), 225–243
 12. Nwinyi, O.C., Ajayi, O.O., Amund, O. O. (2016). Degradation of polynuclear aromatic hydrocarbons by two strains of *Pseudomonas*. *Braz J Microbiol.*, 47(3), 551–562
 13. Ma, J., Xu, L., Jia, L. (2012). Degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons by *Pseudomonas* sp. JM2 isolated from active sewage sludge of chemical plant. *J Environ Sci (China)*, 24(12), 2141-8
 14. Kim, A.V., Buzoleva, L.S., Bogatyrenko, E.A., Zemskaya, T.I., Mamaeva, E.V. (2018). Monitoring of oil hydrocarbons pollution in the Sea of Japan, based on detection of marker genes in microbial communities. *IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science*, 107, 012061
 15. Klindworth, A., Pruesse, E., Schweer, T. et al. (2013). Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. *Nucleic Acids Resources*, doi: 10.1093/nar/gks808
 16. Caporaso, J.G., Bittinger, K., Bushman, F.D. et al. (2010). PyNASt: a flexible tool for aligning sequences to a template alignment. *Bioinformatics*, 26, 266–7
 17. DeSantis, T.Z., Hugenholtz, P., Larsen, N., Rojas, M., Brodie, E.L., Keller, K., et al. (2006). Greengenes, a chimera-checked 16S rRNA gene database and workbench compatible with ARB. *Applied Environmental Microbiology*, 72, 5069– 5072
 18. Pruesse, E., Quast, C., Knittel, K., Fuchs, B.M., Ludwig, W., Peplies, J, et al. (2007). SILVA: a comprehensive online resource for quality checked and aligned ribosomal RNA sequence data compatible with ARB. *Nucleic Acids Res.*, 35, 7188– 7196
 19. Head, I.M., Jones, D.M., Roling, W.F.M. (2006). Marine microorganisms make a meal

- of oil. - Nat. Rev. Microbiol., 4, 173–182. doi: 10.1038/nrmicro1348
20. Yakimov, M.M., Timmis, K.N., Golyshin, P.N. (2007). Obligate oil-degrading marine bacteria. - Curr. Opin. Biotechnol., 18, 257–266. doi: 10.1016/j.copbio.2007.04.006
21. Lamendella, R., Strutt, S., Borglin, S., Chakraborty, R., Tas, N., Mason, O.U. et al. (2014). Assessment of the Deepwater Horizon oil spill impact on Gulf coast microbial communities. - Front. Microbiol., 5, 130. doi: 10.3389/fmicb.2014.00130

M. Pavlovska, L. Solomenko, I.E. Prekrasna, E. (2020). Dykyi XENOBIOTICS' IMPACT ON BLACK SEA PROKARYOTIC COMMUNITIES' QUALITATIVE COMPOSITION.

BIOLOGICAL SYSTEMS: THEORY AND INNOVATION, 11(1): 50-59. <http://journals.nubip.edu.ua/>.

<https://doi.org/10.31548/biologiya2020.01.050>.

Abstract. Biotransformation and bioremediation mediated by microbial communities is known to determine the fate of pollutants in the ecosystems and their effect on other biota preventing from xenobiotics accumulation in the food web. These processes are even more important in semi-closed marine ecosystems, which receive plenty of river run-off, such as the Black Sea. An ubiquity of polyaromatic hydrocarbons and organochlorine compounds, are present in the Black Sea water in concentrations, which exceeded maximum permissible, according to the results of the Joint Black Sea Surveys 2016 conducted in the course of UNDP EMBLAS project. In addition, the presence of pesticides, herbicides and pharmaceutical products was detected at the majority of monitoring stations. Therefore, it is expedient to assess microbial communities' taxonomic and functional diversity with the emphasis on xenobiotics' biotransformation potential, in order to analyze the Black Sea ecosystem functional response towards constant pollution inflow. Such research has the potential to contribute to the estimation of Marine Framework Strategy Directive indicators and to Black Sea ecological status assessment. Black Sea microbial taxonomic diversity was assessed in seawater and sediments samples collected during Joint Open Sea Survey conducted in the course of UNDP EMBLAS-II project. Genomic DNA was extracted from the samples and 16S V3 was sequenced at Ion Proton platform. Consequently, prokaryotic taxonomic diversity was determined with QIIME-II pipeline using Green Genes and SILVA databases. Our data indicates the presence of a number of taxonomic groups, known to be responsible for organic pollutants' degradation. Such taxa, as Rhodobacteraceae, Rhodospirillaceae, Halomonadaceae, Oceanospirillaceae, Alcanivoracaceae, Bacillaceae, Actinomycetales and Acidobacteriaceae were detected in Black Sea water at the majority of the stations. Sediments samples were characterized by overall higher bacterial diversity and harbored Alteromonadales and Piscirickettsiaceae, which have experimentally proven polyaromatic hydrocarbon degradation capability. Besides, Desulfuromonadaceae, Desulfobacteraceae, Syntrophaceae, Peptococcaceae and Dehalococcoidaceae, previously shown to act in organochlorine compounds biotransformation, comprised a significant portion of sediments microbial community. The results obtained are the baseline for subsequent detailed studies of Black Sea microbial communities functional biodegradation potential. This, in turn, sets the background for the research of ecosystem adaptation strategies to anthropogenic xenobiotic pollution and to the identification of novel metabolic pathways involved in this process.

Keywords: biotransformation, xenobiotics, ecosystem bioremediation, microbial communities, Black Sea