

БІОІНФОРМАЦІЙНЕ ВИЯВЛЕННЯ ПРОДУЦЕНТІВ МАГНІТНИХ НАНОЧАСТИНОК СЕРЕД ЗАЛІЗО- І МАРГАНЕЦЬОКИСНИХ БАКТЕРІЙ

С.В. Горобець¹, О.В. Кравченко², М.О. Булаєвська¹, О.С. Панченко^{2*}

¹КПІ ім. Ігоря Сікорського, Київ, Україна

²Державне підприємство “Науково-дослідний та конструкторсько-технологічний інститут міського господарства”, Київ, Україна

*Corresponding author: elena.panchenko.92@gmail.com

Received 24 February 2018; Accepted 29 March 2018

Проблематика. В Україні понад 17 % підземних водозаборів відносяться до некондиційних за вмістом заліза та 4,4 % – за вмістом марганцю. Підвищений вміст цих елементів спричиняє погіршення органолептичних властивостей питної води, призводить до утворення осадів і заростання водопровідних мереж через розвиток залізобактерій. Тому актуальним є дослідження магнітних властивостей залізо- та марганецьокисних бактерій для можливості їх застосування у технологіях магнітної сепарації з метою удосконалення технологій очищення води з надмірним вмістом заліза та марганцю.

Мета. Мета роботи полягає в пошуку потенційних продуцентів біогенних магнітних наночастинок (БМН) серед залізо- і марганецьокисних бактерій та класифікації останніх за типом внутрішньої структури (кристалічна чи аморфна) і місцем локалізації БМН (зовнішньоклітинна чи внутрішньоклітинна) з використанням методів порівняльної геноміки.

Методика реалізації. Для оцінки ступеня подібності білків біомінералізації БМН у магнітотаксисної бактерії *Magnetospirillum gryphiswaldense* MSR-1 та у залізо- і марганецьокисних бактерій застосовано методи парного та множинного вирівнювання з використанням вільної в доступі програми “BLAST” Національного центру біотехнологічної інформації.

Результати. Проведений біоінформаційний аналіз показав, що серед 30 досліджуваних залізо- та марганецьокисних бактерій, які є представниками 5 родів (р. *Gallionella*, р. *Siderocapsa*, р. *Sphaerotilus*, р. *Hyphomicrobium*, р. *Leptothrix*), потенційними продуцентами БМН є 28 мікроорганізмів.

Висновки. Зроблено висновки щодо перспективності подальшого дослідження впливу магнітного поля на мікроорганізми р. *Leptotrix*, р. *Sphaerotillus*, р. *Gallionella*, р. *Hyphomicrobium*. Важливим напрямом для подальших експериментів є вивчення можливих шляхів проведення магнітної сепарації залізо- та марганецьокисних бактерій для запобігання вторинній контамінації питної води та утворенню відкладень у трубопроводах. Використання магнітних властивостей досліджених мікроорганізмів корисне для розробки шляхів видалення застарілих відкладень усередині трубопроводів.

Ключові слова: залізо- та марганецьокисні бактерії; біогенні магнітні наночастинок; біомінералізація; *Magnetospirillum gryphiswaldense* MSR-1; Мат-білки; очищення води.

Вступ

Проблема збереження якості питної води під час транспортування до споживачів значною мірою залежить від технічного та санітарного стану трубопроводної системи. Через ненадлежащу експлуатацію розподільних мереж, відсутність їх періодичної промивки та дезінфекції, профілактичних оглядів і ремонтних робіт внутрішня поверхня труб може піддаватися корозії, обростанням та іншим пошкодженням, що зрештою призводить до вторинної контамінації очищеної води. Особливо це стосується транспортування залізо- та марганецьовмісних вод. Залізо- та марганецьокисні бактерії, які містяться у воді, здатні “прикріплюватися” до стінок трубопроводів, утворюючи на них так звані плівки та пухкі об’ємні відкладення, що

спричиняє до “заростання” труб і погіршення якості води (збільшення каламутності, забарвлення, поява неприємних запахів і присмаків, підвищення хімічних і біологічних показників). Крім того, такий стан внутрішньої поверхні трубопроводів впливає на гідравлічний режим транспортування води, спричиняє перевитрати електроенергії, скорочує строк експлуатації розподільних мереж тощо [1].

Для запобігання означеним проблемам вода з підвищеним вмістом сполук заліза та/або марганцю повинна перед надходженням у розподільні системи проходити відповідне кондиціонування на станціях водоочищення. Але це є досить складною задачею, тому що понад 17 % підземних водозаборів відносяться до некондиційних за вмістом заліза та 4,4 % – за вмістом марганцю [2].

У процесі пошуку ефективних біотехнологічних методів видалення з води заліза та марганцю нами з працюючих фільтрів знезалізнення було виділено 10 чистих культур залізо- та марганецьокисних мікроорганізмів, віднесених до 6 родів: *Siderocapsa*, *Leptothrix*, *Sphaerotillus*, *Gallionella*, *Metallogenium*, *Hyphomicrobium* [3], які зустрічаються як у природних умовах, так і всередині водопровідних труб. Зокрема, результати цих та інших досліджень показали, що мікроорганізми можуть застосовуватись у біотехнологіях видалення з води сполук заліза та марганцю.

Наприклад, у роботі [4] доведено, що магнітні метали, наявні у стічних водах, можуть накопичуватись мікроорганізмами, в яких утворюються магнітосоми, а потім видалятися за допомогою магнітної сепарації. Для ефективного застосування магнітних сепараторів у технології очищення води необхідно знати магнітні властивості біогенних магнітних наночастинок (БМН), накопичених залізо- та марганецьокисними мікроорганізмами, оскільки від функціональної залежності намагніченості магнітних наночастинок від зовнішнього магнітного поля залежить ефективність їх магнітної сепарації [5–10].

Використання магнітних властивостей залізо- та марганецьокисних бактерій для очищення питної води вивчене поки що недостатньо. Проте дослідження можливостей їх застосування в технологіях магнітної сепарації дасть змогу запропонувати нові біотехнології очищення води з надмірним вмістом заліза та марганцю. У цьому напрямі важливу прогностичну інформацію надають методи біоінформатики.

Так, класифікацію мікроорганізмів, які здатні біомінералізувати БМН, за їх магнітними властивостями, запропоновано в [5], де умовно виділено 4 групи мікроорганізмів залежно від магнітних властивостей та місця локалізації БМН відносно клітини. Група 1 включає мікроорганізми, які формують позаклітинні аморфні БМН. Група 2 представлена мікроорганізмами, які утворюють позаклітинні кристалічні БМН. До групи 3 відносяться мікроорганізми, які синтезують внутрішньоклітинні аморфні БМН. Групу 4 становлять мікроорганізми, у клітинах яких виявлено кристалічні БМН, у т.ч. магнетитвмісні.

Мета нашої роботи полягала в пошуку потенційних продуцентів БМН серед залізо-

та марганецьокисних бактерій і класифікації останніх за типом внутрішньої структури (кристалічна чи аморфна) та місцем локалізації БМН (зовнішньоклітинна чи внутрішньоклітинна) з використанням методів порівняльної геноміки. Виявлення потенційних продуцентів БМН серед залізо- та марганецьокисних бактерій та їх класифікація за типом внутрішньої структури і місцем локалізації БМН дадуть змогу диференціювати біотехнологічний процес видалення сполук заліза та марганцю з питної води, а також оцінити перспективність використання технологій магнітної сепарації для інтенсифікації процесів водопідготовки.

Матеріали і методи

У дослідженні використано методи попарного та множинного вирівнювання з використанням вільної в доступі програми “BLAST” Національного центру біотехнологічної інформації [11]. За допомогою методів порівняльної геноміки проведено вирівнювання протеомів залізо- і марганецьокисних бактерій з протеомом магнітотаксисної бактерії (МТБ) *Magneto-spirillum gryphiswaldense* MSR-1, механізм біомінералізації БМН якої вивчений докладно [12, 13].

Проведено порівняння амінокислотних послідовностей білків групи Mat, без яких неможлива біомінералізація БМН у *Magneto-spirillum gryphiswaldense* MSR-1, з протеомами мікроорганізмів, здатних до видалення заліза й марганцю із питної води, а саме 30 представників, які належать до 5 основних родів (р. *Gallionella*, р. *Siderocapsa*, р. *Sphaerotilus*, р. *Hyphomicrobium*, р. *Leptothrix*), здатних до знезалізнення та деманганізації.

При вирівнюванні послідовностей для оцінки ступеня подібності амінокислотних послідовностей білків враховувалися такі показники: Ident – кількість ідентичних амінокислотних залишків порівнюваних білків при оптимальному вирівнюванні; E-число – показник, який відображає статистичну значимість вирівнювання; зниження його значення вказує на менший рівень прояву фактора випадковості при збігу амінокислотних залишків порівнюваних білків; Length – довжина вирівнювання (довжина вирівнювання має бути >100 амінокислотних залишків) [14].

Результати

Вирівнювання білків МТБ MamA, MamB, MamM, MamE, MamO і MamK, за наявності яких прогнозується біомінералізація БМН, і білків залізо- та марганецьокисних бактерій, наведено в табл. 1–4.

У табл. 1–4 використано такі позначення:
 ● – геном організму розшифровано повністю;
 ● – геном організму розшифровано на $\frac{3}{4}$; ● – геном організму розшифровано на $\frac{1}{2}$; ● – геном організму розшифровано на $\frac{1}{4}$.

Таблиця 1: Вирівнювання амінокислотних послідовностей білків магнітотаксисної бактерії *Magnetospirillum gryphiswaldense* MSR-1 й амінокислотних послідовностей білків залізо- та марганецьокисних бактерій р. *Gallionella*

Група	Досліджуваний організм	Повнота геному	E-число					
			Ident (%)					
			Length					
			Білки <i>Magnetospirillum gryphiswaldense</i> MSR-1					
			MamA	MamB	MamM	MamO	MamE	MamK
4	<i>Gallionella ferruginea</i> subsp. <i>capsiferriformans</i>	●	2e-09	4e-37	9e-25	3e-09	5e-38	6e-04
			25	27	28	26	43	24
			138	286	262	171	185	303
4	<i>Gallionella ramosa</i>	●	6e-07	6e-05	7e-06	3e-12	4e-39	3e-04
			23	27	30	29	46	25
			195	115	102	178	184	334
4	<i>Gallionella acididurans</i> ShG14-8	●	3e-13	1e-34	8e-22	5e-07	4e-34	2e-04
			25	27	28	28	45	23
			186	279	260	148	171	301
4	<i>Gallionella capsiferriformans</i> ES-2	●	5e-12	1e-37	5e-26	8e-10	2e-38	2e-04
			24	27	28	26	43	24
			210	286	262	171	185	303

Таблиця 2: Вирівнювання амінокислотних послідовностей білків магнітотаксисної бактерії *Magnetospirillum gryphiswaldense* MSR-1 й амінокислотних послідовностей білків залізо- та марганецьокисних бактерій р. *Siderocapsa* і р. *Sphaerotilus*

Група	Досліджуваний організм	Повнота геному	E-число					
			Ident (%)					
			Length					
			Білки <i>Magnetospirillum gryphiswaldense</i> MSR-1					
			MamA	MamB	MamM	MamO	MamE	MamK
			Рід <i>Siderocapsa</i>					
4	<i>Siderocapsa amnicola</i> JOSHI_001	●	4e-08	1e-14	2e-16	3e-09	7e-36	2e-04
			30	26	26	31	45	24
			120	184	264	165	164	300
			Рід <i>Sphaerotilus</i>					
4	<i>Sphaerotilus fluitans</i>	●	0,008	4e-34	3e-28	7e-10	9e-34	0,001
			23	30	31	27	44	23
			98	265	268	164	177	295
4	<i>Sphaerotilus dichotomus</i>	●	0,008	4e-34	3e-28	7e-10	9e-34	0,001
			23	30	31	27	44	23
			98	265	268	164	177	295
4	<i>Sphaerotilus natans</i>	●	0,008	4e-34	3e-28	7e-10	9e-34	0,001
			23	30	31	27	44	23
			98	265	268	164	177	295
–	<i>Sphaerotilus natans</i> subsp. <i>Natans</i> DSM 6575	●	0,007	2,0	0,32	7e-10	5e-34	2,2
			23	36	32	27	44	33
			98	42	93	164	177	86

Таблиця 3: Вирівнювання амінокислотних послідовностей білків магнітотаксисної бактерії *Magnetospirillum gryphiswaldense* MSR-1 й амінокислотних послідовностей білків залізо- та марганецьокисних бактерій р. *Hyphomicrobium*

Група	Досліджуваний організм	Повнота геному	E-число					
			Ident (%)					
			Length					
			Білки <i>Magnetospirillum gryphiswaldense</i> MSR-1					
			MamA	MamB	MamM	MamO	MamE	MamK
2	<i>Hyphomicrobium denitrificans</i>	●	8e-07	6e-16	3e-18	2e-12	3e-39	5,7
			27	24	25	30	45	33
			153	257	278	166	190	73
4	<i>Hyphomicrobium facile</i> / <i>Hyphomicrobium facilis</i>	●	4e-08	2e-14	7e-18	1e-13	2e-39	0,047
			28	22	25	33	46	27
			169	269	281	167	188	201
4	<i>Hyphomicrobium sp. S1</i> / <i>Hyphomicrobium sulfonivorans</i>	●	5e-06	3e-14	2e-17	3e-08	1e-37	0,018
			24	26	26	29	48	22
			136	185	265	164	168	294
2	<i>Hyphomicrobium sp. MC1</i>	●	4e-06	0,025	4e-05	2,5	1,2	2.2
			22	30	34	29	45	31
			160	73	59	126	29	49
4	<i>Hyphomicrobium sp. CS1BSMeth3</i>	●	2e-06	2e-22	7e-19	3e-10	2e-39	2e-06
			24	28	27	30	45	27
			151	270	274	173	188	304
2	<i>Hyphomicrobium zavarzinii</i>	●	7e-06	1e-17	3e-17	1e-08	2e-39	24
			34	27	27	29	44	30
			95	183	262	156	191	93
2	<i>Hyphomicrobium sp. 12-62-95</i>	●	5e-08	3e-07	2e-12	2e-08	2e-39	8,7
			27	25	25	28	43	29
			161	72	265	161	195	91
4	<i>Hyphomicrobium sp. 32-62-53</i>	●	2e-07	3e-08	1e-04	1e-09	5e-41	2e-04
			27	25	22	27	43	25
			77	208	91	176	195	339
2	<i>Hyphomicrobium sp. GJ21</i>	●	3e-06	2e-15	6e-19	2e-07	9e-39	35
			25	23	25	28	44	37
			153	269	284	164	190	41
4	<i>Hyphomicrobium sp. NDB2Meth4</i>	●	4e-06	7e-14	1e-16	1e-10	3e-38	0,004
			29	25	25	30	46	25
			109	189	283	164	188	212
4	<i>Hyphomicrobium sp. 99</i>	●	5e-08	7e-16	6e-18	3e-12	4e-38	0,001
			23	24	24	31	45	26
			166	258	267	143	188	309
2	<i>Hyphomicrobium sp. SCN 65-11</i>	●	2e-06	0,035	3e-05	8e-09	2e-30	16
			24	26	28	29	45	39
			151	91	173	164	181	54
2	<i>Hyphomicrobium denitrificans</i> ATCC 51888	●	8e-07	6e-16	3e-18	2e-12	3e-39	5,7
			27	24	25	30	45	33
			153	257	278	166	190	73
2	<i>Hyphomicrobium denitrificans</i> INES1	●	8e-07	1e-11	5e-14	0,41	3e-39	5,6
			27	22	23	31	45	33
			153	277	269	121	190	73
2	<i>Hyphomicrobium nitrativorans</i> NL23	●	5e-08	5e-16	1e-16	3e-07	7e-31	7,2
			29	29	26	30	39	28
			134	185	287	165	198	39

Таблиця 4: Вирівнювання амінокислотних послідовностей білків магнітотаксисної бактерії *Magnetospirillum gryphiswaldense* MSR-1 й амінокислотних послідовностей білків залізо- та марганецьокисних бактерій р. *Hyphomicrobium*

Група	Досліджуваний організм	Повнота геному	E-число					
			Ident (%)					
			Length					
			Білки <i>Magnetospirillum gryphiswaldense</i> MSR-1					
			MamA	MamB	MamM	MamO	MamE	MamK
4	<i>Leptothrix valderiana</i>	●	2e-09	2e-17	1e-22	1e-06	4e-31	5e-12
			31	29	30	28	45	27
			137	184	247	177	167	304
4	<i>Leptothrix buccalis</i>	●	7e-09	1e-24	5e-27	3e-14	1e-34	5e-10
			27	25	24	29	41	25
			136	280	281	166	166	300
4	<i>Leptothrix cholodnii</i> / <i>Leptothrix</i> sp. OUMS1	●	8e-09	2e-40	2e-30	2e-08	1e-34	0,003
			23	32	30	28	44	23
			192	259	286	184	178	300
1	<i>Leptothrix ochracea</i>	●	0,43	9e-17	1e-18	0,76	1,0	3,4
			35	26	26	25	33	24
			40	184	216	56	39	97
2	<i>Leptothrix cholodnii</i> SP-6	●	8e-09	2e-40	2e-30	2e-07	9e-35	12
			23	32	30	28	44	33
			192	259	286	167	178	48
–	<i>Leptothrix ochracea</i> L12	●	0,86	0,29	1,2	1,6	2,8	9,1
			29	24	28	33	33	36
			41	46	54	33	64	33

Обговорення

Згідно з результатами проведеного біоінформаційного аналізу серед 30 видів досліджених залізо- та марганецьокисних бактерій 5-ти родів потенційними продуцентами БМН є 28 мікроорганізмів. Для мікроорганізмів *Sphaerotilus natans* subsp. *natans* DSM 6575 та *Leptothrix ochracea* L12 поки що неможливо прогнозувати біомінералізацію БМН, оскільки їх геноми секвеновано не повністю.

Бактерії *Leptothrix ochracea*, які здатні синтезувати зовнішньоклітинні аморфні БМН, віднесено до 1-ї групи. Це може бути пов'язано з тим, що представники роду *Leptothrix* накопичують оксиди заліза в чохлах.

Мікроорганізми іншої групи із 10 видів (*Hyphomicrobium denitrificans*, *Hyphomicrobium* sp. MC1, *Hyphomicrobium zavarzinii*, *Hyphomicrobium* sp. 12-62-95, *Hyphomicrobium* sp. GJ21, *Hyphomicrobium* sp. SCN 65-11, *Hyphomicrobium denitrificans* ATCC 51888, *Hyphomicrobium denitrificans* INES1, *Hyphomicrobium nitrativorans* NL23, *Leptothrix cholodnii* SP-6) здатні синтезувати зовнішньоклітинні кристалічні БМН і відносяться до 2-ї групи.

Нарешті, 17 представників залізо- та марганецьокисних бактерій, здатних синтезувати внутрішньоклітинні кристалічні БМН (*Gallionella ferruginea* subsp. *capsiferiformans*, *Gallionella ramosa*, *Gallionella acididurans* ShG14-8, *Gallionella capsiferiformans* ES-2, *Siderocapsa amnicola* JOSHI_001, *Sphaerotilus fluitans*, *Sphaerotilus dichotomus*, *Sphaerotilus natans*, *Hyphomicrobium facile*/*Hyphomicrobium facilis*, *Hyphomicrobium* sp. S1/*Hyphomicrobium sulfonivorans*, *Hyphomicrobium* sp. CS1BSMeth3, *Hyphomicrobium* sp. 32-62-53, *Hyphomicrobium* sp. NDB2Meth4, *Hyphomicrobium* sp. 99, *Leptothrix valderiana*, *Leptothrix buccalis*, *Leptothrix cholodnii*/*Leptothrix* sp. OUMS1), віднесено до 4-ї групи.

Низкою дослідників експериментально доведено здатність до біомінералізації кристалічних залізо- та марганецьовмісних наночастинок, наприклад *Gallionella ferruginea* [15–17], *Leptothrix discophora* [18–20], *Sphaerotilus natans* [21, 22], а також деяких представників р. *Siderocapsa* [20], що підтверджує достовірність нашого біоінформаційного аналізу.

Висновки

Проведені біоінформаційні дослідження свідчать про наявність природних видів різних

родів залізо- та марганецьокисних бактерій, здатних до формування БМН. Зокрема, виявлено, що потенційними продуцентами БМН серед 30 досліджених штамів є 28 мікроорганізмів, які належать до 5 родів: р. *Gallionella*, р. *Siderocapsa*, р. *Sphaerotilus*, р. *Hyphomicrobium*, р. *Leptothrix*.

Показано, що 27 із 28 досліджених видів мікроорганізмів синтезують кристалічні (внутрішньоклітинні та зовнішньоклітинні) БМН і тільки один вид здатен утворювати аморфну зовнішньоклітинну магнітосому.

У вирішенні проблеми очищення питної води від сполук заліза та марганцю з використанням магнітної сепарації перспективним є застосування біотехнологій на основі досліджених мікроорганізмів, які накопичують магнітосоми.

Результати біоінформаційного аналізу вказують на актуальність подальших експериментальних досліджень взаємодії магнітного поля з мікроорганізмами родів *Leptotrix*, *Sphaerotillus*, *Gallionella*, *Hyphomicrobium*, особливо вивчення поведінки залізо- та марганецьокисних бактерій з накопиченими магнітосомами. Дослідження особливостей вилучення таких мікроорганізмів із води за допомогою магнітного поля дасть змогу розробити технологічні режими магнітної сепарації для запобігання вторинній контамінації питної води та утворенню відкладень у трубопроводах. Іншим напрямом використання магнітосомних властивостей досліджених мікроорганізмів є розроблення шляхів видалення відкладень усередині трубопроводів для очищення їх внутрішньої поверхні, а отже, і для запобігання погіршенню якості води під час її транспортування.

References

- [1] Iron bacteria in drinking water supply systems [Internet]. Wwtec.ru. 2018 [cited 1 February 2018]. Available from: <http://wwtec.ru/index.php?id=418>
- [2] Prokopov VO. Drinking water in Ukraine: Medico-ecological and sanitary-hygienic aspects. Kyiv: VSV "Medicina"; 216. 400 p.
- [3] Kravchenko O. Development of methods for identification of microbial cultures that are able to oxidize iron and manganese compounds in natural waters. Problemy Vodopostachannya, Vodovidvedennya ta Hidravliki. 2014;24:140-5.
- [4] Yan L, Da H, Zhang S, Lypez V, Wang W. Bacterial magnetosome and its potential application. Microbiol Res. 2017;203:19-28. DOI: 10.1016/j.micres.2017.06.005
- [5] Gorobets OYu, Gorobets SV, Sorokina LV. Biomineralization and synthesis of biogenic magnetic nanoparticles and magnetosensitive inclusions in microorganisms and fungi. Functional Mater. 2014;21(4):427-36. DOI: 10.15407/fm21.04.427
- [6] Gorobets O, Gorobets S, Gorobets Y. Biogenic magnetic nanoparticles: Biomineralization in prokaryotes and eukaryotes. 3rd ed. Dekker Encyclopedia of Nanoscience and Nanotechnology. New York: CRC Press; 2014. p. 300-8.
- [7] Gorobets O, Gorobets S, Koralewski M. Physiological origin of biogenic magnetic nanoparticles in health and disease: From bacteria to humans. Int J Nanomed. 2017;12:4371-95. DOI: 10.2147/IJN.S130565
- [8] Gorobets S, Gorobets O, Butenko K. Potential producers of biogenic magnetic nanoparticles among pathogenic and opportunistic microorganisms. Naukovi Visti NTUU KPI. 2015;3:23-32.
- [9] Gorobets S, Gorobets O, Gorobets Yu. Biomineralization of intracellular biogenic magnetic nanoparticles and their possible functions. Naukovi Visti NTUU KPI. 2013;3:28-33.
- [10] Gorobets S, Mikhaylenko N. High gradient ferromagnetic matrices for waste water purification, obtained by magnetoelectrolysis method. J Water Chem Technol. 2014;3:153-9.
- [11] BLAST: Basic Local Alignment Search Tool [Internet]. Blast.ncbi.nlm.nih.gov. 2018 [cited 22 February 2018]. Available from: <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>
- [12] Ullrich S, Kube M, Schubbe S, Reinhardt R, Schuler D. A hypervariable 130-kilobase genomic region of *Magnetospirillum gryphiswaldense* comprises a magnetosome island which undergoes frequent rearrangements during stationary growth. J Bacteriol. 2005;187(21):7176-84. DOI: 10.1128/JB.187.21.7176-7184.2005
- [13] Schübbe S, Würdemann C, Peplies J, Heyen U, Wawer C, Glöckner F, et al. Transcriptional organization and regulation of magnetosome operons in *Magnetospirillum gryphiswaldense*. Appl Environ Microbiol. 2006;72(9):5757-65. DOI: 10.1128/AEM.00201-06
- [14] Li W, Pio F, Pawlowski K, Godzik A. Saturated BLAST: An automated multiple intermediate sequence search used to detect distant homology. Bioinformatics. 2000 Dec;16(12):1105-10. DOI: 10.1093/bioinformatics/16.12.1105
- [15] Hallberg R, Ferris F. Biomineralization by *Gallionella*. Geomicrobiol J. 2004;21(5):325-30. DOI: 10.1080/01490450490454001

- [16] Suzuki T, Hashimoto H, Matsumoto N, Furutani M, Kunoh H, Takada J. Nanometer-scale visualization and structural analysis of the inorganic/organic hybrid structure of *Gallionella ferruginea* twisted stalks. *Appl Environ Microbiol*. 2011;77(9):2877-81. DOI: 10.1128/AEM.02867-10
- [17] Søgaard E, Aruna R, Abraham-Peskir J, Bender Koch C. Conditions for biological precipitation of iron by *Gallionella ferruginea* in a slightly polluted ground water. *Appl Geochem*. 2001;16(9-10):1129-37. DOI: 10.1016/S0883-2927(01)00014-2
- [18] Shi X, Avci R, Lewandowski Z. Electrochemistry of passive metals modified by manganese oxides deposited by *Leptothrix discophora*: Two-step model verified by ToF-SIMS. *Corrosion Sci*. 2002;44(5):1027-45. DOI: 10.1016/S0010-938X(01)00104-4
- [19] Banfield J. Aggregation-based crystal growth and microstructure development in natural iron oxyhydroxide biomineralization products. *Science*. 2000;289(5480):751-4. DOI: 10.1126/science.289.5480.751
- [20] Keim C, Nalini H, de Lena J. Manganese oxide biominerals from freshwater environments in Quadrilatero Ferrifero, Minas Gerais, Brazil. *Geomicrobiol J*. 2014;32(6):549-59. DOI: 10.1080/01490451.2014.978513
- [21] Seder-Colomina M, Morin G, Benzerara K, Ona-Nguema G, Pernelle J, Esposito G, et al. *Sphaerotilus natans*, a neutrophilic iron-related sheath-forming bacterium: Perspectives for metal remediation strategies. *Geomicrobiol J*. 2013;31(1):64-75. DOI: 10.1080/01490451.2013.806611
- [22] Park S, Kim D, Lee J, Hur H. *Sphaerotilus natans* encrusted with nanoball-shaped Fe(III) oxide minerals formed by nitrate-reducing mixotrophic Fe(II) oxidation. *FEMS Microbiol Ecol*. 2014;90(1):68-77. DOI: 10.1111/1574-6941.12372.

С.В. Горобец, А.В. Кравченко, М.А. Булаевская, Е.С. Панченко

БИОИНФОРМАЦИОННОЕ ВЫЯВЛЕНИЕ ПРОДУЦЕНТОВ МАГНИТНЫХ НАНОЧАСТИЦ СРЕДИ БАКТЕРИЙ, ОКИСЛЯЮЩИХ ЖЕЛЕЗО И МАРГАНЕЦ

Проблематика. В Украине более 17 % подземных водозаборов относятся к некондиционным по содержанию железа и 4,4 % – по содержанию марганца. Повышенное содержание этих элементов приводит к ухудшению органолептических свойств питьевой воды, к образованию осадков и зарастанию водопроводных сетей из-за развития железобактерий. Поэтому актуальным является исследование магнитных свойств бактерий, окисляющих железо и марганец, для возможности их применения в технологиях магнитной сепарации с целью усовершенствования технологий очистки воды с избыточным содержанием железа и марганца.

Цель. Цель работы заключается в поиске потенциальных продуцентов биогенных магнитных наночастиц (БМН) среди бактерий, окисляющих железо и марганец, и классификации последних по типу внутренней структуры (кристаллическая или аморфная) и месту локализации БМН (внеклеточная или внутриклеточная) с использованием методов сравнительной геномики.

Методика реализации. Для оценки степени сходства белков биоминерализации БМН у магнитотаксисной бактерии *Magnetospirillum gryphiswaldense* MSR-1 и у бактерий, окисляющих железо и марганец, применены методы парного и множественного выравнивания с использованием свободной в доступе программы "BLAST" Национального центра биотехнологической информации.

Результаты. Проведенный биоинформационный анализ показал, что среди 30 исследуемых бактерий, окисляющих железо и марганец, которые принадлежат к 5 родам (р. *Gallionella*, р. *Siderocapsa*, р. *Sphaerotilus*, р. *Hyphomicrobium*, р. *Leptothrix*), 28 микроорганизмов являются потенциальными продуцентами БМН.

Выводы. Сделаны выводы о перспективности дальнейшего исследования влияния магнитного поля на микроорганизмы р. *Leptothrix*, р. *Sphaerotillus*, р. *Gallionella*, р. *Hyphomicrobium*. Важным направлением для дальнейших экспериментов является изучение возможных путей проведения магнитной сепарации бактерий, окисляющих железо и марганец, для предотвращения вторичной контаминации питьевой воды и образования отложений в трубопроводах. Использование магнитных свойств исследованных микроорганизмов полезно для разработки путей удаления застарелых отложений внутри трубопроводов.

Ключевые слова: окисляющие железо и марганец бактерии; биогенные магнитные наночастицы; биоминерализация; *Magnetospirillum gryphiswaldense* MSR-1; Мам-белки; очистка воды.

S.V. Gorobets, O.V. Kravchenko, M.O. Bulaievska, O.S. Panchenko

BIONFORMATION DETECTION OF MAGNETIC NANOPARTICLES PRODUCERS AMONG IRON- AND MANGANESE-OXIDIZING BACTERIA

Background. In Ukraine, more than 17 % of underground water intakes are classified as unfunded in terms of iron content and 4.4 % in terms of manganese content. The increased content of these elements leads to a deterioration in the organoleptic properties of drinking water, the formation of precipitation and overgrowing of the water supply networks due to the development of iron-oxidizing bacteria. Therefore, it is important to study the magnetic properties of iron- and manganese-oxidizing bacteria for the possibility of their use in magnetic separation technologies in order to improve water treatment technologies with excess iron and manganese content.

Objective. The aim of the paper is to search for potential producers of BMN among iron- and manganese-oxidizing bacteria and classify them by an internal structure (crystalline or amorphous) and BMN allocation (extracellular or intracellular), using comparative genomics methods.

Methods. To evaluate the degree of similarity of BMN biomineralization proteins in MTB *Magnetospirillum gryphiswaldense* MSR-1 and in iron- and manganese-oxidizing bacteria, pair and multiple alignment methods using the free access program BLAST of the National Center for Biotechnological Information were used.

Results. The bioinformatic analysis showed that among the 30 investigated iron- and manganese-oxidizing bacteria which belong to 5 genera (*Gallionella*, *Siderocapsa*, *Sphaerotilus*, *Hyphomicrobium*, *Leptothrix*), 28 microorganisms are potential producers of BMN.

Conclusions. Conclusions are made about the prospects of further investigation of the influence of the magnetic field on the microorganisms of genera: *Leptotrix*, *Sphaerotillus*, *Gallionella*, *Hyphomicrobium*. An important direction for further experiments is the study of possible ways of conducting magnetic separation of iron- and manganese-oxidizing bacteria to prevent secondary contamination of drinking water and the formation of scales in pipelines. The use of the magnetic properties of the investigated microorganisms is useful for the development of ways to remove old scales within pipelines.

Keywords: iron- and manganese-oxidizing bacteria; biogenic magnetic nanoparticles; biomineralization; *Magnetospirillum gryphiswaldense* MSR-1; Mam-proteins; water purification.