

UNIVERZITET U BEOGRADU
RUDARSKO - GEOLOŠKI FAKULTET

Vladimir S. Šaraba

**MIKROORGANIZMI – BIOHIDROGEOLOŠKI
INDIKATORI ODABRANIH POJAVA MINERALNIH
VODA SRBIJE**

doktorska disertacija

Beograd, 2021.

UNIVERSITY OF BELGRADE
FACULTY OF MINING AND GEOLOGY

Vladimir S. Šaraba

**MICROORGANISMS – BIOHYDROGEOLOGICAL
INDICATORS OF SELECT MINERAL WATER
OCCURRENCES IN SERBIA**

Doctoral Dissertation

Belgrade, 2021

Mentori:

Dr Veselin Dragišić, redovni profesor u penziji,
Uža naučna oblast: hidrogeologija
Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet

Dr Ivica Dimkić, viši naučni saradnik,
Uža naučna oblast: biologija mikroorganizama
Univerzitet u Beogradu, Biološki fakultet

Članovi komisije:

Dr Vladimir Živanović, docent,
Uža naučna oblast: hidrogeologija
Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet

Dr Jana Štrbački, docent,
Uža naučna oblast: hidrogeologija
Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet

Dr Marina Ćuk Đurović, naučni saradnik,
Uža naučna oblast: hidrogeologija
Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet

Dr Tamara Janakiev, naučni saradnik,
Uža naučna oblast: biologija mikroorganizama
Univerzitet u Beogradu, Biološki fakultet

Dr Tanja Petrović Pantić, naučni saradnik,
Uža naučna oblast: hidrogeologija
Geološki zavod Srbije

Datum odbrane: _____

Izjave zahvalnosti

Najdublje izraze uvažavanja i veliko poštovanje iskazujem mentoru dr Veselinu Dragišiću, red. prof. RGF-a u penziji, koji je prepoznao moju istinsku želju za naučno-istraživačkim radom u oblasti biohidrogeologije, pod čijim je rukovodstvom uspešno realizovana predmetna doktorska disertacija. Zahvaljujem mu se na profesionalnom pristupu, maksimalnoj posvećenosti i nesebično prenesenom znanju tokom svih faza izrade doktorske disertacije.

Podjednaku zahvalnost dugujem i mentoru dr Ivici Dimkiću, višem naučnom saradniku Biološkog fakulteta, koji me je uveo u „svet“ mikroorganizama i omogućio da izvedem istraživanja podzemnih (mineralnih) voda Srbije sa trenutno najvećim dostignućima genotipske identifikacije mikroorganizama na osnovu 16S rDNK gena.

Zahvaljujem se članovima Komisije, dr Jani Štrbački, docentu RGF-a i dr Tanji Petrović Pantić, naučnom saradniku Geološkog zavoda Srbije, na svim kompetentnim savetima tokom izrade doktorske disertacije.

Dr Vladimiru Živanoviću, docentu RGF-a, dr Marini Ćuk Đurović, naučnom saradniku RGF-a i dr Tamari Janakiev, naučnom saradniku Biološkog fakulteta, iskazujem izraze zahvalnosti na učešću u Komisiji, budući da su prepoznali značaj i važnost doktorske disertacije u inženjerstvu podzemnih (mineralnih) voda.

Dipl. biologu - specijalisti mikrobiologije Vesni Obradović i master mikrobiologu Tanji Vučković iz Instituta za vodoprivredu „Jaroslav Černi“ izražavam zahvalnost na BART analizima ispitivanih uzoraka mineralnih voda, uz posebne izraze zahvalnosti gđi Vesni Obradović na izuzetno uspešnoj i produktivnoj saradnji od početka doktorskih akademskih studija pa sve do danas.

Zahvalnost dugujem i dr Violeti Gajić, van. prof. i pokojnom doc. dr Predragu Vuliću sa Departmana za mineralogiju, kristalografiju, petrologiju i geochemiju RGF-a, koji su svojom predusretljivošću omogućili da uspešno kompletiram predmetnu doktorsku disertaciju.

Dr Milojku Laziću, redovnom profesoru RGF-a u penziji, ukazujem dužno poštovanje na želji za razvojem hidrogeološke discipline biohidrogeologije, kojoj doktorska disertacija u najužem i osnovnom smislu pripada.

Pokojnom dr Milanu Dimkiću, naučnom savetniku u penziji Instituta za vodoprivredu „Jaroslav Černi“, iskazujem izraze poštovanja na predusretljivom odnosu i kolegijalnom pristupu tokom učešća na Projektu TR 37014.

Ministarstvu prosvete, nauke i tehnološkog razvoja Srbije izražavam naročitu zahvalnost na učešću u programu razvoja naučnoistraživačkih kadrova.

Roditeljima, Slobodanu i Ranki, i sestri Jeleni dugujem bezgraničnu zahvalnost na podršci tokom višegodišnje edukacije na doktorskim akademskim studijama.

U Beogradu, 2021. godine

Vladimir Šaraba

MIKROORGANIZMI – BIOHIDROGEOLOŠKI INDIKATORI ODABRANIH POJAVA MINERALNIH VODA SRBIJE

Sažetak

Sa namerom definisanja hidrogeološke uloge i značaja mikrobiološkog diverziteta odabranih pojava mineralnih voda Srbije, primenom sistema biodetektora, dokazano je prisustvo gvožđevitih, sulfato-redukujućih, sluz-produkujućih, heterotrofnih aerobnih i denitrifikacionih bakterija, na osnovu čega je proračunat rizik od razvoja procesa biokorozije i biohemijske inkrustacije, te zdravstveni rizik. Uz procenu rizika, izvedene su analize skenirajuće elektronske mikroskopije biofilmova i hidrogeohemijsko modeliranje, te makroskopska, optička i difrakciona ispitivanja naslaga inkrustacije, dok je fizičko-hemijskim analizama utvrđena vrednost ukupne mineralizacije iznad 1 g/L, kao i povišeni sadržaji odgovarajućih metala i nemetala. Metabarkoding analizama mikrobioma mineralnih voda dokazano je prisustvo razdela *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Patescibacteria*, *Chlorflexi*, *Firmicutes*, *Spirochaetes* i *Acidobacteria* u većem procentu. *Pseudomonas*, *Limnobacter* i *Rheinheimera* su bili najzastupljeniji rodovi u uzorku mineralnih voda Torde, *Acinetobacter* i *Massilia* u uzorku iz Obrenovačke Banje, *Maritimimonas*, *Phreatobacter*, *Planktosalinus*, *Acinetobacter*, *Geminocystis* i *Sulfuritalea* u uzorku iz Lomnice, *Pseudorhodobacter* i *Limnohabitans* u mineralnim vodama Velike Vrbnice, dok su u uzorku iz Slankamen Banje dominirale zelene sumporne bakterije, *Methylothermus*, *Flavobacterium*, *Melioribacter* i *Dechloromonas*. Realizovanim istraživanjima zaključeno je da odgovarajući predstavnici mikroorganizama utiču na starenje bunara i definišu ekološki status vodnih resursa, dok s druge strane pojedini rodovi poseduju biotehnološki potencijal u tretmanu remedijacije kontaminiranih voda, zbog čega postoji neophodnost implementacije biohidrogeologije u okviru standardne metodike hidrogeoloških istraživanja.

Ključne reči: biohidrogeologija, SEM analize, makroskopska i optička ispitivanja, rendgenska difrakcija praha, hidrogeohemijsko modeliranje, BART analize, metabarkoding analize mikrobioma, fizičko-hemijske analize, starenje bunara (biokorozija, biohemijska inkrustacija i biozarastanje), zdravstveni rizik.

Naučna oblast: Geološko inženjerstvo

Uža naučna oblast: Hidrogeologija

UDK: 553.7:579.68(497.11)(043.3)

MICROORGANISMS – BIOHYDROGEOLOGICAL INDICATORS OF SELECT MINERAL WATER OCCURRENCES IN SERBIA

Abstract

The presence of iron related, sulphate reducing, slime producing, heterotrophic aerobic and denitrifying bacteria was proved applying biodetectors, in order to define the hydrogeological role and importance of the microbiological diversity of select occurrences of mineral waters in Serbia. Then the biocorrosion, biochemical encrustation and health risks were assessed. The research included scanning electron microscopy of biofilms, hydrogeochemical modelling and macroscopic, optical and diffraction examination of the encrustations. Physical and chemical analyses indicated total dissolved salts of more than 1 g/L and elevated concentrations of certain metals and non-metals. Metabarcoding of the microbiomes of the mineral waters revealed the presence of a high percentage of the Proteobacteria, Bacteroidetes, Patescibacteria, Chlorflexi, Firmicutes, Spirochaetes and Acidobacteria divisions. *Pseudomonas*, *Limnobacter* and *Rheinheimera* were the most representative genera in the mineral water sample from Torda, *Acinetobacter* and *Massilia* in the sample collected in Obrenovačka Banja, *Maritimimonas*, *Phreatobacter*, *Planktosalinus*, *Acinetobacter*, *Geminocystis* and *Sulfuritalea* in the sample from Lomnica, and *Pseudorhodobacter* and *Limnohabitans* in the sample from Velika Vrbnica, while in the sample from Slankamen Banja was dominated by green sulphur bacteria, *Methylotenera*, *Flavobacterium*, *Melioribacter* and *Dechloromonas*. The research concludes that the respective microorganisms cause water well aging and define the ecological status of the water resources, while, on the other hand, some of the genera possess the biotechnological potential for treating and remediating contaminated waters, which is a compelling reason for implementing biohydrogeology in the standard hydrogeological research methodology.

Keywords: biohydrogeology, SEM analyses, macroscopic and optical assessment, X-ray powder diffraction, hydrogeochemical modelling, BART analyses, metabarcoding of microbiomes, physical and chemical analyses, well aging (biocorrosion, biochemical encrustation and biofouling), health risk.

Scientific field: Geological Engineering

Scientific subfield: Hydrogeology

UDC number: 553.7:579.68(497.11)(043.3)

SADRŽAJ

1. UVOD	1
1.1 POLAZNE HIPOTEZE	3
1.1.1 Mikroorganizmi u podzemnim (mineralnim) vodama.....	5
1.1.1.1 Mikroorganizmi u mineralnim vodama	15
1.1.1.2 Uloga i značaj poznavanja mikroorganizama u inženjerstvu podzemnih (mineralnih) voda	21
1.1.1.3 Patogeni i koliformni mikroorganizmi u podzemnim (mineralnim) vodama	26
1.1.1.4 Uslovi opstanka mikroorganizama u podzemnim ekosistemima.....	30
1.2 GEOLOŠKO-HIDROGEOLOŠKE KARAKTERISTIKE ISTRAŽIVANIH POJAVA MINERALNIH VODA.....	39
1.2.1 Hidrogeološki baseni	43
1.2.1.1 Mineralne vode Torde.....	44
1.2.1.2 Mineralne vode Slankamen Banje.....	46
1.2.1.3 Mineralne vode Obrenovačke Banje.....	48
1.2.1.4 Mineralne vode Bogatića i Metkovića	52
1.2.1.5 Mineralne vode Selters Banje	55
1.2.2 Magmatogeni masivi	57
1.2.2.1 Mineralne vode Radaljske Banje.....	58
1.2.2.2 Mineralne vode Brestovačke Banje	60
1.2.2.3 Mineralne vode Lukovske Banje	63
1.2.2.4 Mineralne vode Vranjske Banje	65
1.2.3 Oblasti metamorfita	68
1.2.3.1 Mineralne vode Vrnjačke Banje	69
1.2.3.2 Mineralne vode Lomnice i Velike Vrbnice.....	72
2. PREDMET I CILJEVI ISTRAŽIVANJA	77
3. EKSPERIMENTALNI DEO	79
3.1 MATERIJALI I METODE ISTRAŽIVANJA.....	80
3.1.1 Uzorkovanje i SEM analize biofilмова.....	81
3.1.2 Uzorkovanje i sedimentološko-mineraloške analize naslaga inkrustacije.....	81
3.1.2.1 Makroskopska ispitivanja naslaga inkrustacije	82
3.1.2.2 Optička ispitivanja naslaga inkrustacije	82
3.1.2.3 Difrakciona ispitivanja naslaga inkrustacije	82
3.1.3 Hidrogeohemijsko modeliranje.....	82
3.1.4 Uzorkovanje i BART analize mineralnih voda	82
3.1.4.1 IRB BART biodetektor.....	85
3.1.4.2 SRB BART biodetektor	87
3.1.4.3 SLYM BART biodetektor	88
3.1.4.4 HAB BART biodetektor.....	90
3.1.4.5 DN BART biodetektor.....	90
3.1.4.6 FLOR BART biodetektor	90
3.1.4.7 Procena gustine i stepena biohemijske aktivnosti ciljanih fizioloških grupa mikroorganizama.....	91
3.1.5 Uzorkovanje i fizičko-hemijske analize mineralnih voda.....	93
3.1.5.1 ICP-OES analize.....	94
3.1.6 Metabarkoding analize.....	95
3.1.6.1 Uzorkovanje mineralnih voda, izolacija DNK, priprema biblioteka i NGS sekvenciranje.....	95
3.1.6.2 Obrada sekvenci, taksonomska anotacija i bioinformatička analiza	95

3.1.6.3 Raspoloživost podataka	96
4. REZULTATI I DISKUSIJA	97
4.1 TERENSKJE OPSERVACIJE.....	98
4.2 ANALIZE NASLAGA INKRUSTACIJE I BIOFILMOVA.....	101
4.2.1 Makroskopska, optička i difrakciona ispitivanja naslaga inkrustacije	101
4.2.2 Hidrogeohemijsko modeliranje.....	105
4.2.3 SEM analize biofilmova	107
4.3 BART ANALIZE MINERALNIH VODA	110
4.4 FIZIČKO-HEMIJSKE ANALIZE MINERALNIH VODA	123
4.5 METABARKODING ANALIZE MINERALNIH VODA	127
4.5.1 Sastav mikrobioloških zajednica.....	131
5. ZAKLJUČCI.....	139
6. LITERATURA	142
6.1 PUBLIKOVANA LITERATURA.....	143
6.2 FONDOVSKA LITERATURA.....	157
6.3 INTERNET IZVORI.....	157
7. PRILOZI	158
Prilog 1. Prikaz svih identifikovanih razdela u mineralnim vodama odabranih pojava.....	159
Prilog 2. Prikaz svih identifikovanih familija u mineralnim vodama odabranih pojava.....	160
Prilog 3. Prikaz svih identifikovanih rodova u mineralnim vodama odabranih pojava.....	169

OPŠTI PODACI O AUTORSKIM PRAVIMA

Biografija autora

Izjava o autorstvu

Izjava o istovetnosti štampane i elektronske verzije doktorskog rada

Izjava o korišćenju

1. UVOD

Na teritoriji Srbije, mineralne vode¹ se u određenom obimu koriste kao ston flaširane vode, uz odgovarajući opseg korišćenja i u balneoterapijskoj profilaksi, čiji trend eksploatacije s vremenom postaje aktuelniji i u uslovima njihove primene u rekreativne i druge svrhe (Stevanović, 2011). Utiču na zdravlje čoveka, pa su tako značajne za zdravstveni sistem zemlje uopšte. S druge strane, imaju naročit značaj i u turističkom razvoju zemlje, što je posebno izraženo ukoliko se uzme u obzir teritorija Srbije. Prema Stevanoviću (2011), rezerve ispitivanih dve stotine trideset pojava mineralnih voda Srbije se procenjuju oko 1.000 L/s, čineći Srbiju ujedno najperspektivnijom zemljom u regionu sa aspekta bogatstva ovog prirodnog resursa.

Takođe, mineralne vode ostvaruju i industrijsko-privredni značaj kada sadrže korisne hemijske elemente, odnosno soli i gasove u svom sastavu koji se odgovarajućim tehnološkim procesima mogu dobijati iz njih, dok značajno mesto u životu čoveka dobijaju i kada se odlikuju povišenom temperaturom, kada postaju predmet korišćenja u toplotno-energetske svrhe.

Imajući u vidu značaj mineralnih voda koji se ostvaruje njihovom primenom u svakodnevnom životu čoveka, u proteklim decenijama 21. veka, u okviru geološkog inženjerstva, odnosno hidrogeologije u Srbiji, mineralne vode su bile predmet istraživanja sa aspekta hidrogeohemijske valorizacije esencijalnih mikroelemenata (Stojković, 2013) i geoloških uslova generisanja gasa CO₂ (Marinković, 2014), odnosno radioaktivnosti odabranih pojava podzemnih (mineralnih) voda (Ćuk, 2018) ili njihovog potencijalnog hidrogeotermalnog značaja (Petrović Pantić, 2014).

Koliko su česti primeri uticaja mikrobiološkog diverziteta na kvalitet resursa podzemnih (mineralnih) voda, ukazuju Šaraba & Dimkić (2019a) koji navode primer Lomničke kisele vode, koja iako distribuirana u Englesku i Francusku, usled bakteriološke neispravnosti je 1986. godine zabranjena za ljudsku upotrebu (Protić, 1995). Prema Stojadinoviću & Rašuli (1997), u okviru Lomničke kisele vode detektovane su sulfato-redukujuće klostridije i bakterije *Escherichia coli*. Takođe, Šaraba & Dimkić (2019a) navode i primer Prolom Banje, u okviru koje istražna bušotina „B-1“ se ne koristi u eksploatacione svrhe zbog bakteriološke neispravnosti mineralnih voda (Petrović Pantić, 2014).

O značaju i važnosti higijenske ispravnosti voda govorio je još i grčki lekar Hipokrat, naglašavajući prednost čistijeg izvorišta u odnosu na tretmane remedijacije kontaminiranih voda (Ćirić & Petrović, 2017). „Oko 42 milijarde litara flaširane vode je popijeno u Evropi u 1993. godini, sa bruto zaradom od oko 14 milijardi dolara, što je bavljenje vodom učinilo vrlo unosnim biznisom“ Vasiljević et al. (1999), što više nego jasno ukazuje na ulogu vode u svakodnevnom životu čoveka, odnosno, između ostalog, ukazuje na značaj kvalitativnih, tj. mikrobioloških svojstava vodnih resursa.

Mikroorganizmi predstavljaju biohidrogeološke indikatore koji ukazuju na: stepen oksičnosti/anoksičnosti sredine u kojoj se razvijaju (DBI, 2004), potencijal biozarastanja, korozije i biohemijske inkrustacije vodozahvatnih objekta (Cullimore, 2008; Pušić, 2011), prisustvo sadržaja organskih supstanci, odnosno uzorke kontaminacije vodnih resursa (DBI, 2004), higijensku ispravnost voda, odnosno njeno fekalno zagađenje (Cullimore, 1999; Madigan et al., 2010), poreklo nekih tipova mineralnih voda (Krunić, 2012), te temperaturne uslove sredine, stepen mineralizacije voda, odnosno pH vrednost sredine (Jemcev & Đukić, 2000; Dragišić & Živanović, 2014), itd.

Termofilni i hipertermofilni mikroorganizmi mogu da poseduju biotehnološki značaj (Madigan et al., 2010). Tako, sojevi roda *Bacillus*, koji, između ostalog, mogu biti prisutni u

¹„Pod mineralnim vodama podrazumevaju se podzemne vode koje se na osnovu mineralizacije, opšteg hemijskog i gasnog sastava, sadržaja specifičnih komponenti, radioaktivnih elemenata ili povećane temperature razlikuju od „običnih“ malomineralizovanih voda, a koje se koriste za lečenje, industrijsko dobijanje pojedinih korisnih sirovina ili za toplifikaciju i dobijanje električne energije“ Dragišić (1997).

ekstremnim okruženjima, predstavljaju važan izvor antibiotika, enzima, insekticida, korisnih bioloških jedinjenja, itd. (Dimkić, 2015).

Određene biocenoze imaju ulogu u remedijaciji zagađenih voda (Ben Maamar et al., 2015), pri čemu sa detaljnim razumevanjem mikrobioloških procesa u podzemnim ekosistemima jedino je moguće primeniti odgovarajući *in situ* tretman u skladu sa isplativijim, ekološki prihvatljivijim i održivim načelima remedijacije (Beyer et al., 2014). Takođe, usled sadržaja mikroorganizama kontaminanta u mineralnim vodama mogu nastupiti i hidrične epidemije (Food Safety Authority of Ireland, 2009).

1.1 POLAZNE HIPOTEZE

Mikroorganizmi, kao ubikvitarni i kosmopolitski organizmi, rasprostranjeni su u svim životnim sredinama (Stanković, 1988). Nalaze se u vodenim basenima, u vazduhu, u zemljištu, otkriveni su u pustinjskom pesku, ugljenokopima, dubokim naftnim ležištima, visokoplaninskim područjima, u izvorištima termalnih voda (Jemcev & Đukić, 2000), solfatarama, gejzirima, podmorskim hidrotermalnim izvorima, sumporovitim izvorima, podzemnim vodama, itd. Brojnost mikroorganizama (bakterija i arheja) je najizraženija u podmorskim staništima. Potom, njihova zastupljenost je najveća u podzemnim ekosistemima, nakon čega slede staništa predstavljena zemljištima, okeanima, te slatkovodnim i slanim jezerima, morskim ledom, itd. (Madigan et al., 2010). Zastupljenost mikroorganizama u različitim tipovima ekosistema prikazana je u Tabeli 1.1.

Tabela 1.1 Distribucija mikroorganizama u okviru različitih biogeosfera planete Zemlje^a
(Preuzeto i modifikovano prema Madigan et al., 2010)

Stanište	Procenat od ukupnog broja mikroorganizama (%)
Podmorska staništa	66
Podzemna staništa	26
Zemljište	4,8
Okeani	2,2
Druga staništa ^b	1,0

a – Podaci prikupljeni od strane Willam Whitman sa Univerziteta u Džordžiju, SAD, a odnose se na ukupno definisani broj bakterija i arheja čija brojnost je procenjena oko 2.5×10^{30} ćelija ovih organizama, u kojima je sadržano oko 5×10^{17} grama ugljenika; b – Druga staništa podrazumevaju slatkovodna i slana jezera, pripitomljene životinje, morski led, termite, ljude i pripitomljene ptice.

Virusni i mikrobni aerosoli se mogu prenositi vazдушnim strujama na udaljenosti veće od stotinu i hiljadu kilometara, dok se gljivične spore mogu prenositi na udaljenosti veće od 1.000 km. Za razliku od vazduha, u gornjim slojevima zemljišta zabeleženi su skoro svi identifikovani mikroorganizmi do danas. Tako, u humusnom pokrivaču do dubine od 15 cm rasprostranjeno je i do nekoliko milijardi mikroorganizama (Jemcev & Đukić, 2000), čija gustina zajednice u različitim tipovima zemljišta je prikazana u Tabeli 1.2.

Tabela 1.2 Brojnost mikroorganizama u različitim tipovima zemljišta ($10^3/1$ g zemljišta)
(Preuzeto i modifikovano prema Jemcevu & Đukiću, 2000)

Dubina (cm)	Ukupan broj bakterija	Broj sporogenih bakterija	Broj aktinomiceta	Broj gljiva
Oglejno šumsko zemljište (tundra)				
0-5	2.960	5,4	19,0	70,0
5-10	1.057	4,7	11,0	25,0
20-30	450	3,0	2,0	4,0
40-50	100	0,5	1,2	1,5
70-80	15	0,5	0	0
Šumsko podzolasto zemljište				
0-5	1.600	180	177	40,0
5-10	780	175	61	18,9
20-30	148	59	33	0,9
40-50	77	16	9	0,5
70-80	20	12	4	0,3
Černozem				
0-5	8.950	805	835	37,0
5-10	6.650	945	1.015	36,5
20-30	835	825	126	19,3
40-50	200	169	24	17,2
70-80	147	127	13	0,3
Serozem				
0-5	1.500	505	780	20,0
5-10	800	350	700	12,0
20-30	560	96	360	2,4
40-50	110	69	160	0,4
70-80	90	17	150	0,2

U 1 g zemljišta nalazi se oko 200 m hifa gljiva, milijardu bakterija, te nekoliko desetina hiljada taksona, pri čemu su bakterije najzastupljenija grupa organizama, čija brojnost se procenjuje u kolonizaciji od $10^6 - 10^9$ g⁻¹, dok se u zoni rizosfere nalazi više od 30.000 prokariota ukupne brojnosti od oko 10^{11} CFU g⁻¹ (Karličić, 2017). U šumskim zemljištima, brojnost prokariota se procenjuje oko 4×10^7 g⁻¹, dok je njihova zastupljenost u drugim tipovima zemljišta, uključujući i pustinjska i kultivisana zemljišta oko 2×10^9 g⁻¹ (Burrows et al., 2009). U ukupnoj biomasi planete Zemlje, zemljišni mikroorganizmi učestvuju u količini od $10^3 - 10^4$ kg ha⁻¹ (Karličić, 2017).

U površinskim vodama, brojnost bakterija se procenjuje u kolonizaciji od 10^5 do 10^7 po cm³, čiji sadržaj je, između ostalog, uslovljen i koncentracijom hlorofila, a samim tim i biomasom fitoplanktona (Burrows et al., 2009). U vodama reka i jezera, uz hemotrofe, alge i druge organizmume, veoma često su prisutni i zemljišni heterotrofi i saprofiti (Jemcev & Đukić, 2000), a mogu biti prisutni i patogeni i koliformni mikroorganizmi (Kostić-Vuković, 2018). U tekućim vodama, sadržaj mikroorganizama se menja u zavisnosti od doticaja otpadnih voda do uslova u okviru kojih dolazi do potpune razgradnje organske supstance. U eutrofnim jezerima, karakterističan je povišen sadržaj heterotrofnih mikroorganizama, dok su u oligotrofnim jezerima uglavnom zastupljeni autotrofi. Brojnost mikroorganizama zavisi od koncentracije organskih supstanci, raspodele toplote, itd., pri čemu je zona jezerskog mulja znatno bogatija mikroorganizmima u odnosu na vode rasprostranjene iznad. Mikroorganizami jezerskog mulja uglavnom su psihrofilni, anaerobi i heterotrofi (Jemcev & Đukić, 2000).

Kada je reč o marinskim mikroorganizmima, zabeležen je njihov intenzivan razvoj u uslovima sa sadržajem NaCl od 1-4% (Madigan et al., 2010), pri čemu su u okviru morskih staništa posebno zastupljene vrste *Pseudomonas* sp., *Vibrio* sp., *Achromobacter* sp.,

Flavobacterium sp. i *Micrococcus* sp. (Baharum et al., 2010). Na diverzitet planktonskih zajednica marinskih mikroorganizama utiče širok spektar biotičkih i abiotičkih faktora, kao što su: salinitet, temperatura, trofički status, kiseonik, dubina, teški metali, geografska lokalacija, uzlazne struje, cvetanje fitoplanktona, itd. (Wang et al., 2015).

Generalno, može se zaključiti da su mikroorganizmi široko rasprostranjeni u prirodi, gde uslovljavaju kružni ciklus supstance i energije, učestvuju u procesima razgradnje organskih supstanci, doprinose stvaranju ležišta nafte i gasa, ugljeva i drugih mineralnih sirovina. Utiču na razaranje stena i minerala, doprinose obogaćenju zemljišta azotovim jedinjenjima i imaju veliku primenu u poljoprivrednoj i industrijskoj proizvodnji. Koriste se za proizvodnju stimulatora rasta biljaka, organskih kiselina, krmnih i hranljivih belančevina, antibiotika, aminokiselina, vitamina, enzima i sl. (Jemcev & Đukić, 2000). Imaju ulogu u procesima biomineralizacije (Konhauser, 2009) i doprinose jasnijem razumevanju klimatoloških, ekoloških i sedimentnih uslova geoloških epoha planete Zemlje (Mulec et al., 2015). S druge strane, patogeni mikroorganizmi su izazivači oboljenja čoveka, zbog čega mogu nastati epidemije prenosivih bolesti (Madigan et al., 2010).

1.1.1 Mikroorganizmi u podzemnim (mineralnim) vodama

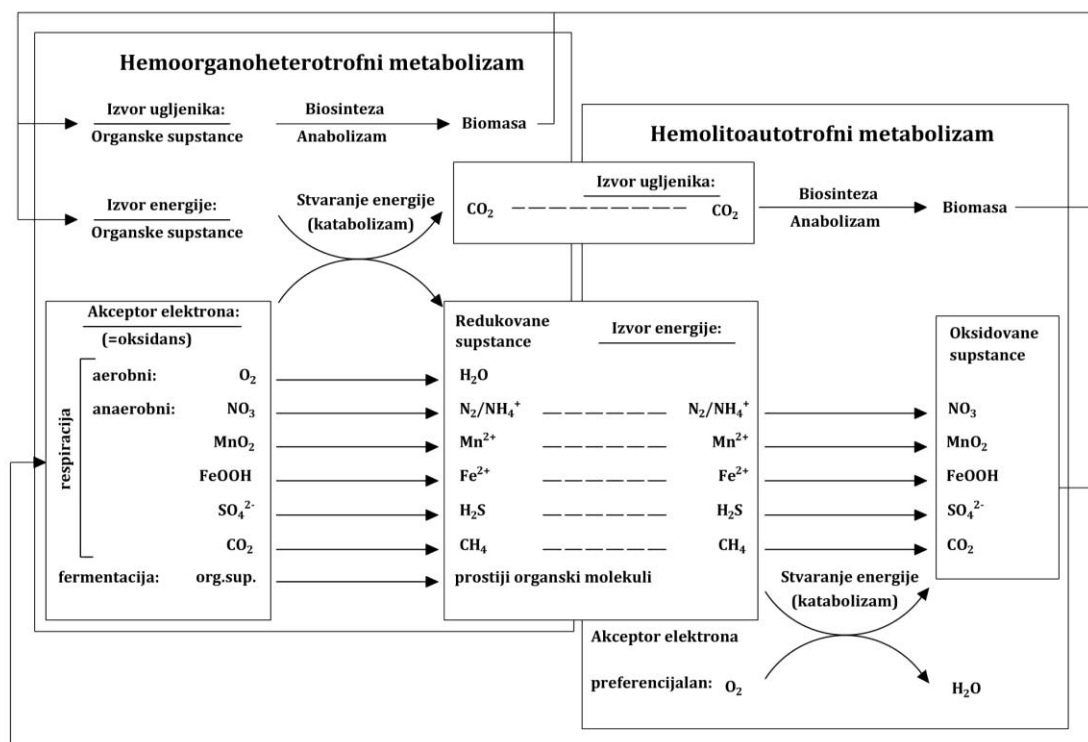
Dugo vremena se smatralo da su mikroorganizmi rasprostranjeni do dubina od 100 m u okviru Zemljine kore (Griebler & Lueders, 2009; Madigan et al., 2010). Pretpostavljalo se da dublji delovi vodonosnika bivaju izolovani od površinskih uticaja kontaminacije, kao rezultat infiltracije površinskih voda kroz porozne slojeve ili usled postojanja povlatnih vodonepropusnih barijera (De Giglio et al., 2016), čime staništa podzemnih voda bivaju izuzeta iz „lanca kontaminacije“. Međutim, pojavom (razvojem) stalnih hidričnih infekcija, prethodne tvrdnje su se pokazale kao nedovoljno pouzdane (Keesari et al., 2015).

Danas je poznato da podzemne vode predstavljaju staništa jedinstvenog mikrobiološkog diverziteta (Griebler & Avramov, 2015), uglavnom predstavljenog bakterijama i arhejama, uz koje su rasprostranjene i gljive i protozoe (Griebler & Lueders, 2009; Šaraba & Krunić, 2017a). U okviru domena bakterija, zajednice Gram-negativnih predstavnika predstavljaju važnu grupu mikroflore podzemnih voda (Chapelle, 2000), dok su u dubljim delovima litosfere posebno zastupljeni litotrofni mikroorganizmi (Griebler & Lueders, 2009).

Brojnost mikroorganizama podzemnih staništa procenjuje se u kolonizaciji od 10^3 do 10^8 po mL podzemne vode ili po gramu sedimenta (Pedersen, 2000). Osnovne razlike podzemnih ekosistema u poređenju sa površinskim staništima podrazumevaju nedostatak lako dostupnog organskog ugljenika i odsustvo fotosintetičkih procesa (Griebler & Lueders, 2009), odnosno ultra-oligotrofne ekosisteme sa odsustvom zahteva za alohtonim unosima energije i hemosintezom. Prisustvo akceptora i donora elektrona, izvora ugljenika i hranljivih supstanci je od suštinskog značaja za razvoj mikroorganizama podzemnih staništa. Brze stope prometa rastvorenih slobodnih aminokiselina i ugljenih hidrata ukazuju da su ova jedinjenja generalno važni izvori azota, ugljenika i energije heterotrofnih mikroorganizama podzemnih voda (Karwautz, 2015).

U ekosistemu podzemnih voda zastupljena su dva tipa metabolizma mikroorganizama. Tako, hemolitoautorofni mikroorganizmi koriste ugljen-dioksid kao izvor ugljenika za obavljanje procesa biosinteze i dobijaju energiju na račun oksidacije neorganskih jedinjenja. Mnoge eubakterije i arheje pripadaju ovom tipu metabolizma. Mogu da žive u vodama koje karakteriše odsustvo organskog ugljenika, kao što su često mineralne i termalne vode. Hemoorganoheterotrofni organizmi neophodnu energiju za obavljanje životnih aktivnosti dobijaju na račun oksidacije organskih supstanci (katabolizam). Takođe, zavise od sadržaja organskog ugljenika, budući da im je potreban u okviru biosinteze ćelijskog materijala. Sve protozoe, većina bakterija, kao i životinje i gljive pripadaju ovom tipu metabolizma

(Goldscheider et al., 2006). Na Slici 1.1 prikazana su dva glavna tipa metabolizma mikroorganizama podzemnih voda.



Slika 1.1 Shematski prikaz metabolizma mikroorganizama podzemnih voda (Preuzeto i modificirano prema Goldscheider et al., 2006)

Distribucija mikroorganizama u okivru Zemljine kore doseže dubine od stotinu i hiljadu metara (Griebler & Avramov, 2015), pri čemu su mikroorganizmi rasprostranjeni do dubina od najmanje 3 km ukoliko do tih dubina zaležu i podzemne vode (Madigan et al., 2010). Budući da podzemne ekosisteme karakteriše niska koncentracija organskog ugljenika, opstanak mikroorganizama zavisi od oksido-redukcionih reakcija neorganskih supstanci (Ben Maamar et al., 2015). Učestvujući u oksido-redukcionim procesima, mikroorganizmi utiču na hemijski sastav podzemnih voda, dekompoziciju minerala u izdani, migraciju metala i organskih jedinjenja, te doprinose geološkoj sekvencijaciji gasova sa efektom staklene bašte (Flynn et al., 2013). Uticaj mikroorganizama na hemijski sastav podzemnih voda najbolje opisuje metabolička aktivnost roda *Geobacter* koji redukuje trovalentno gvožđe u dvovalentno stanje (Madigan et al., 2010). U mikroflori podzemnih voda uglavnom je karakteristično postojanje više različitih biocenoza, budući da preovlađuje odgovarajući stepen koegzistencije između različitih mikroorganizama. Tako je dokazano prisustvo bakterija koje učestvuju u procesima denitrifikacije i redukcije gvožđa i sulfata u izdani u blizini „Cerro Negro” (Novi Meksiko, SAD), pri čemu je kao dominantni oblik „disanja” bila utvrđena redukcija sulfata (Flynn et al., 2013).

Brojnost mikroorganizama u nezagađenim podzemnim vodama procenjuje se u kolonizaciji od 10^2 do 10^8 po mL vode (Madigan et al., 2010), uz koje u podzemnim vodama može biti prisutna i metazoanska fauna (Griebler & Avramov, 2015). Posebno je izražen uticaj mikroorganizama u aluvijalnim i karstnim tipovima izdani (Čirić & Petrović, 2017), pri čemu je poznato da mikroorganizmi u karstnim vodama učestvuju u geohemijskim procesima, kao što su taloženje i rastvaranje minerala (Goldscheider et al., 2006). U Tabeli 1.3 prikazana je brojnost mikroorganizama u različitim zonama podzemnih staništa.

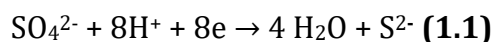
Tabela 1.3 Brojnost mikroorganizama u različitim zonama podzemnih staništa
(Preuzeto i modificirano prema Griebler & Lueders, 2009)

Mikroorganizmi	Stanište	Kontaminacija	Brojnost (ćelije cm ⁻³)
Bakterije	Karstne vode i vode pećinskih sistema	Ne	10 ² -10 ⁵
	Sedimenti iz voda pećinskih sistema	Ne	10 ⁴ -10 ⁸
	Vode granitskih i bazaltnih sistema	Ne	10 ² -10 ⁵
	Podzemne vode	Ne	10 ³ -10 ⁶
		Da	10 ³ -10 ⁷
	Podzemne vode – zasićeni porozni sedimenti	Ne	10 ⁵ -10 ⁸
		Da	do 10 ¹⁰
Arheje	Zona aeracije	Ne	10 ⁴ -10 ⁸
		Ne, moguće i da	Do 20% od ukupnog broja ćelija
Heterotrofni bičari	Podzemne vode	Ne	do 10 ²
		Da	do 10 ⁵
	Podzemne vode – zasićeni porozni sedimenti	Ne	10 ³ -10 ⁵
		Da	do 10 ⁸
Amebe	Podzemne vode	Da, moguće i ne	10 ⁻¹ -10 ¹
Ciliates – Protozoe	Podzemne vode plitkih vodonosnih horizonata	Da, moguće i ne	10 ⁻¹ -10 ⁰
Heliozoa		Ne	10 ⁻¹ -10 ⁰

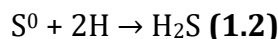
U mikroflori podzemnih ekosistema, identifikovani mikroorganizmi uglavnom su približni vrstama svojstvenim staništima površinskih ekosistema (Madigan et al., 2010), u okviru kojih su detektovani predstavnici mangan-, gvožđe- i sumpor-redukujućih, kao i metanogenih, acetogenih i brojnih drugih bakterija (Pedersen, 2007). Posebno su značajne gvožđevite bakterije koje su gotovo uvek prisutne kada postoji rastvoren kiseonik i kada su lokalni sadržaji gvožđa u rastvorenom stanju iznad 0,2 mg/L (Knežić, 2012). Obuhvataju jednoćelijske bakterije, nitaste bakterije, mikoplazme, fleksibakterije i cijanobakterije (Jemcev & Đukić, 2000). U okviru gvožđevitih bakterija, moguće je razlikovati gvožđe-oksidujuće (na primer, *Gallionella*, *Leptothrix*, itd.) i gvožđe-redukujuće bakterije (na primer, *Geobacter*, *Schewanella*) (Majkić, 2013). Prema Cullimore (1999), prilikom testiranja uzoraka podzemnih voda u Saskačevanu u Kanadi oko 95% testiranih uzoraka pokazalo se kao pozitivno na prisustvo gvožđevitih bakterija, u okviru kojih su bili dominantni rodovi *Crenothrix*, *Sphaerotilus*, *Leptothrix* i *Gallionella*.

Kao sastavni deo mikroflora podzemnih voda mogu biti prisutne i sumporne bakterije. Generalno, mogu se podeliti na sledeće grupe: i) sulfato-redukujuće bakterije (rodovi: *Desulfovibrio*, *Desulfotomaculum*), ii) sumpor-redukujuće bakterije (rod: *Desulfomonas*), iii) sumpor-oksidujuće bakterije (rod: *Thiobacillus*) i iv) bezbojne sumporne bakterije (rodovi: *Beggiatoa*, *Thiotrix*) (Cullimore, 1999). Sulfato-redukujuće bakterije predstavljaju jedinstvenu grupu organizama, budući da za životne aktivnosti koriste vodonik, a ne kiseonik (DBI, 2004). Kao donor elektrona, sulfato-redukujuće bakterije koriste rastvoreni organski ugljenik, dok sulfate koriste kao akceptor elektrona. Potom nastaje neorganski ugljenik i vodonik-sulfid (Obradović et al., 2012). Takođe, ove bakterije mogu da koriste i azot ili amonijumove soli (Kushkevych, 2019). Sulfato-redukujuće bakterije razvijaju se u sredinama sa redoks potencijalima od -200 mV do +50 mV, pri čemu su dominantni anaerobi (Cullimore, 1999).

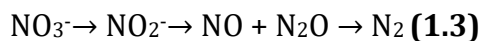
Dele se na dve grupe: sporogene (rod *Desulfotomaculum*) i asporogene (rod *Desulfovibrio*). Takođe, mogu da razlažu naftne proizvode, utiču na zagađenje industrijskog gasa sumporvodnikom, te mogu da doprinose i stvaranju sulfidnih ruda (Jemcev & Đukić, 2000). Redukcija sulfata do sumpora u prisustvu bakterija *Desulfovibrio* može se predstaviti u sledećem obliku (Dimkić & Knežić, 2012):



Osim u anaerobnim sredinama, sulfato-redukujuće bakterije mogu da opstaju u aerobnim uslovima, odnosno u tzv. „džepovima“ gde vladaju lokalno anoksični uslovi. Tada je njihov život u simbiozi sa drugim aerobnim bakterijama, budući da moraju biti zaštićene od direktnog kontakta sa kiseonikom. Tako, opstanak sulfato-redukujućih bakterija omogućavaju sluz-produkujuće vrste, pri čemu formirana sluz utiče na formiranje anaerobnih uslova u nišama ispod naslaga sluzi, u kojima se razvijaju anaerobne vrste (Majkić, 2013). Takođe, i drugi autori ukazuju na često prisustvo vrsta sulfato-redukujućih bakterija ispod oker naslaga (Obradović et al., 2012). Sumpor-redukujuće bakterije učestvuju u redukciji elementarnog sumpora (Jemcev & Đukić, 2000), koji se redukuje do vodonik-sulfida na sledeći način (na primer, metaboličkom aktivnošću bakterije *Desulfuromonas acetoxidans*) (Madigan et al., 2010):



S druge strane, sumpor-oksidujuće bakterije (rod *Sulfolobus*) učestvuju u procesima oksidacije elementarnog sumpora (Jemcev & Đukić, 2000), te mogu da imaju primenu u procesu bioluženja (Jeremić, 2013). U podzemnim vodama mogu biti prisutne i denitrifikacione bakterije (Pedersen, 2007). Usled aktivnosti denitrifikacionih bakterija dolazi do razlaganja organskih supstanci, čime mogu nastati zagađujuće supstance koje su podjednako ili čak više toksične od prvobitnih kontaminanata. Ove bakterije redukuju nitrate do nitrita, a neke vrste nastavljaju sa nitrifikacijom do gasovitog N_2 (potpuna denitrifikacija). Veliki broj denitrifikacionih bakterija ne učestvuje u potpunoj denitrifikaciji. Njihovo učešće je delimično kontrolisano dostupnošću nitrata, nitrita ili azotnih oksida. Jedna od najvećih grupa denitrifikacionih bakterija su bakterije enteričnog tipa, koje podrazumevaju i koliformne bakterije (DBI, 2004). Zapravo, nitrati (NO_3^-) i nitriti (NO_2^-) su rezultat bakterijske oksidacije azota, pri čemu se u anaerobnim uslovima NO_3^- bakteriološkom aktivnošću redukuje do NO_2^- , dok u uslovima sa niskim sadržajem kiseonika odvija se proces denitrifikacije NO_2^- do gasovitog N_2 (Laketić, 2017). Proces denitrifikacije se može predstaviti sledećom relacijom (Knežević, 2015):

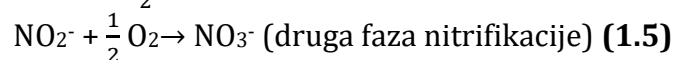
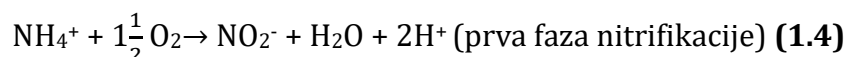


Neki od glavnih rodova bakterija koji učestvuju u procesu denitrifikacije su: *Actinomyces*, *Aeromonas*, *Campylobacter*, *Bacillus*, *Thiobacillus*, *Vibrio*, *Bacteroides*, *Clostridium*, *Enterobacter*, *Staphylococcus*, *Streptomyces*, *Citrobacter*, *Eubacterium*, *Flavobacterium*, *Escherichia*, *Halococcus*, *Halobacterium*, *Mycobacterium*, *Serratia*, *Shigella*, *Salmonella*, *Spirillum*, itd. (DBI, 2004). Takođe, u procesu denitrifikacije mogu da učestvuju i sledeći rodovi: *Xanthomonas*, *Achromobacter*, *Gallionella*, *Halobacterium*, *Hyphomicrobium*, *Janthinobacterium*, *Halomonas*, *Neisseria*, *Propionibacterium*, *Rhodobacter*, *Thiobacillus*, *Rhizobium*, *Thiosphaera*, *Vibrio*, itd. (Vidaković, 2019). Takođe, u procesu denitrifikacije mogu da učestvuju i gvožddevite bakterije roda *Leptothrix*, te predstavnici sluz-produkujućih bakterija: *Pseudomonas*, *Proteus*, *Zooglea*, *Micrococcus*, itd. Takođe, proces denitrifikacije, osim u anaerobnim, može se odvijati i u kiseoničnim uslovima, kada se naziva ko-respirirajućom denitrifikacijom i uglavnom se vezuje za vrste roda *Pseudomonas* (Majkić, 2013). U Tabeli 1.4 prikazani su neki predstavnici denitrifikacionih bakterija.

Tabela 1.4 Pregled odabranih poptunih i nepotpunih denitrifikatora (Preuzeto od: Vidaković, 2019)

Potpuni denitrifikatori	Nepotpuni denitrifikatori
<i>Achromobacter xylosoxidans</i>	<i>Alcaligenes denitrificans</i>
<i>Pasteurella</i> spp.	<i>Aeromonas hydrophila</i>
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	<i>Agrobacterium radiobacter</i>
<i>Pseudomonas pickettii</i>	<i>Vibrio fluvialis</i>
<i>Pseudomonas stutzeri</i>	<i>Aeromonas salmonicida</i>
	<i>Enterobacter intermedium</i>
	<i>Citrobacter freundii</i>

Bakterije roda *Archromobacter*, *Bacillus*, *Pseudomonas* i *Micrococcus* su denitrifikacione fakultativne heterotrofne bakterije, te mogu da se razvijaju u aerobnim i anaerobnim uslovima (Knežević, 2015), u okviru kojih su *Pseudomonas* bakterije najaktivnije denitrifikacione bakterije u vodenim staništima i zemljištima, među kojima su najefikasnije sledeće vrste: *P. mendocina*, *P. aeruginosa*, *P. lemoignei*, *P. mallei*, *P. perfectomarinus*, *P. pickettii*, *P. fluorescens*, *P. stutzeri*, itd. (Vidaković, 2019). Prisustvo nitrifikacionih bakterija ukazuje na generisanje značajnih količina nitrata u vodama, tj. na poslednju fazu aerobne razgradnje organskih supstanci bogatih azotom, pri čemu produkcija nitrata može biti uzročnik higijenske neispravnosti voda (DBI, 2004). Ove bakterije oksiduju amonijak do azotaste kiseline (prva faza nitrifikacije) (rodovi: *Nitrosococcus*, *Nitrosospira*, *Nitrosomonas*, *Nitrosolobus* i *Nitrosovibrio*), da bi u drugoj fazi nitrifikacije oksidovale azotastu kiselinu do azotne (rodovi: *Nitrococcus*, *Nitrobacter* i *Nitrospira*) (Jemcev & Đukić, 2000):



U izdanima mogu biti prisutne i silikatne bakterije (Vasanthi et al., 2018), koje utiču na fizičko-hemijska svojstva podzemnih voda (na primer, vrsta *Bacillus circulans*) generisanjem fulvo i huminskih kiselina (Dragišić & Polomčić, 2009; Dragišić & Živanović, 2014). Takođe, moguće je i prisustvo metanogenih bakterija (Jabłoński et al., 2015), koje mogu da imaju praktičnu primenu, budući da proizvode gas metan (Jemcev & Đukić, 2000). Ujedno, metanogene bakterije mogu da indukuju razvoj procesa biokorozije (Tasić et al., 2016). Na Slici 1.2 prikazan je zapaljivi gas metan proizveden od strane metanogenih bakterija.

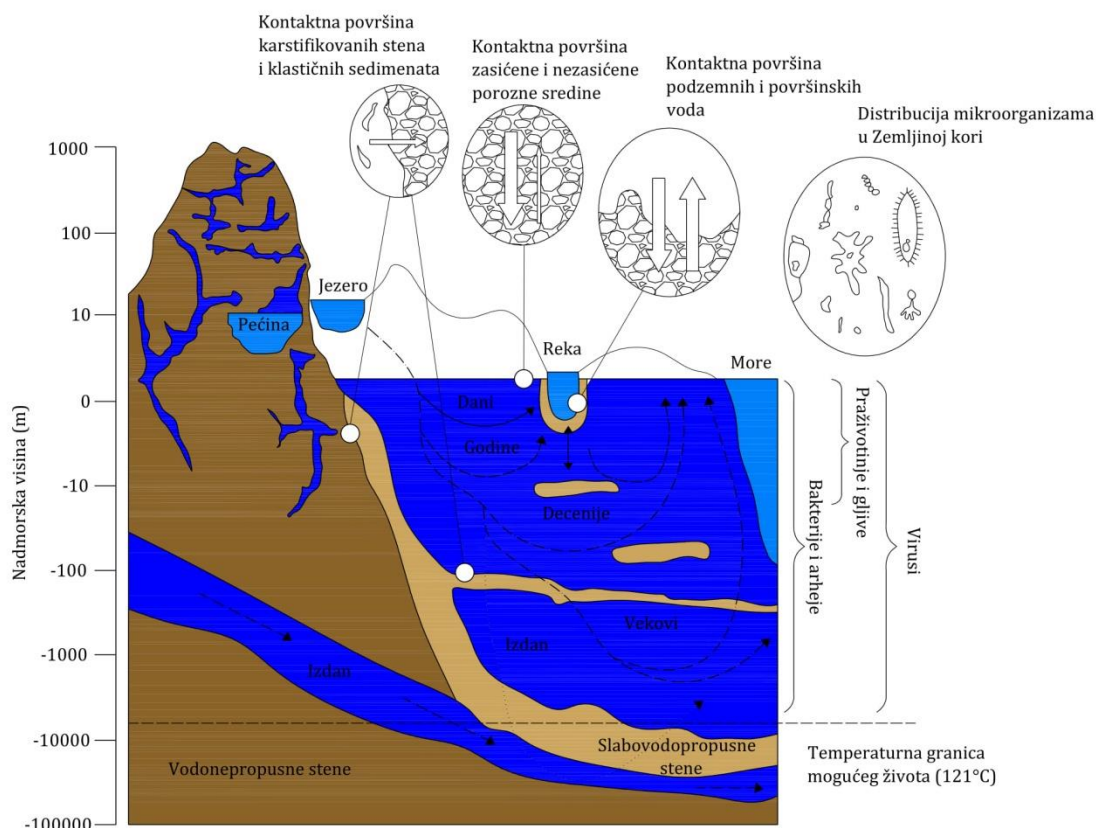


Slika 1.2 Biogoriva (Preuzeto od: Madigan et al., 2010)*

*Demonstrativni eksperiment u kome je prirodni gas (metan) koji proizvode metanogeni mikroorganizmi zapaljen.

U podzemnim vodama zabeležene su sledeće klase mikroorganizama: Gammaproteobacteria, Betaproteobacteria, Alphaproteobacteria i Deltaproteobacteria, kao i razdele: Firmicutes, Bacteroidetes, Planctomycetes, Actinobacteria, OD1 i Nitrospirae, pri čemu su identifikovani mikroorganizmi bili povezani sa biogeochemijskim procesima redukcije sulfata, oksidacije metana, nitrifikacije, transformacije arsena, itd. (Sonthiphand et al., 2019). Takođe, u mikroflori podzemnih voda uobičajne su bakterije roda *Pseudomonas*, kao i bakterije roda *Acinetobacter* i roda *Alcaligenes*. Ostale grupe, poput *Caulobacter*, *Cytophaga*, *Flexibacter* i *Flavobacteria* uglavnom su zastupljene u izdanima plitkih vodonosnih horizonata (Food Safety Authority of Ireland, 2009). Osim patogenih pseudomonada, u podzemnim vodama zabeleženo je i prisustvo drugih patogenih bakterija: *E. coli*, *Clostridium*, *Campylobacter*, *Rhodococcus coprophilus*, *Enterococci*, *Arcobacter*, fekalne streptokoke i sulfito-redukujuća *Clostridia*, *Entamoeba histolytica*, *Giardia intestinalis*, *S. typhimurium* i *Salmonella*, kao i prisustvo virusa (koksaki virus, poliovirus, hepatitis A i E, rotavirus, norovirus, itd. (Kumar et al., 2014). Treba imati u vidu da su navedeni mikroorganizmi samo neki od patogenih predstavnika u podzemnim ekosistemima, čija brojnost i uslovi opstanka su detaljno opisani u Poglavljima 1.1.1.3 i 1.1.1.4.

Ekosisteme podzemnih voda odlikuje hidrološka, hidrochemijska i geološka heterogenost sredine (Griebler & Lueders, 2009), od čega zavisi distribucija mikroorganizama i stepen njihove biochemijske aktivnosti (Goldscheider et al., 2006), čija raspodela u okviru površinskih i podzemnih ekosistema je prikazana na Slici 1.3.



Slika 1.3 Shematski prikaz ekosistema površinskih i podzemnih voda (Preuzeto i modificirano prema Griebler & Lueders, 2009)*

*Smer filtracije voda prikazan je strelicama na slici, kao i vreme zadržavanja vode u posmatranoj geološkoj sredini. Krugovi na slici sugerišu na različite zone podzemnih staništa, dok je uglastim zagradama prikazana distribucija različitih mikroorganizama podzemnih ekosistema.

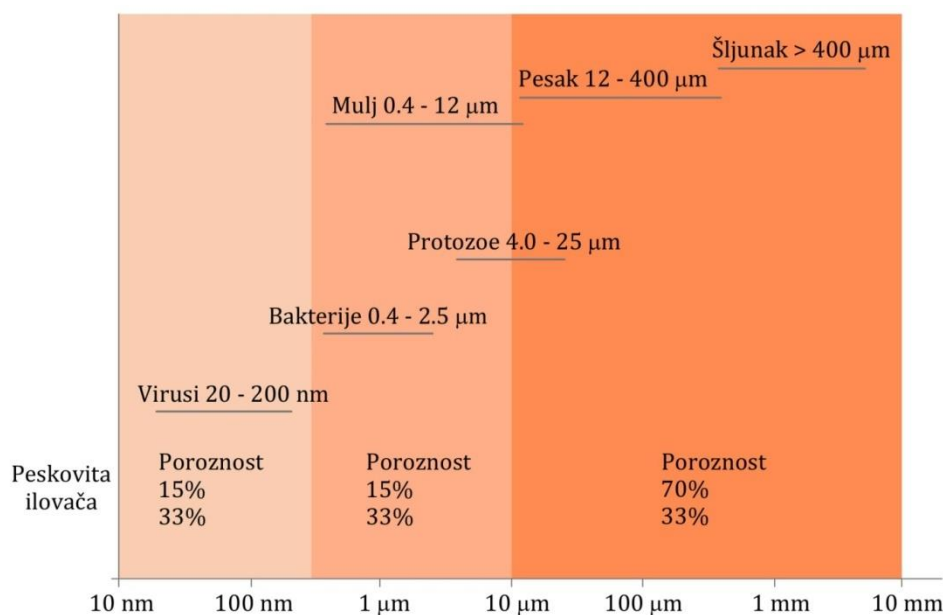
Sa aspekta distribucije mikrobiološkog diverziteta podzemnih ekosistema, veće bogatstvo specifične mikroflore karakteristično je za ekotone², budući da ove zone odlikuje razvoj procesa koji regulišu transport hranljivih supstanci, energije, itd. U određenim slučajevima, transport mikroorganizama može biti toliko spor, zbog čega staništa podzemnih voda ostaju potpuno izolovana od spoljašnjih faktora, čime se stvaraju pogodni uslovi za alopatrijsku evoluciju mikroorganizama. S druge strane, budući da podzemne i površinske vode često odlikuje hidrološka povezanost, u odgovarajućim uslovima ekosistemi površinskih i podzemnih voda mogu predstavljati jedinstven sistem (Griebler & Lueders, 2009). U Tabeli 1.5 prikazane su uporedne karakteristike podzemnih i površinskih staništa.

²Ekotoni mogu biti predstavljeni graničnim zonama podzemnih voda i nezasićene porozne sredine, zonama kontakta peskovitih i glinovitih sedimenata (Goldscheider et al., 2006), prelaznim zonama između površinskih i podzemnih voda, itd. (Griebler & Lueders, 2009).

Tabela 1.5 Uporedni prikaz karakteristika podzemnih i površinskih ekosistema sa aspekta razvoja karakterističnih biocenoza (Preuzeto i modifikovano prema Griebler & Lueders, 2009)

Stanište	Vreme opstanka	Biomasa prokariota		Dostupnost organskih supstanci	Zajednice mikroba	Metabolizam	Faktori sredine	Struktura staništa	Dinamika staništa	Tip ekosistema
		(kg)	(%)							
Podzemne vode	14 dana – 100.000.000 godina	$22-215 \times 10^{12}$	6-40	Mogućnost filtracije čestica organskih supstanci ne postoji, niska koncentracija rastvorenih organskih supstanci	Uglavnom: prokariote, protisti, gljive, te neznatni sadržaj faune	Heterotrofi i hemoautotrofi	Geološki, hemijski i hidrološki	Sedimenti različitih veličina zrna, izdanske zone, stenski komplekski, pukotine, pećinski sistemi	Konstantna, Predvidiva	Primarno oligotrofan
Površinske vode	14 dana – 10 godina	0.25×10^{12} (sa masom sedimenta)	0.04-0.06	Obilna količina organskih supstanci i ostalih rastvorenih čestica, ali nejednako raspoređena	Više životinje, protisti, gljive, prokarioti	Fotoautotrofi, heterotrofi i retko hemoautotrofi	Hidrološki, hemijski i geološki	Vodena prostranstva, zone mešanja plitkih podzemnih i površinskih voda, fino-zrni jezerski sedimenti	24-časovna i sezonska dinamika, nepredvidiva	Oligotrofan-eutrofan
Okeani i mora	4.000 godina	305×10^{12} (sa masom sedimenta)	56-86	Obilna količina organskih supstanci i ostalih rastvorenih čestica, ali neravnomerno raspoređena	Više životinje, protisti, gljive, prokarioti	Fotoautotrofi, heterotrofi i retko hemoautotrofi	Hidrološki, hemijski i geološki	Okeanska i morska vodena prostranstva i fino-zrni podvodni sedimenti	24-časovna i sezonska dinamika, umereno predvidiva	Oligotrofan-eutrofan
Zemljišta	Nekoliko dana do nekoliko vekova	26×10^{12}	5-7	Obilna količina organskih supstanci i ostalih rastvorenih čestica	Prokarioti, gljive, protisti, više životinje	Heterotrofi i retko hemoautotrofi	Hidrološki, hemijski i geološki	Humus, sedimenti različite veličine zrna	24-časovna i sezonska dinamika, nepredvidiva	Oligotrofan-eutrofan

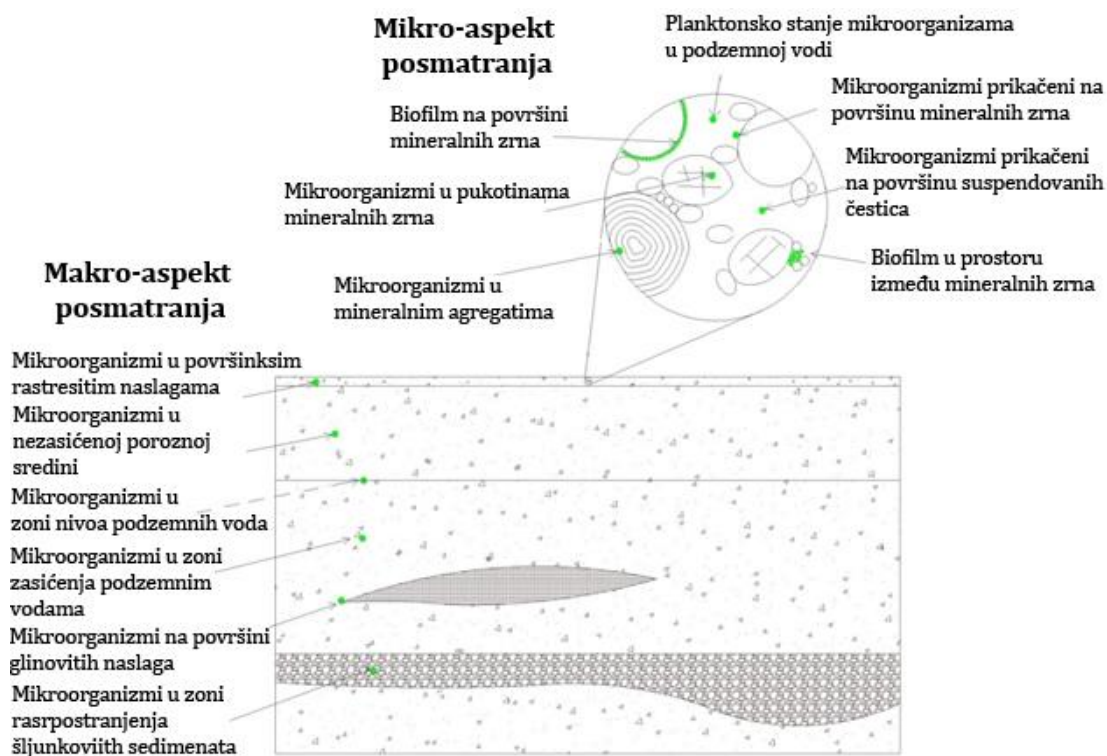
Transport mikroorganizama u podzemnim ekosistemima zavisi od geološkog sastava terena, pri čemu mikroorganizmi mogu biti brzo transportovani duž ustaljenog toka podzemnih voda, na primer, u okviru šljunkovitog horizonta neznatne debljine, ali izražene hidrauličke provodljivosti (Goldschieder et al., 2006). Na Slici 1.4 prikazan je uporedni prikaz karakteristika izdani i veličine patogenih mikroorganizama u podzemnim ekosistemima.



Slika 1.4 Uporedni prikaz veličine patogenih mikroorganizama i karakteristika izdani u okviru različitih geoloških sredina (Preuzeto i modifikovano prema Krauss et al., 2011)

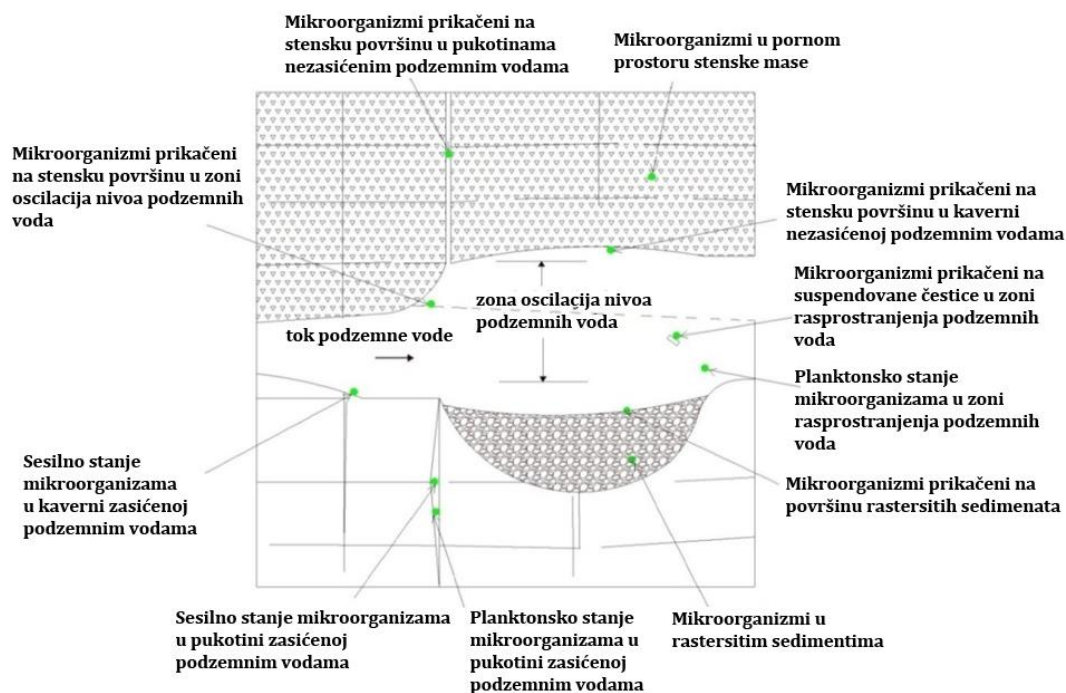
U aerobnim uslovima podzemnih voda, do izraženog opadanja parcijalnog pritiska kiseonika može doći u sklopu mineralnih agregata sa izvesnim sadržajem organskih supstanci. Zbog toga, mikroskopska anaerobna staništa predstavljaju bitan segment staništa podzemnih voda, utičući na bogatstvo mikrobiološkog diverziteta i stepen njihove biohemijske aktivnosti (Goldschieder et al., 2006). U oksidnim uslovima sredine, sulfato-redukujuće bakterije, koje su dominantni anaerobi, uglavnom su rasprostranjene u dubokim slojevima biofilma (Majkić, 2013).

U podzemnim ekosistemima, mikroorganizmi se nalaze u suspenziji rastvora podzemne vode ili su pričvršćeni za odgovarajuće geohemijske podloge, odnosno sastavni su deo bentosnih ili planktonskih zajednica. Procenjuje se da 1/3 mikroorganizama u okviru svake biocenoze može voditi oba životna stila, dok su preostale zajednice mikroorganizama isključivo bentosni ili planktonski stanovnici podzemnih voda. Tako, za bakterije koje učestvuju u redukciji gvožđa (na primer, rodovi *Geobacter* i *Geothrix*) uglavnom je karakterističan bentosni stil života (Flynn, 2008). Na Slici 1.5 prikazani su ekološki uslovi staništa mikroorganizama u intergranularnoj sredini.



Slika 1.5 Shematski prikaz ekoloških uslova staništa mikroorganizama u intergranularnoj (peskvito-šljunkovitoj) izdani posmatrano sa mikro- i makro-aspekta (Preuzeto i modifikovano prema Goldscheider et al., 2006)

Zasigurno je da mikrobiološki diverzitet podzemnih voda predstavlja izuzetan potencijal za prirodnu biodegradaciju različitih kontaminanata, uz činjenicu da podzemne ekosisteme odlikuje mnoštvo neiskorišćenih bioloških produkata sa mogućnošću njihove biotehnoške primene (Griebler & Avramov, 2015). Može se konstatovati da istraživanje mikroflore podzemnih ekosistema potvrđuje osnovni princip da su mikroorganizmi svugde, ali da priroda vrši njihovu selekciju (Ginige et al., 2013). Takođe, prisustvo specifičnog mikrobiološkog diverziteta utiče i na hidrogeohemijske procese u ekosistemu podzemnih voda, zbog čega je mikrobiološka procena neophodna u karakterizaciji neorganskih procesa koji doprinose transportu i ispiranju hemijskih elemenata u dubljim delovima vodonosnih horizonata. Osim toga, mikrobiološka karakterizacija predstavlja i neophodan preduslov prilikom geohemijskog modeliranja, kako bi se adekvatno ustanovio izvor kontaminacije (Keesari et al., 2015). Na Slici 1.6 prikazani su ekološki uslovi staništa mikroorganizama u karstno-pukotinskoj sredini.



Slika 1.6 Shematski prikaz ekoloških uslova staništa mikroorganizama u karstno-pukotinskoj sredini (Preuzeto i modifikovano prema Goldscheider et al., 2006)

1.1.1.1 Mikroorganizmi u mineralnim vodama

Ekosisteme mineralnih voda odlikuje visok stepen fenotipske i genetske mikrobiološke raznolikosti, u okviru koje vrlo često nije moguće uspostaviti karakterizaciju mikroorganizama na nivou vrste (Leclerc & Moreau, 2002). Takođe, naročito važno jeste da prirodne mineralne vode nikada ne karakteriše odustvo zajednica bakterija (Defives et al., 1999). Do danas, prisustvo mikroorganizama zabeležno je u kiselim i alkalnim termalnim izvorima, gejzirima, fumarolama, solfatarama, podmorskim hidrotermalnim izvorima, vulkanskim oblastima, peloidima, itd. (Madigan et al., 2010; Mulec et al., 2015). Takođe, prisustvo mikroorganizama nije karakteristično samo za plitke, nego i za dublje delove izdani (Kaluđerović, 2011). Tako je sporogena, termofilna sufalt-redukujuća bakterija *Desulfotomaculum geothermicum* izolovana iz anoksičnih termalnih voda temperature od 58°C (*in situ*) sa dubine od 2.500 m (Szewzyk et al., 1994).

Kada je reč o termalnim staništima, ustanovljeno je da prokarioti imaju sposobnost razvoja na višim temperaturama u odnosu na eukariotske organizme, kao i nefototrofni organizmi u odnosu na fototrofne. Takođe je zaključeno da su u kategoriji termofilnih mikroorganizama najzastupljenije arheje, sa optimalnom temperaturom razvoja hipertermofilnih oblika iznad 100°C. Na temperaturama iznad 95°C, nije ustanovljen razvoj bakterija, a za sve termofilne organizme karakteristične su veoma brze stope rasta. Osim prirodnih termalnih staništa, termofilni prokarioti su pronađeni u kućnim ili industrijskim grejačima toplih voda na temperaturama od 60-80°C. Tako su mikroorganizmi približni vrsti *Thermus aquaticus*, koja je često prisutna u izvorištima termalnih voda, izolovani iz grejača tople vode. U mikrobiološkom diverzitetu termalnih staništa zastupljene su bakterije, arheje, alge (Madigan et al., 2010), odnosno heterotrofni i hemolitoautotrofni organizmi, te predstavnici fototrofnih, anaerobnih i aerobnih vrsta. Poznato je da anaerobne sumpor-redukujuće bakterije, koje pripadaju obligatnim i fakultativnim hemoorganotrofima i hemolitotrofima, anaerobnim i ekstremnim termofilima, opstaju na temperaturama od 85-105°C, dok optimalna temperatura razvoja termoacidofilnih „mikoplazmi“, predstavljenih rodovima *Thermoplasma*, iznosi 60°C. Optimalna vrednost pH na kojoj se razvijaju ovi organizmi

iznosi 1-2. Sumpor-oksidujuće bakterije, koje pripadaju fakultativnim hemolitoautotrofima, aerobima, termofilima i acidofilima (optimum pH 3) (Jemcev & Đukić, 2000), zabeležene su u izvorištima termalnih voda vulkanskih oblasti, solfatarama, hidrotermalnim izvorima morskog dna, kiselim rudničkim vodama, itd. (Ghosh & Dam, 2009). Tako, u izvorištima termalnih voda nacionalnog parka Jelouston rod sumpor-oksidujućih bakterija *Sulfolobus* se uspešno razvija na temperaturama od 70-75°C (Stan-Lotter, 2007), a kao stanište života veoma često bira kisele solfatore (Madigan et al., 2010). Takođe, u izvorištima termalnih voda temperaturnog opsega od 45-50°C, opstaju i cijanobakterije, čija optimalna vrednost pH iznosi od 7,5 do 10 (Jemcev & Đukić, 2000). Pored mogućnosti da obavljaju oksigenu fotosintezu, određenu predstavnici cijanobakterija imaju sposobnost obavljanja anoksične fotosinteze koristeći sulfide kao donore elektrona. Takođe, u mraku i u anoksičnim uslovima, cijanobakterije imaju sposobnost obavljanja fermentacije (Babić, 2018). Ubrzanim razvojem u vodenim ekosistemima, cijanobakterije uzrokuju pojavu „cvetanja voda“, usled čega dolazi do do narušavanja stabilnosti vodenih staništa, izumiranja živog sveta, produkcije cijanotoksina, itd. (Tokodi, 2016). Na Slici 1.7 prikazano je „cvetanje“ mineralnih voda Belotića.



Slika 1.7 „Cvetanje“ mineralnih voda u okviru zona isticanja bunara „BBe-1“ u Belotiću*

*Mineralizacija mineralnih voda Belotića iznosi 850 mg/L, temperatura 35°C, odnosno pH vrednost 7,15. Mineralne vode se kaptiraju bunarom „BBe-1“ dubine od 375 m (Martinović, 2008).

Cijanobakterije mogu imati ulogu u proizvodnji različitih bioloških aktivnih supstanci izuzetnog genetskog potencijala i velike adaptabilnosti, kao rezultat njihove ekološke i fiziološke raznovrsnosti. Tako, mogu nastati biomodulatori (imunostimulatori, antiinflamatorne supstance, itd.), visoko vredni metaboliti (antiviralne, antibakterijske i antifungalne supstance, antitumorni metaboliti) i sl. S druge strane, produkcijom cijanotoksina koji mogu delovati letalno, mogu uzrokovati bolest (Tokodi, 2016).

U izvorištima termalnih voda, zabeleženi su i predstavnici arheja *Pyrodictium occulatum* i *P. brockii*, kojese uspešno razvijaju na temperaturama od 105°C, pri čemu podnose i temperature od 110°C (Jemcev & Đukić, 2000). Većina vrsta arheja su ekstremofili. Tako, na primer, arheje *Pyrolobus* se razvijaju na temperaturi od 113°C, dok metanogeni oblici *Methanopyruscan* rastu na temperaturama od 122°C (Madigan et al., 2010). Vrsta *Acidianus infernus* opstaje na temperaturi od 90-96°C (Stanković, 2016). Neke vrste arheja koriste organska jedinjenja za obavljanje metaboličkih aktivnosti, dok većina arheja pripada hemolitotrofnim organizmima i hipertermofilnog su karaktera. Kao neorgansku supstancu u velikoj meri koriste vodonik (H₂). Za životno stanište veoma često biraju izvorišta termalnih voda, hidrotermalne izvore morskog dna, solfatore, alkalne ili izuzetno kisele sredine, slatkovodna staništa, slana jezera, itd. (Madigan et al., 2010), odnosno odlikuju se životnom sposobnošću da opstaju u sredinama sa temperaturama iznad 100°C, ekstremnim

vrednostima pH i izuzetno visokim sadržajem NaCl (Jemcev & Đukić, 2000). Neki primeri staništa arheja prikazani su na Slici 1.8.

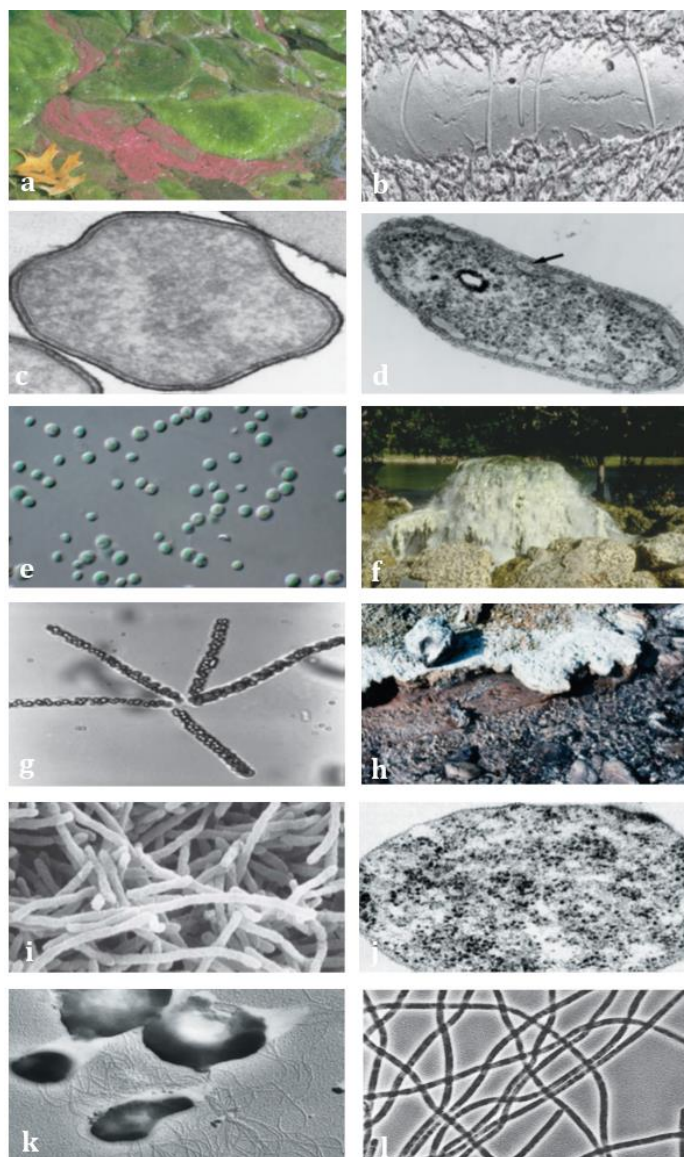


Slika 1.8 Primeri staništa hipertermofilnih arheja (nacionalni park Jelouston, Vajoming, SAD) (Preuzeto od: Madigan et al., 2010)

a – Solfatar; b – Sumporoviti termalni izvor koji karakteriše bogatstvo zajednice arheja *Sulfolobus*, pri čemu je kiselost sumpornih izvora i solfatar rezultat oksidacije H_2S i S^0 do H_2SO_4 od strane arheja *Sulfolobus* i drugih prokariota; c – Izvor termalnih voda sa neutralnom pH vrednošću koji mogu nastanjivati mnogobrojne vrste hipertermofilnih arheja; d – Kiseli izvor bogat sadržajem gvožđa, koji je, takođe, stanište arheja *Sulfolobus*, pri čemu kisela reakcija sredine nastaje kao rezultat oksidacije Fe^{2+} do Fe^{3+} .

Takođe, za arheje je karakteristično odustvo parazitskih i patogenih vrsta, te odsustvo egzoenzima i složenih metaboličkih procesa. Koriste samo niskomolekularne organske supstance (Jemcev & Đukić, 2000). U termalnim staništima zabeležni su i predstavnici rodova *Aquifex* i *Thermotoga* koji se razvijaju u termalnim izvorima blizu tačke ključanja, kao i štapičasti oblici roda *Thermoanaerobacter*, nitaste bakterije roda *Isosphaera*, te predstavnici roda *Rhodothermus* čiji temperaturni optimum iznosi 60°C . Posebno je značajan rod *Rhodothermus*, budući da generiše termostabilne hidrolatne enzime u vidu celulaze (koja razgrađuje celulozu), amilaze (koja razgrađuje škrob), ksilinaze (koja razgrađuje hemiceluluoze u biljnim ćelijskim zidovima), itd. Takođe, zabeleženo je prisustvo roda *Nitrospira* koji učestvuje u oksidaciji nitrita. Rodovi *Thermoproteus* i *Thermofilum* kao stanište života biraju blago kisele i neutralne izvore. U sumporovitim izvorima zabeležene su purpurne sumporne bakterije (na primer, vrsta *Lamprocystis roseopersicina*), kao i rodovi *Beggiatoa*, *Thiothrix*, *Pyrobaculum*, itd. U sulfidnim termalnim izvorima vrsta *Chlorobaculum tepidumformira* formira guste biofilme, dok vrste roda *Pyrobaculum* redukuju S^0 do H_2S , čiji temperaturni optimum iznosi oko 100°C (Madigan et al., 2010). Sojevi roda *Bacillus* pronađeni su u hidrotermalnim izvorima, kao i plitkim oligotrofnim vodonosnim horizontima (Dimkić, 2015). Termofilni mikroorganizmi koriste se za dobijanje enzima, vitamina, mlečne kiseline, te drugih supstanci od značaja za medicinu i poljoprivredu, uz njihovu neposrednu ulogu u samozagrevanju komposta, stajnjaka, sena, zrna, itd. (Jemcev & Đukić, 2000). Ujedno, ove organizme karakteriše i energičnije i brže obavljanje metaboličkih procesa (Tadić & Kekanović, 2011). Takođe, enzimi termofilnih i hipertermofilnih mikroorganizama mogu da

imaju široku primenu u industrijskoj mikrobiologiji (Madigan et al., 2010), dok određeni predstavnici ispoljavaju pozitivne efekte na ekstrakciju nafte (Pedersen, 2000). Na Slici 1.9 prikazani su neki od identifikovanih mikroorganizama mineralnih voda i primeri staništa ovih organizama.



Slika 1.9 Primeri staništa mikroorganizama mineralnih voda i neki od identifikovanih mikroorganizama (Preuzeto i modifikovano prema Madigan et al., 2010)

a – Purpurna sumporna bakterija *Lamprocystis roseopersicina* koja raste u sulfidnim izvorima. Zelena boja na slici potiče iz ćelija eukariotske alge *Spirogira*; b – Hipertermofilni organizam *Aquifex*, koji se razvija u termalnim izvorima temperature do 95°C i koristi vodonik kao izvor energije; c – Hipertermofilni organizam *Pyrolobus* koji se razvija na temperaturama iznad 100°C; d – Termofilna zelena sumporovita bakterija *Chlorobaculum tepidum*.

Strelica ukazuje na „hlorozome“ na periferiji bakterijske ćelije; e – Crvena alga *Galdieria* koja se razvija u termalnim izvorima na niskim vrednostima pH, a zelena boja ćelija je posledica niskih koncentracija crvenog pigmenta fikoeritrina; f – Arteski sulfidni izvor u Floridi (SAD), čije zone isticanja su prekrivene biofilmovima vrsta roda *Thiotrix*; g – Fazno-kontrastna mikrografija ćelija *Thiotrix* izolovanih iz sulfidnog arteskog izvora, sa prečnicima pojedinačnih filamenata oko 4 μm i sumpornim „kuglama“ nastalim oksidacijom sulfida; h – Filamentozne ćelije *Thermocrinis ruber* koje se razvijaju u izvoru termalnih voda temperature od 85°C u nacionalnom parku Jelouston (izvor Octopus). Ružičasta boja je posledica sadržaja karotenoidnog pigmenta u ćelijama *T. ruber*; i – Skenirajuća elektronska mikrografija *T. ruber*; j – *Thermoplasma acidophilum*; k – *Thermoplasma volcanium* izolavana iz termalnih izvora; l – Zelena nesumporna bakterija *Chloroflexus*.

U izvorištima termalnih voda nacionalnog parka Jelouston opisano je više od 50 vrsta hipertermofilnih mikroorganizama, koji su uglavnom pripadali arhejama, cijanobakterijama i anaerobnim fotosintetičkim organizmima (Stan-Lotter, 2007). Takođe, u kiselim termalnim izvorima na temperaturama od 30-60°C i vrednostima pH od 0,5 do 4, zabeleženi su i predstavnici algološkog diverziteta, kao što je crvena alga *Galdieria*, kao i rodovi *Cyanidium* i *Cyanidioschyzon*, pri čemu u takvim uslovima sredine nijedan drugi fototrof, kao i anoksigeni fototrof, ne bi mogao opstati (Madigan et al., 2010). Osim prethodno navedenih grupa mikroorganizama, u mineralnim vodama zabeleženi su i predstavnici patogenih oblika, kao što je *P. aeruginosa* (Legnani et al., 1999; Kovačić et al., 2018), bez obzira što ova vrsta nije tipičan predstavnik mikroflora mineralnih voda (Food Safety Authority of Ireland, 2009). Takođe, i drugi autori ukazuju na prisustvo *Pseudomonas* vrsta u mineralnim vodama (Ivanova et al., 2016), odnosno sadržaj patogenih mikroorganizama moguć je i u flaširanim mineralnim vodama (Ramalho et al., 2001). U Portugalu je 1974. godine nastupila epidemija kolere kao rezultat konzumiranja flaširanih mineralnih voda i njihovog korišćenja u balneoterapijske svrhe usled sadržaja bakterija *Vibrio cholerae* u mineralnom izvoru. Tom prilikom je bilo potvrđeno 2.467 zaraženih osoba, od kojih je 48 bilo sa smrtnim ishodom (Food Safety Authority of Ireland, 2009). Takođe, česti su slučajevi infekcije vrstama roda *Aeromonas*, što, između ostalog, može biti i rezultat korišćenja mineralnih voda (Cabral, 2010). Karakterističan porast bakterijske flore u prirodnim mineralnim vodama se procenjuje u kolonizaciji od $10^4 - 10^5$ CFU/mL u roku od 3-7 dana nakon skladištenja, da bi tokom narednih nedelja skladištenja broj bakterija se postepeno smanjio ili ostao prilično konstantan. Nakon dve godine skladištenja, broj kolonija bi i dalje bio oko 10^3 CFU/mL (Leclerc & Moreau, 2002). Prisustvo heterotrofnih bakterija zabeleženo je između 20-100 CFU/mL u 1,2% gaziranih i 1,6% negaziranih mineralnih voda, od ukupno ispitana 492 uzorka negaziranih i gaziranih mineralnih voda (Mohammadi Kouchesfahani et al., 2015). Heterotrofne bakterije obuhvataju različite vrste, poput Gram-negativnih: *Aeromonas*, *Citrobacter*, *Proteus*, *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Flavobacterium*, *Pseudomonas*, *Moraxella*, *Alcaligenese* i *Acinetobacter*, i Gram-pozitivnih oblika: *Micrococcus* i *Bacillus* (Amanidaz et al., 2015). Bakterije *E. coli*, *Pseudomonas* spp. i *Salmonella* spp. su u stanju da opstaju i reprodukuju se u flaširanoj vodi, pri čemu patogeni mikroorganizmi mogu izazvati epidemije kod potrošača (Mohammadi Kouchesfahani et al., 2015). Glavni izvori kontakta ljudi sa bakterijama *P. aeruginosa* su spa bazeni, tople vode, kade, itd., pri čemu se ove bakterije mogu razmnožavati i u vodama koje ne karakteriše visok sadržaj organskih supstanci (Vukić Lušić et al., 2017). Zabeleženi su podaci o gljivičnim i bakterijskim kontaminantima u 65 ispitivanih uzoraka mineralnih voda (20 brendova) od ukupno pregledana 292 uzorka (90 brendova) (Ivanova et al., 2016). Najčešće izolovane gljive iz uzoraka 126 gaziranih mineralnih voda bile su predstavljene rodovima *Penicillium*, *Cladosporium*, *Rhizopus*, *Aspergillus* i *Phoma*, te vrstama *P. citrinum*, *P. glabrum*, *C. cladosporioides*, *Alternaria alternata*, itd. (Cabral & Fernández, 2002), pri čemu su primeri nekih od identifikovanih izolata prikazani u Tabeli 1.6.

Tabela 1.6 Identifikovani izolati gljiva iz flaširanih voda (Preuzeto i modifikovano prema Juvonen et al., 2011)

Gljive-plesni	Tip flaširane vode	Gljive-plesni	Tip flaširane vode
<i>Aureobasidium</i>	Mineralna	<i>Moniliella</i>	Mineralna
<i>Acremonium</i>		<i>Paecilomyces</i>	
<i>Alternaria</i>		<i>P. fulvus</i>	Gazirana
<i>A. alternate</i>	Negazirana mineralna	<i>Penicillium</i>	Negazirana mineralna
<i>Cladosporium.</i>	Mineralna	<i>P. citrinum</i>	
<i>C. cladosporioides</i>	Negazirana mineralna	<i>P. glabrum</i>	Gazirana

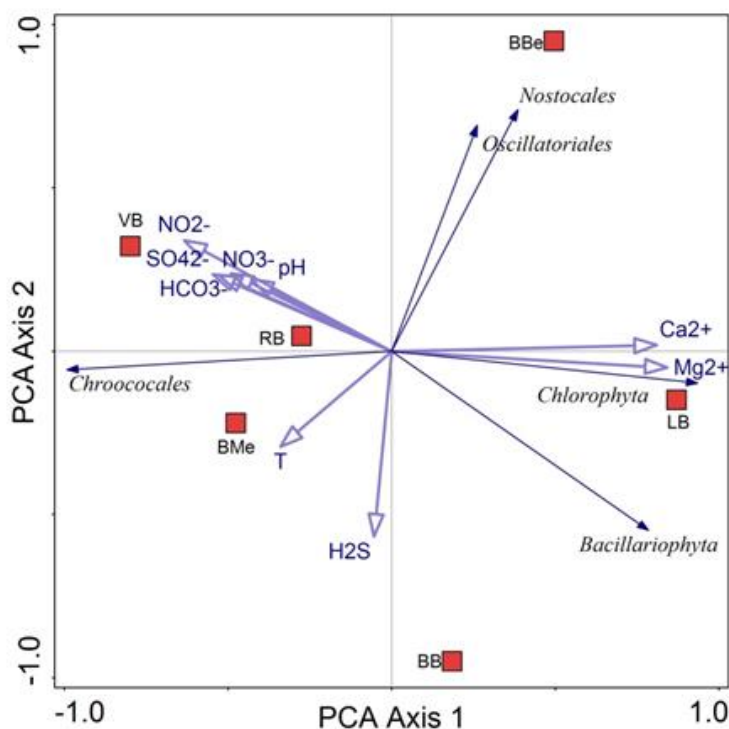
Prisustvo mikroorganizama dokazano je i u peloidima. Na lokalitetu Varaždinskih Toplica u lekovitom blatu fango sa neutralnom vrednošću pH, visokom koncentracijom organskog ugljenika, povišenim sadržajem teških metala, dominantni su bili mikroorganizmi *Thiobacillus*, *Sulfuricurvum*, *Polaromonas* i *Bdellovibrio*, sa biomasom većom od 10^8 ćelija po gramu suve težine (Mulec et al., 2015). Kada je reč o teritoriji Srbije, poznati su podaci o algološkom diverzitetu odabranih pojava termomineralnih voda. Ispitano je 14 odabranih pojava termomineralnih voda sa 11 istraživanih lokaliteta, pri čemu su na nekim od istraživanih lokaliteta bile identifikovane alge iz razdela Cyanophyta i Bacillariophyta (Brestovačka Banja), zatim alge iz razdela Cyanophyta, Bacillariophyta i Chlorophyta (Jošanička Banja, Ribarska Banja), itd. (Cvijan, 1987). U Tabeli 1.7 navode se identifikovani predstavnici mikroorganizama na nekim od istraživanih pojava termomineralnih voda Srbije.

Tabela 1.7 Neki od identifikovanih predstavnika algološkog diverziteta u odabranim pojavama termomineralnih voda Srbije (Preuzeto i modifikovano prema Filipović & Dimitrijević, 1991)

Termomineralne vode Ribarske Banje				
Vrste	R ₁	R ₂	R ₃	R ₄
<i>Phormidium ambiguum</i> Gomont	1	1		
<i>Homoeothrix juliana</i> (Menegh.) Kirch.	1			
<i>Chroococcus minutus</i> (Kütz.) Nag.	2		2	
<i>Chroococcus cohaerens</i> (Bréb.) Nag.		3		1
<i>Lyngbia limnetica</i> Lemm.		1		
<i>Epithemia zebra</i> (Ehr.) Kütz.	1			
<i>Cymbella aspera</i> (Ehr.) Cleve	1			
<i>Cymbella affinis</i> Kütz.				1
<i>Synedra ulna</i> (Nitzsch) Ehr.		1		
<i>Pinnularia microstauron</i> (Ehr.) Cleve				1
<i>Cosmarium laeve</i> Rabenh.	2			
<i>Pleurococcus vulgaris</i> Nägeli			5	
Termomineralne vode Brestovačke Banje				
Vrste	B ₁	B ₂	B ₃	B ₅
<i>Chroococcus minor</i> (Kütz.) Näg.	3			
<i>Surirella ovalis</i> Bréb.	1	1		
<i>Surirella ovate</i> Kütz.				1
<i>Hantzschia amphioxys</i> (Ehr.) Cleve	1	1		1
<i>Synedra ulna</i> (Nitzsch) Ehr.	1	1	1	1
<i>Pinnularia microstauron</i> (Ehr.) Cleve	1			
<i>Navicula cryptocephala</i> Kütz.	+		1	
<i>Cocconeis placentula</i> Ehr.		1		
<i>Pinnularia viridis</i> (Nitzsch) Ehr.		1		
<i>Nitzschia</i> sp. Hassal	1			
<i>Pinnularia</i> sp. Ehrenberg	1			

R₁, R₂, R₃, R₄ – Ispitivana staništa u Ribarskoj Banji; B₁, B₂, B₃, B₅ – Ispitivana staništa u Brestovačkoj Banji.

Na Slici 1.10 prikazan je PCA ordinacioni dijagram koji prikazuje zavisnost između identifikovanih mikroorganizama mineralnih voda Srbije i fizičko-hemijskog sastava odabranih pojava.



Slika 1.10 PCA ordinacioni dijagram zavisnosti između identifikovanih cijanobakterija (Chroococcales, Oscillatoriales, Nostocales), algi (Chlorophyta and Bacillariophyta) i fizičko-hemijskog sastava istraživanih pojava mineralnih voda Srbije (Preuzeto od: Šaraba et al., 2017a)*

*Crveni kvadrati na dijagramu sugerišu na istraživane pojave mineralnih voda Srbije (BB – Bogatić, BBe – Belotić, BMe – Metković, RB – Radaljska Banja, VB – Vranjska Banja, LB – Lukovska Banja) u okviru kojih je dokazano prisustvo mikroorganizama. Ustanovljena je pozitivna korelacija između reda Chroococcales koji je bio dominantan u uzorcima biofilmova Vranjske Banje i povećanja temperature, što je ukazivalo da se ovi mikroorganizmi uspešno razvijaju na povišenim temperaturama. Takođe, ustanovljena je zavisnost između Chroococcales sa azotnim jedinjenjima, pH vrednošću, te drugim parametrima koji su bili u negativnoj korelaciji sa prvom PCA osom. Zaključeno je da predstavnici reda Nostocales ne pokazuju zavisnost sa fizičko-hemijskim parametrima koji su bili predmet analize, podrazumevajući i azotna jedinjenja, sa izuzetkom negativne korelacije ovih organizama i H₂S. U negativnoj korelaciji sa vrednostima temperature bili su predstavnici razreda Bacillariophyta i Chlorophyta.

1.1.1.2 Uloga i značaj poznavanja mikroorganizama u inženjerstvu podzemnih (mineralnih) voda

Sa hidrogeološkog aspekta, prisustvo i uloga mikroorganizama, pre svega, istražuje se iz praktičnih i ekonomskih razloga, budući da mikroorganizmi, između ostalog, utiču na radni vek vodozahvatnih objekata – indukuju razvoj procesa korozije, biozarastanja i biohemijske inkrustacije (Cullimore, 1999; DBI, 2004; Pušić, 2011). Takođe, mikroorganizmi ispoljavaju uticaj na kvalitativna svojstva podzemnih (mineralnih) voda, čime utiču na ekološki status vodnih resursa (Cullimore, 1999; Leclerc & Moreau, 2002; Madigan et al., 2010; Krauss et al., 2011). U procesu korozije, mikroorganizmi iniciraju, ubrzavaju ili doprinose razvoju istoimenog procesa, u okviru koga mogu učestvovati prokariotski i eukariotski organizmi (Gunsch & Danko, 2013). S druge strane, novije studije su pokazale da mikroorganizmi udruženi u zajednice biofilmova su u stanju da suzbiju proces korozije, budući da koriste hemijske elemente, na primer, kiseonik, koji je neophodan da se reakcija korozije nastavi (Ikuma et al., 2013). Međutim, intenzivniji razvoj korozije metalnih materijala započinje

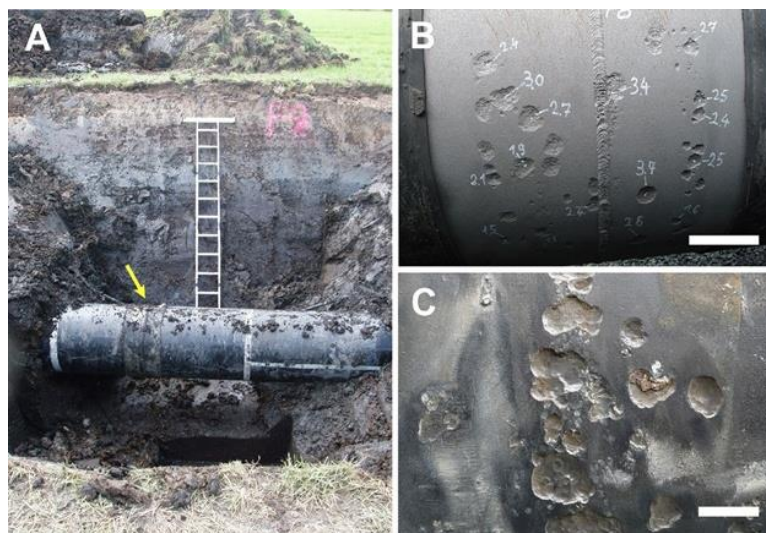
prisustvom bakterija sposobnih da u odgovarajućim uslovima indukuju biozarastanje (Tasić et al., 2016). Na Slici 1.11 prikazan je razvoj sluzi (biofilmova) u mineralnim vodama.



Slika 1.11 Razvoj sluzi (biofilmova) u zonama isticanja mineralnih voda Lukovske Banje (a) i Metkovića (bunar „BMe-1“) (b)

a – Temperaturni dijapazon mineralnih voda Lukovske banje iznosi 24-61°C, mineralizacija je 1,56 g/L, dok vrednost pH iznosi 6,8 (Filipović, 2003); b – Temperatura mineralnih voda Metkovića iznosi 59,8°C, mineralizacija je 1,1 g/L, dok je vrednost pH 6,95 (Martinović, 2008).

Prema Maluckov (2013), razvoj procesa biokorozije i biozarastanja uzrokuje ozbiljne finansijske gubitke, na šta ukazuje i Smith (2005) koji naglašava da procesi biozarastanja predstavljaju prvi ili drugi najskuplji faktor pogoršanja karakteristika sistema podzemnih voda u Severnoj Americi. S druge strane, Jemcev & Đukić (2000) ukazuju da je veliki procenat korozivnih procesa podzemnih instalacija rezultat biohemijske aktivnosti mikroorganizama (sulfato-redukujućih bakterija). Na Slici 1.12 prikazan je razvoj procesa korozije distributivnog postrojenja gasovoda.



Slika 1.12 Spoljašnji razvoj procesa korozije gasovoda u močvarnom zemljištu Nemačke (Preuzeto od: Enning & Garrelfs, 2014)*

*A – Gasovod je izrađen od ugljeničnog čelika i nalazi se u zemljištu sa anoksičnim vodama (1,4 mM sulfata, 17 mM rastvoreni neorganski ugljenik). Razvoj spoljašnje korozije se razvija na mestima zavarivanja gasovoda (strelica); B – Mesta zavarivanja sa korozionim udubljenjima. Proizvodi od korozije (FeS/FeCO₃) su uklonjeni, dok brojevi označavaju dubinu korozivnih udubljenja u milimetrima. Skala – 20 cm; C – Koroziona udubljenja većih razmera sa drugog mesta istog cevovoda. Skala – 2 cm.

Takođe, proces inkrustacije može da bude rezultat mikrobioloških aktivnosti (Cullimore, 1999; Pušić, 2011; Obradović et al., 2012). Tako, talozi trovalentnog gvožđa predstavljaju naročit problem koji se formira u bunarima tokom eksploatacije (na pumpama, drenovima, potisnim cevovodima, u prifilterskoj zoni, itd.), pri čemu naslage inkrustacije povezane sa bakterijskom aktivnošću podrazumevaju taloge gvožđe-sulfida, manganove depozite, oker naslage i taloge sumpora. U okviru naslaga trovalentnog gvožđa, zajednički nazvanih oker naslagama, koje se mogu formirati na tehničkim elementima bunara, najčešće su zabeležene neutrofilne bakterije koje pripadaju rodovima *Siderocapsa*, *Gallionella*, *Sphaerotilus* i *Leptothrix*. Boja depozita okera i pridruženih sluzi je obično crvene, braon, žute i bež boje, dok su crne boje manganovi depoziti. U naslagama okera, često mogu biti prisutni hemijski elementi kao što su magnezijum, silicijum, sumpor i aluminijum, koji u kombinaciji sa organskom matricom mogu na različitim mestima da blokiraju dren (Obradović et al., 2012). Razvoj sluzi i mineralnih depozita na gornjim delovima konstrukcije bunara ugljikiselih mineralnih voda u Čibutkovici prikazan je na Slici 1.14.

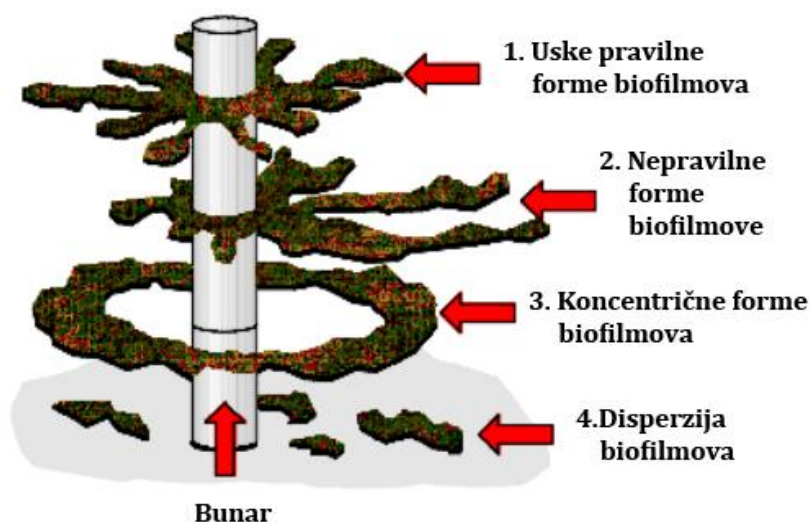


Slika 1.13 Starenje gornjih delova konstrukcije bunara u Čibutkovici

U procesu formiranja taloga, oksidovana nerastvorljiva gvožđevita ili manganova jedinjenja nastaju u samoj ćeliji mikroorganizama ili u EPS-u (eng. "Extracellular Polymeric Substances – EPS"), te na takav način formirani oksidi i hidroksidi čine vidljive narandžaste, crvene ili smeđe taloge do konglomeratnih izraslina (na primer, tanji slojevi) (Cullimore, 1999). Osim bakterija, u oksido-redukcionim reakcijama transformacije jedinjenja gvožđa mogu učestvovati i protozoe, alge i gljive (fakultativne ili obligatne) (Dimkić & Knežić, 2012). Formiranje mrkog taloga $\text{Fe}(\text{OH})_3$ u prisustvu bakterija *Crenothrix* i *Gallionella*, može se predstaviti u sledećem obliku (Knežić, 2012):



Talozi gvožđa u velikoj meri mogu da začepe cevi (Knežić, 2012), pri čemu ove bakterije mogu da oksiduju i dvovalentni mangan do četverovalentnog stanja, kao, na primer, aerobna gvožđevita mikroplazma *Metallogenium symbioticum* (Jemcev & Đukić, 2000). Takođe, gvožđevite bakterije mogu da doprinose biozarastanju bunara (Cullimore, 1999), kao što je prikazano na Slici 1.14.



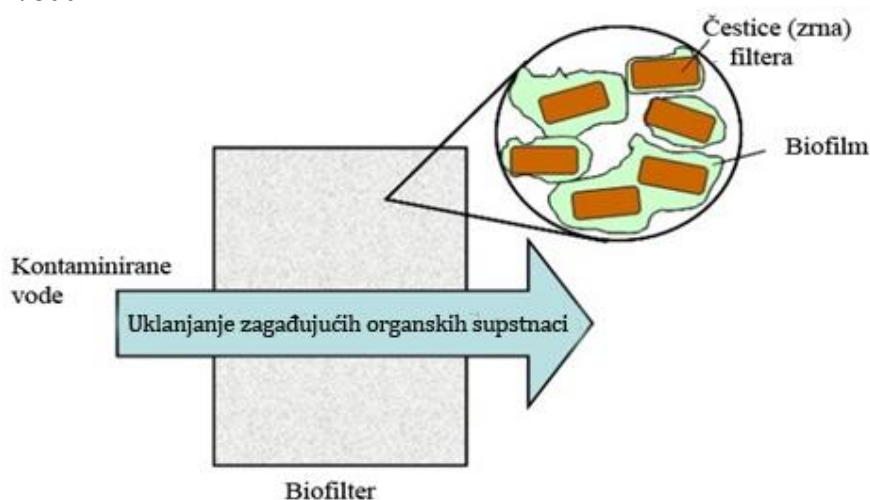
Slika 1.14 Biozarastanje bunara uzrokovano metaboličkim aktivnostima gvožđevitih bakterija (Preuzeto i modifikovano prema Cullimore, 1999)*

*1- Uske pravilne forme biofilmova se približno jednako šire u izdani u svim smerovima; 2 - Nepravilne forme biofilmova se teže šire u smeru filtracije voda; 3 - Koncentrične forme biofilmova se formiraju oko bunara u oksidnijim uslovima sredine; 4 - Do disperzije biofilmova dolazi u promenljivim oksido-redukcionim uslovima sa čestim prilivom kiseonika i voda bogatih sadržajem organskih supstanci.

Bilo koji vodzahvatni objekat izveden u prirodnom okruženju na izvestan način doprinosi promeni prirodnih karakteristika sredine, što se manifestuje razvojem bakterioloških događaja, odnosno povećanjem biomase. Navedeni procesi ispoljavaju efekte na rad bunara, i to kvantitativno (promena kapaciteta) i kvalitativno. U odnosu na sled razvoja događaja, zapažaju se sledeći simptomi: i) povećanje metaboličke aktivnosti bakterija, ii) opadanje kapaciteta bunara, iii) neadekvatan kvalitet vode, i iv) nemogućnost korišćenja bunara u distribuciji zahtevanih količina voda (Cullimore, 2008). Korozija gvožđa i drugih metala uzorkuje ozbiljne finansijske gubitke. U različitim granama industrije, procenjeni troškovi uzrokovani korozijom metala u razvijenim zemljama sveta iznose 2-3% bruto domaćeg proizvoda, te su u velikoj meri uzrokovani korozijom gvožđa, zbog njegove svakodnevne upotrebe i podložnosti oksidativnom oštećenju. Iako nije moguće pretpostaviti tačnu procenu materijalnih gubitaka usled korozije gvožđa izazvane dejstvom mikroorganizama, zasigurno je da ovaj vid korozije predstavlja značajan deo ukupnih troškova, a zbog izraženog uticaja u energetske industriji (nafta, gas, itd.) troškovi su u rasponu od nekoliko milijardi dolara (Enning & Garrelfs, 2014).

Osim uticaja na radni vek vodozahvatnih objekata, pojedine vrste mikroorganizama mogu biti uzročnici i sanitarno-higijenske neispravnosti podzemnih (mineralnih) voda (Cullimore, 1999; Madigan et al., 2010; Dragišić & Živanović, 2014). Intenzivniji razvoj heterotrofnih aerobnih bakterija uslovljen je povišenom koncentracijom rastvorenih organskih supstanci u vodi (Cullimore, 2008). U nekim slučajevima, u distributivnoj vodnoj mreži sa 0,6 mg/L zaostalog hlora, izolovano je više od 500 heterotrofnih bakterija po mL, što ukazuje da određeni predstavnici mogu opstati i u uslovima sa povišenim koncentracijama slobodnog hlora (Amanidaz et al., 2015). Takođe, ove bakterije podrazumevaju primarne i sekundarne patogene, kao i koliformne oblike (*Escherichia*, *Enterobacter*, *Serratia*, *Citrobacter*, *Klebsiella*) (Allen et al., 2004). Tako su na teritoriji Severne Amerike, kao posledica sadržaja *E. coli* u pijaćim vodama, bile registrovane dve epidemije gastroenteritisa. Tokom 1999. godine, u okolini Vašingtona, zagađena bunarska voda uzorkovala je zarazu preko 1.000 ljudi sa dva smrtna ishoda. I tokom 2000. godine (Ontario, Kanada), zabeležena je epidemija kada je bilo zaraženih 1.286 slučajeva, od kojih je 6 bilo sa smrtnim ishodom. Opšte prihvaćeno mišljenje

jeste da vode koje se koriste za piće (flaširanje) ne smeju biti rizične po zdravlje, odnosno ne smeju biti agresivne za materijal distributivne vodne mreže (Čirić & Petrović, 2017). S druge strane, mikroorganizmi podzemnih ekosistema mogu da ispoljavaju i pozitivne efekte. Koristeći metaboličku aktivnost autohtonih ili alohtonih zajednica mikroorganizama podzemnih staništa moguće je obaviti remedijaciju kontaminiranih voda (Ben Maamar et al., 2015). Poznato je da podzemni ekosistemi stvaraju uslove za biološku degradaciju zagađujućih supstanci, koje su registrovane na milionima lokaliteta podzemnih voda (Griebler & Avramov, 2015). Tako, usled životne aktivnosti heterotrofnih aerobnih bakterija dolazi do biodegradacije zagađujućih supstanci (DBI, 2004). Biofiltracija kao tretman pijaćih voda dobija sve veći značaj na globalnom planu u poslednjih nekoliko godina, kao potencijalni način smanjenja koncentracije nus-proizvoda nastalih tokom procesa dezinfekcije pijaćih voda, između sredstava za dezinfekciju, kao što je hlor, i prirodnih organskih supstanci, pri čemu dekompozicijom organskih supstanci iz vode nestaje neprijatan ukus i miris vode. U svakom slučaju, prednost korišćenja biofilma u vodovodnom i kanizacionom tretmanu jeste posledica „lepljivosti“ matrice biofilma. Matrica biofilma vezuje i pričvršćuje organske i neorganske kontaminante, kao što su patogene bakterije, teški metali i nanočestice. Rapidna fiziološka adaptacija biofilma daje veliku prednost celokupnom postupku. Bakterije se brzo oporavljaju od stresa izazvanog pojavom toksičnih metala u vodi, što za posledicu ima čistu vodu (Ikuma et al., 2013). Na Slici 1.15 prikazan je postupak tretmana biofiltracije kontaminiranih voda.



Slika 1.15 Biofiltracija kao tehnologija za preradu i prečišćavanje voda
(Preuzeto i modifikovano prema Ikuma et al., 2013)*

*Strelica pokazuje smer protoka vode. Biofilteri sadrže filter srednjih zrna (npr. pesak, granularni aktivni ugalj) koji je pokriven biofilmom. Bakterijske aktivnosti u biofilmu imaju za posledicu transformaciju hranljivih supstanci (na primer, jedinjenja azota i fosfora na sastavne delove), organskog ugljenika i drugih neželjenih nečistoća koje dospevaju u vodu. Voda izlazi iz biofiltera i obično prolazi postupak dezinfekcije pre ulaska u vodovodne cevi ili se vode ispuštaju u životnu sredinu kao efluentu.

U ekosistemu voda, mikroorganizmi utiču na generisanje autohtonih organskih supstanci, čime obavljaju funkciju primarnih reducenata, pri čemu njihova kvalitativna i kvantitativna zastupljenost predstavlja indikator raznolikih i jedinstvenih biohemijskih procesa koji se odvijaju u datom ekosistemu. Ujedno, njihova brojnost je i prvi pokazatelj eutrofikacije voda (Stanković, 1998). Mikroorganizmi mogu imati ulogu u procesu autopurifikacije (samoprečišćavanja) voda, usled čega sadržaj pojedinih supstanci se postepeno smanjuje ili potpuno iščezava u vodi, pri čemu su istoimeni procesi karakteristični i za podzemne vode (Čirić & Petrović, 2017). Proučavanjem mikroorganizama podzemnih staništa dobija se kompletnija slika o mikrobiološkom diverzitetu planete Zemlje, pogotovo o

metaboličkim sposobnostima živih organizama (Pedersen, 2000). Sa hidrogeološkog aspekta, važno je napomenuti da mikroorganizmi predstavljaju bioindikatore ekološkog statusa podzemnih voda, čime utiču na racionalno upravljenje i korišćenje ovog prirodnog resursa (Griebler & Avramov, 2015). Istraživanje mikrobiološkog diverziteta podzemnih (mineralnih) voda ostaje u domenu biohidrogeologije, koja „predstavlja naučnu disciplinu koja se bavi izučavanjem uticaja mikroorganizama na kvalitet i upotrebljivost podzemnih (mineralnih) voda sa različitih praktičnih aspekata, uticaja na hidrogeološku sredinu i one delove Zemljine kore koji su usko povezani sa njom, kao i na vodozahvatne objekte kao sastavne delove hidrogeološke sredine” (Šaraba et al., 2018a; Šaraba & Dimkić, 2019a).

1.1.1.3 Patogeni i koliformni mikroorganizmi u podzemnim (mineralnim) vodama

Patogeni mikroorganizmi mogu da budu sastavni deo mikroflore podzemnih voda (Krauss et al., 2011). Imaju sposobnost da uzrokuju bolest, zbog čega su česti uzročnici hidričnih epidemija. Njihova brojnost je mnogo manja od broja nepatogenih vrsta. U organizam se mogu uneti putem vazduha, hrane, vode, a prenosioci mogu biti i ljudi, insekti i druge životinje (Jemcević & Đukić, 2000). Predstavljani su bakterijama, virusima i protozoama (Krauss et al., 2011), čiji su predstavnici u podzemnim vodama prikazani u Tabeli 1.8.

Osim patogenih mikroorganizama, u mikroflori podzemnih voda mogu biti zastupljeni i koliformni mikroorganizmi (Knežić, 2012). Uglavnom, ovi organizmi nisu patogeni, ali postoje izuzeci. Svi predstavnici ukupnih koliforma pripadaju porodici Enterobacteriaceae i karakterišu se nizom zajedničkih karakteristika. Pripadaju Gram-negativnim, asporogenim, negativnim oksidaznim i fakultativno anaerobnim štapićastim oblicima sa sposobnošću fermentacije laktoze (korišćenjem enzima galaktozidaze) i produkcije kiseline i gasa (Krauss et al., 2011). Koliformni mikroorganizmi mogu biti fekalni i nefekalni (Ćirić & Petrović, 2017). Među fekalnim intestinalnim koliformima najpoznatiji predstavnik je *E. coli*, čije prisustvo ukazuje na fekalnu kontaminaciju podzemnih voda, a vreme preživljavanja u spoljašnjoj sredini iznosi od 4 do 12 nedelja (Krauss et al., 2011). Takođe, određeni sojevi *E. coli* nisu patogeni i deo su standardne crevne mikroflore ljudi. Definisano je sedam tipova *E. coli* koji uzorkuju gastroenteritis i imaju faktore virulencije, pri čemu se tri tipa prenose vodom: enteropatogena, enterotoksigena i verocitotoksigena *E. coli* (Ćirić & Petrović, 2017). Osim *E. coli*, i fekalne streptokoke, posebno enterokoke, su indikatori fekalne kontaminacije, s obzirom na to da ovi organizmi duže opstaju u spoljašnjoj sredini (Krauss et al., 2011).

Tabela 1.8 Patogeni mikroorganizmi u podzemnim vodama (Preuzeto i modifikovano prema Krauss et al., 2011)

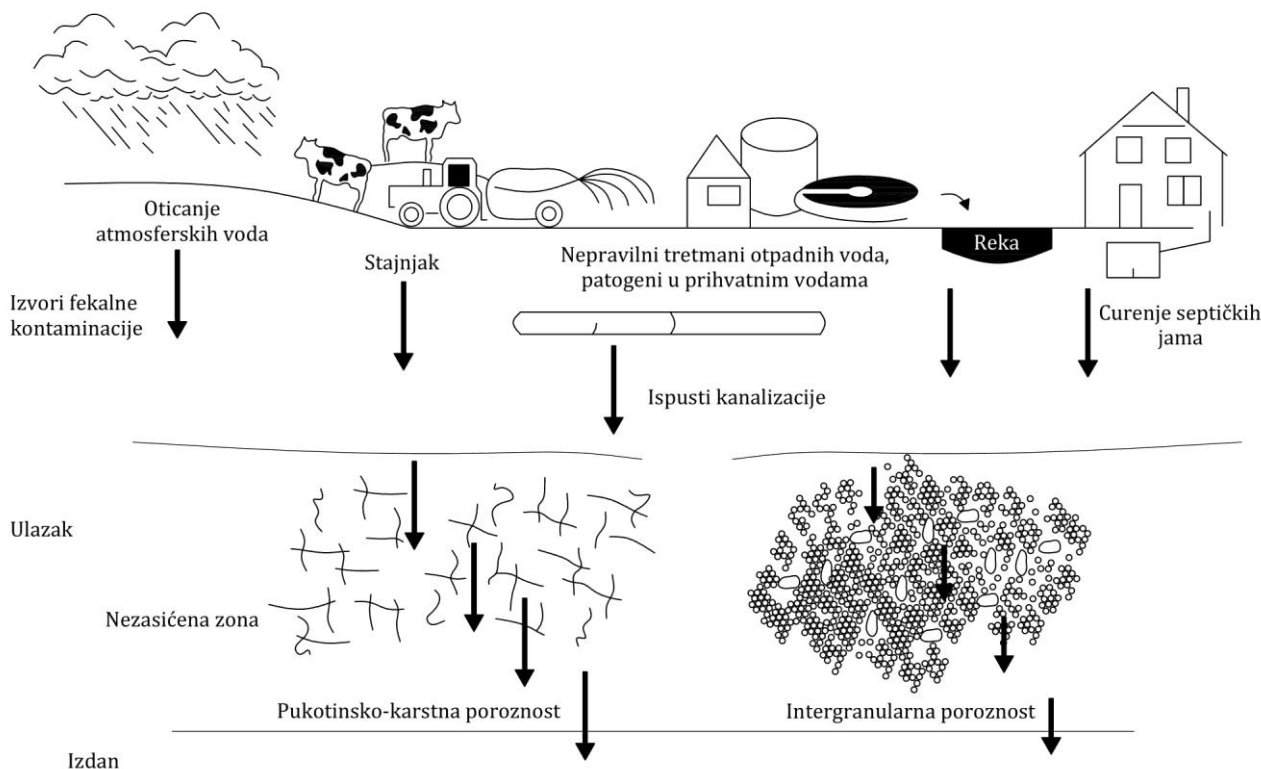
Mikroorganizmi	Vrsta	Oboljenje	Izvor
Virusi	Coxsackievirus	Groznica, faringitis, osip, respiratorne bolesti, dijareja, hemoragični konjuktivitis, miokarditis, perikarditis, aseptični meningitis, encefalitis, insulin zavisni dijabetes	Ljudski ekskrementi
	Coronavirus	Gastroenteritis	
	Sapovirus		
	Orthoreovirus	Gastroenteritis i oboljenja gornjih disajnih puteva	
	Enteroviruses 68-71	Bolesti slične polio oboljenjima, aseptični meningitis, bolest šaka, stopala i usta (E71), epidemijski konjuktivitis (E70)	
	<i>Poliovirus</i>	Poliomijelitis	
	Echovirus	Respiratorne bolesti, aseptični meningitis, groznica, osip	
	Adenovirus	Respiratorne bolesti, gastroenteritis	
	Norovirus	Gastroenteritis	
	Hepatitis A	Groznica, mučnina, žutica, insuficijencija jetre	
	Hepatitis E	Groznica, mučnina, žutica	
	Rotavirus A i C	Gastroenteritis	
	Calciavirus		
Astrovirus			
Bakterije	<i>E. coli</i>	Gastroenteritis, hemolitički uremički sindrom (enterotoksična <i>E. coli</i>)	Ljudski i životinjski ekskrementi
	<i>Salmonella</i> spp.	Enterokolitis, endokarditis, meningitis, perikarditis, reaktivni artritis, upala pluća	
	<i>Shigella</i> spp.	Gastroenteritis, dizenterija, reaktivni artritis	
Bakterije	<i>Campylobacter jejuni</i>	Gastroenteritis, Gijen-Bareov sindrom	Ljudski i životinjski ekskrementi
	<i>Yersinia</i> spp.	Dijareja, reaktivni artritis	
	<i>Legionellaspp.</i>	Pneumonija (legionarska bolest)	Tople vode
	<i>P. aeruginosa</i>	Pneumonija, infekcije mokraćnih kanala, bakterijemija	Zemljišta i vode
	<i>Mycobacterium</i> spp.	Plućne bolesti, bolesti kože i mekih tkiva	
	<i>V. cholera</i>	Kolera	Ljudski ekskrementi i slatkovodni zooplankton
Protozoe	<i>Cryptosporidium parvum</i>	Kriptosporidioza (gastroenteritis)	Voda, ljudski ekskrementi i ekskrementi drugih sisara
	<i>Entamoeba histolytica</i>	Dizenterija	Ljudski i životinjski Ekskrementi
	<i>Acanthamoeba</i> spp.	Encefalitis, keratitis	Ljudski ekskrementi
	<i>Naegleria fowleri</i>	Meningoencefalitis	Tople vode
	<i>Toxoplasma gondii</i>	(kongenitalna) Toksoplazmoza (encefalitis)	Ljudski i životinjski ekskrementi
	<i>Giardia lamblia</i>	Giardioza (hronični gastroenteritis)	Voda i životinjski ekskrementi

Osim indikacija fekalne kontaminacije, koliformni mikroorganizmi ukazuju i na potencijalni rizik od kolmiranja vodozahvatnih objekata (Dimkić & Pušić, 2012). U Tabeli 1.9 prikazani su mikroorganizmi kao najčešći indikatori fekalne kontaminacije podzemnih voda i njihove pojave zabeležene u različitim delovima sveta.

Tabela 1.9 Pojave mikroorganizma kao fekalnih indikatora podzemnih voda (Preuzeto i modifikovano prema Pedley et al., 2006)

Organizam	Pozitivni receptori (%)	Ispitivani lokalitet
Somatski kolifagi	50	SAD: 30 javnih bunara
<i>E. coli</i>	50	
Enterococci	70	
Koliformne bakterije	40	SAD, Monatana
<i>E. coli</i>	16-24	Kanada, provincija Ontario: individualni bunari
Fekalne streptokoke	12-24	
<i>E. coli</i>	60	Republika Moldavija, Balatina i Karpini
Fekalne streptokoke	50	
Termotolerantni koliformi i fekalne streptokoke	10-40	Finska: bunari u ruralnim područjima

Izvori fekalne kontaminacije podzemnih voda mogu biti raznoliki. Uglavnom, do fekalne kontaminacije dolazi usled curenja sanitarnih sistema, odnosno septičkih jama ili kanalizacija, te kao posledica đubriva i komposta životinja, ispuštanja otpdanih voda ili kanalizacionog mulja, itd. Takođe, i površinske vode u koje se ulivaju kanalizacione vode mogu biti izvor unošenja patogenih mikroorganizama u podzemne vode (Krauss et al., 2011). Na Slici 1.16 prikazani su mogući izvori fekalne kontaminacije podzemnih voda.



Slika 1.16 Shematski prikaz glavnih izvora fekalnih patogena i potencijalni načini njihovog dospevanja u podzemne ekosisteme (Preuzeto i modifikovano prema Krauss et al., 2011)

➤ Hidrične epidemije

Na osnovu podataka Svetske zdravstvene organizacije (eng. *World Health Organization* – *WHO*), letalitet od bolesti uzrokovanih higijenski neispravnim vodom iznosi više od 5 miliona ljudi godišnje. Od toga, više od 50% su mikrobne crevne infekcije, pri čemu se na prvom mestu ističe kolera. Problem sa higijenski neispravnim vodama je veoma čest slučaj i u razvijenim zemljama. Procenjuje se da u SAD-u svake godine 560.000 ljudi se zarazi higijenski neispravnim vodom, 7,1 miliona ljudi ima blage do umerene infekcije, dok 12.000 ljudi ima smrtni ishod (Cabral, 2010). U panevropskom regionu, usled korišćenja higijenski neispravnih voda, dolazi do 2,2 miliona smrtnih slučajeva godišnje, sa najvećim zabeleženim brojem među dečijom populacijom. Takođe, brojne epidemije uzrokovane hranom mogu biti posledica korišćenja kontaminiranih voda usled pripreme hrane, budući da niska koncentracija patogenih mikroorganizama u pijaćim vodama dostiže veoma brzo infektivnu dozu u uslovima mešanja sa hranom (Čirić & Petrović, 2017). U Tabeli 1.10 prikazane su epidemije hidričnih bolesti uzrokovane zaraženim podzemnim vodama u različitim delovima sveta.

Tabela 1.10 Hidrične epidemije izazvane podzemnim vodama (Preuzeto i modifikovano prema Krauss et al., 2011)

Bolest	Patogen
Gastroenteritis i hepatitis A, jun 1980, Teksas, SAD; ~8.000 (79%) inficiranih slučajeva	Enterovirus, Rotavirus, Coxsackievirus, Hepatitis A
Viralni gastroenteritis, mart 1981, Kolorado, SAD; 56 (44%) inficiranih slučajeva	Rotavirus
Krvava dijareja, dec 1989/jan1990, Misuri, SAD; 243 inficirana slučaja, 4 preminula	<i>E. coli</i> O157:H7
Viralni gastroenteritis, april 1994, Finska; do 3.000 (50%) inficiranih slučajeva	Norwalk Virus (Norovirus), Adenovirus, Rotavirus
Dijareja, Avgust 1995; Ajdaho, SAD; 82 (35%) inficirana slučaja	<i>Shigella sonnei</i>
Kriptosporidiza, proleće 1997, Velika Britanija; 345 inficiranih slučajeva	<i>Cryptosporidium</i>
Kriptosporidiza, 1998m Teksas, USA; 1.300 – 1.500 inficiranih slučajeva	<i>Cryptosporidium</i>
Gastroenteritis/Kampilobakterioza, maj 2000, Ontarijo, SAD; ~ 2.300 inficiranih slučajeva, 7 preminulih	<i>E. coli</i> O157:H7, <i>Campylobacter</i>
Gastroenteritis, Avgust 2000, Francuska; ~ 2.600 (37%) inficiranih slučajeva	<i>Campylobacter coli</i> , Rotavirus, Norovirus
Viralni gastroenteritis, leto 2004, Ohajo, SAD; ~ 1.450 inficiranih slučajeva	<i>Campylobacter</i> spp., Norovirus, <i>Giardia</i> spp. i <i>Salmonella typhimurium</i>

Najznačajnije gastrointestinalne infekcije kod ljudi, kao što su kolera, šigeloza i salmoneloza, prenose se kontaminiranim vodama, zbog čega mikrobiološka procena podzemnih voda može značajno doprineti utvrđivanju prisustva mikroorganizama kontaminanata, što bi uslovalo preduzimanje odgovarajućih preventivnih mera, kao što su različiti tretmani remedijacije vodnih resursa, čime bi se izbegle potencijalne zdravstvene opasnosti (Keesari et al., 2015). Takođe, mnoge države sa različitim stopama ekonomskog razvoja tokom poslednjih godina beleže brojne bolesti kao rezultat kontaminiranih podzemnih voda, usled sadržaja patogenih mikroorganizama enteričnog porekla (De Giglio et al., 2016), zbog čega mikrobiološke komponente predstavljaju ključne kvalitativne indikatore podzemnih vodnih resursa (Korbel et al., 2017). Takođe, kontaminacija vodnih resursa

mikroorganizmima otpornih na više lekova postaje zabrinjavajuća, budući da predstavlja izvor širenja antimikrobne rezistencije (Maran et al., 2016). Za sprečavanje hidričnih epidemija potrebno je omogućiti monitoring kvalitativnog statusa voda, što uslovljava smernice za procenu kvaliteta vode u različitim vrstama vodnih tela (Krauss et al., 2011). Tako su u Tabeli 1.11 prikazane preporuke maksimalno dozvoljenih koncentracija bakterija od strane međunarodnih organizacija za mikrobiološke parametre voda za piće.

Tabela 1.11 Pregled preporučenih i maksimalno dozvoljenih koncentracija bakterija od strane međunarodnih organizacija za mikrobiološke parametre u vodi za piće (Preuzeto od: Laketić, 2017)

Parametar	WHO (2011)	US EPA (2012)	European Union (1998)
<i>P. aeruginosa</i>	/	/	/
Termotolerantne koliformne bakterije	Odsutno	/	/
Ukupne koliformne bakterije	Odsutno	Odsutno	0 CFU/100 mL
<i>E. coli</i>	/	Odsutno	0 CFU/100 ml
Intestinalne (fekalne) streptokoke	/	/	0 CFU/100 mL
Sulfitorefukujuće klostridije (<i>Clostridium perfigens</i> , uključujući spore)	/	/	0 CFU/100 mL
Broj kolonija na (22±2)°C	/	500 CFU/100 mL	/
Broj kolonija na (36±2)°C	/		/
<i>Proteus</i> vrste	/	/	/

1.1.1.4 Uslovi opstanka mikroorganizama u podzemnim ekosistemima

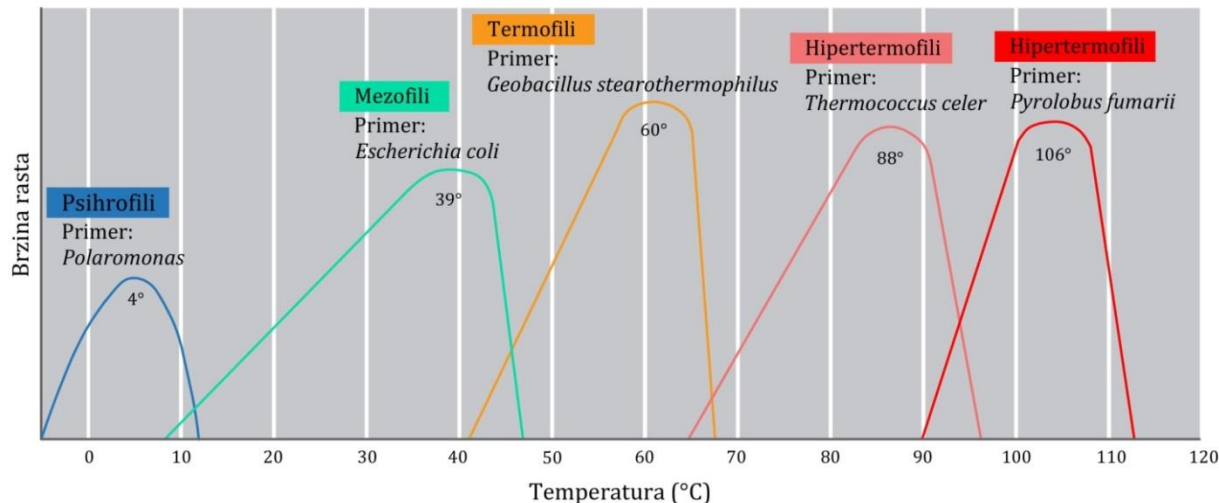
Kao i u životu svakog živog stvorenja, uslovi spoljašnje sredine utiču u velikoj meri i na razvoj mikroorganizama (Jemcev & Đukić, 2000). Njihov opstanak u izvorskim ekosistemima zavisi od sadržaja nutrijenata, količine rastvorenih gasova, padavina, brzine izbijanja vode, različitih zagađivača (kanalizacionih i drugih otpadnih voda) (Stanković, 1998), itd.

Autohtonim mikroorganizmima podzemne vode predstavljaju prirodno boravište, dok alohtoni mikroorganizmi u podzemne vode dospevaju iz drugih sredina, najčešće iz zemljišta i površinskih voda procesima nadzemne infiltracije. Neki od njih se mogu prilagoditi životu u izdani i postati sastavni deo autohtone biocenoze. Patogene vrste u podzemnim vodama su najčešće, ali ne i uvek, alohtoni oblici (Goldscheider et al., 2006). Na brojnost patogenih mikroorganizama u podzemnim vodama, između ostalog, utiče i vrednost temperature i pH, prisustvo predatorske mikroflore (Krauss et al., 2011), a značajan je i sadržaj kiseonika (John & Rose, 2005). Smatra se da temperatura predstavlja ključan faktor koji utiče na tok i odvijanje biohemijskih procesa (Griebler & Avramov, 2015), budući da mikroorganizmi ne poseduju mehanizme za održavanje temperature ćelije. Poznato je da na visokim temperaturama nukleinske kiseline, belančevine i drugi delovi bakterijske ćelije se mogu bespovratno inaktivisati, usled čega dolazi do smrti ćelije. S druge strane, pri niskim temperaturama dolazi do zaustavljanja bakterijskog rasta i remećenja procesa biosinteze (Jemcev & Đukić, 2000). Temperatura deluje na enzime mikroorganizama koji su katalizatori biohemijskih procesa u podzemnim vodama. Brzina enzima se udvostručuje prilikom povećanja temperature za svakih 10°C, sve do oko 35°C. Znatno manji broj enzima opstaje sve do 65-70°C, s obzirom na to da prilikom povećanja temperature nastupa razaranje enzima (Dimkić & Knežić, 2012). Zabeležen je pad brojnosti patogenih mikroorganizama u podzemnim staništima usled povećanja temperature. Međutim, porast temperature za neke fekalne bakterije može uticati i na stopu povećanja njihove brojnosti (Krauss et al., 2011). U izvorima mineralnih voda temperature iznad 65°C, prisutne su samo određene vrste bakterija i arheja. Gornje temperaturne granice rasta protozoa iznose 56°C, algi 55-60°C, gljiva

60-62°C, cijanobakterija 73°C, anoksigenih fototrofa 70-73°C, hemoorganotrofa i hemolitotrofa 95°C, odnosno arheja 122°C (Madigan et al., 2010).

Na osnovu temperaturnih granica opstanka, razlikuju se sledeće grupe mikroorganizama: psihofili, psihrotolerantni mikroorganizmi, mezofili, termofili i hipertermofili (Madigan et al., 2010). Optimalna temperatura razvoja psihofila je od 5-18°C ($T_{\min} = -5^{\circ}\text{C}$, $T_{\max} = 10 - 22^{\circ}\text{C}$). Karakteristični su za artička područja planete Zemlje, za veći sneg visoko planinskih oblasti, za podzemne vode, itd. (Jemcev & Đukić, 2000; Dragišić & Živanović, 2014). Obuhvataju bakterije i alge, pri čemu vrsta *Psychromonas* raste na temperaturi -12°C , najnižoj temperaturi za bilo koju poznatu bakteriju. Organizmi koji rastu na 0°C , ali imaju optimalnu temperaturu razvoja od $20-40^{\circ}\text{C}$, nazivaju se psihrotolerantni mikroorganizmi i rasprostranjeniji su u prirodi u odnosu na psihofile. Razvijaju se i na temperaturi od 0°C . Razne bakterije, eukariote i arheje su psihrotolerantni mikroorganizmi (Madigan et al., 2010). Mezofilni mikroorganizmi razvijaju se u granicama umerenih temperatura ($T_{\text{opt}} = 25 - 37^{\circ}\text{C}$, $T_{\min} = 10 - 25^{\circ}\text{C}$ i $T_{\max} = 35-45^{\circ}\text{C}$) (Jemcev & Đukić, 2000; Dragišić & Živanović, 2014). Bakterije *E. coli* su karakteristični predstavnici mezofila, čija temperaturni optimum iznosi 39°C , minimum 8°C , dok je temperaturni maksimum 48°C , sa rasponom temperature od 40°C na kojima je moguć razvoj ovih bakterija (Madigan et al., 2010). Termofilni mikroorganizmi razvijaju se na temperaturama iznad 45°C , dok organizmi koji rastu na temperaturi iznad 50°C nazivaju se hipertermofili (Madigan et al., 2010).

Za različite grupe mikroorganizama, karakteristične su i različite minimalne, optimalne i maksimalne temperature na kojima mogu da se razvijaju (Madigan et al., 2010). Vrednosti temperature iznad temperaturnog maksimuma mikroorganizama djeluju smrtonosno na njih, dok vrednosti temperature ispod temperaturnog minimuma nemaju uvek smrtonosno dejstvo na mikroorganizme (Tadić & Kekanović, 2011). Na Slici 1.17 prikazana je brzina rasta različitih mikroorganizama u zavisnosti od temperaturnih uslova sredine.



Slika 1.17 Temperatura rasta nekih mikroorganizama sa prikazom temperaturnog optimuma navedenih grupa na pojedinačnim graficima (Preuzeto i modifikovano prema Madigan et al., 2010)

Kao i temperatura, i pH vrednost sredine ispoljava uticaj na mikroorganizme, s obzirom na to da pri izuzetno visokoj ili niskoj vrednosti pH dolazi do razgradnje ćelijskih komponenti. Tako, u kiselj sredini razgrađuju se molekuli DNK i ATP, dok se u alkalnoj sredini razgrađuju ćelijske komponente u vidu fosfolipida i RNK (Jemcev & Đukić, 2000). Brojnost patogenih mikroorganizama je veća u alkalnim nego u kiselim staništima (Krauss et al., 2011). U zavisnosti od pH vrednosti sredine u kojoj se razvijaju, mikroorganizmi mogu biti

acidofili, neutrofilni i alkalofili (Jemcev & Đukić, 2000; Madigan et al., 2010). U okviru acidofilne grupe mikroorganizama moguće je razlikovati fakultativne acidofile, obligatne acidofile i acidootporne mikroorganizme, dok je u okviru grupe neutrofila moguće razlikovati alkalotolerantne i acidotolerantne mikroorganizme (Jemcev & Đukić, 2000). Acidofilni mikroorganizmi najbolje rastu na vrednostima pH nižim od 5,5. Za mnoge gljivice i bakterije karakterističan je intenzivan razvoj na vrednostima pH=5 ili čak niže, dok ograničen broj mikroorganizama se razvija ispod pH=3, kao što je rod *Acidothiobacillus*. Takođe, većina acidofila ne može rasti na vrednostima pH=7, dok je za većinu mikroorganizama karakterističan zastoj u razvoju usled povećanja pH vrednosti dve jedinice iznad njihovog optimuma. Tako, ćelije obligatnih acidofilnih bakterija se liziraju ukoliko je pH vrednost sredine neutralna, što ukazuje da je za stabilnost membrana ovih organizama neophodna visoka koncentracija vodonikovih jona. Neutrofilni mikroorganizmi najbolje rastu u tzv. cirkumneutralnom dijapazonu (pH=5,5–7,9), dok alkalofilni mikroorganizmi se razvijaju na vrednostima pH=8 i iznad. Pojedini ekstremofili mogu rasti na vrednostima pH=10 i više. Na primer, vrsta *Bacillus firmus* je alkalofil, ali može da se razvija u veoma širokom opsegu pH od 7,5 do 11. Takođe, neke izuzetno alkalofilne bakterije su halofili, a većina ih pripada domenu arheja. Određeni alkalofili poseduju industrijski značaj, budući da proizvode hidrolatne enzime poput proteaza i lipaza koji se dodaju kao primese deterdžentima za veš (Madigan et al., 2010).

Za razvoj i reprodukciju mikroorganizama neophodna je i odgovarajuća vrednost sadržaja hranljivih supstanci koje mikroorganizmi jedino usvajaju u njihovom rastvorenom stanju u vodi (Jemcev & Đukić, 2000). Zabeležena je veća brojnost patogenih bakterija u uslovima sa većim sadržajem organskog ugljenika (Krauss et al., 2011). U podzemnim vodama, veći sadržaj organskog ugljenika uglavnom je karakterističan za zone aktivne vodozamene. Međutim, i u uslovima aktivne vodozamene, sadržaj organskog ugljenika se postepeno smanjuje prilikom infiltracije površinskih voda kroz porozne slojeve, zbog čega su podzemne vode uglavnom siromašne njegovim sadržajem (Griebler & Avramov, 2015). Na Slici 1.18 prikazani su hemijski elementi neophodni mikroorganizmima u promenljivom sadržaju.

Grupa	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
1	H																	He
2	Li	Be											B	C	N	O	F	Ne
3	Na	Mg											Al	Si	P	S	Cl	Ar
4	K	Ca	Sc	Ti	V	Cr	Mn	Fe	Co	Ni	Cu	Zn	Ga	Ge	As	Se	Br	Kr
5	Rb	Sr	Y	Zr	Nb	Mo	Tc	Ru	Rh	Pd	Ag	Cd	In	Sn	Sb	Te	I	Xe
6	Cs	Ba	Lu	Hf	Ta	W	Re	Os	Ir	Pt	Au	Hg	Tl	Pb	Bi	Po	At	Rn

Slika 1.18 Mikrobiološki periodni sistem elemenata (Preuzeto od: Madigan et al., 2010)*

*Sa izuzetkom urana, koji može biti korišćen od strane pojedinih prokariota, hemijski elementi periode 7 nisu poznati da učestvuju u metabolizmu mikroorganizama; 1 – Esencijalni hemijski elementi za sve mikroorganizme; 2 – Esencijalni katjoni i anjoni za većinu mikroorganizama; 3 – Metali u tragovima, od kojih su neki esencijalni za pojedine mikroorganizme; 4 – Hemijski elementi koje mikroorganizmi koriste za obavljenje specijalnih funkcija; 5 – Hemijski elementi koji nisu esencijalni, ali učestvuju u metabolizmu mikroorganizama; 6 – Hemijski elementi koji nisu esencijalni i ne učestvuju u metaboličkim procesima mikroorganizama.

Usled velike količine rastvorenih supstanci u vodi može doći do zastoja rasta mikroorganizama, budući da mikroorganizmi ne mogu opstati u vodama čiji osmotski pritisak je veći od onog koji vlada u njihovoj ćeliji. U tim uslovima, dolazi do dehidriranja ćelije i sakupljanja protoplasti, u procesu poznatom pod nazivom plazmoliza. S druge strane, u vodama niskog osmotskog pritiska dolazi do ulaska vode u ćeliju i u tim uslovima ćelijski omotač može da se rasprsnje. Ovaj proces se naziva plazmoptiza (Jemcev & Đukić, 2000). Međutim, postoje mikroorganizmi koji se uspešno razvijaju u sredinama sa rastvorenim sadržajem soli, odnosno NaCl i drugih minerala. Nazivaju se halofilni mikroorganizmi (Madigan et al., 2010). U okviru kategorije halofilnih mikroorganizama, moguće je razlikovati slabe halofile, umerene halofile, halotolerantne mikroorganizme i ekstremne halofile (Mioković & Zdolec, 2004). Umereni halofili opstaju u sredinama sa sadržajem NaCl od 1-2% do 20%, dok optimalna vrednost sadržaja NaCl iznosi oko 10% (Jemcev & Đukić, 2000). Većina ekstremnih halofila razvija se u sredinama sa sadržajem NaCl od 32%, mada za neke vrste je karakterističan veoma spor razvoj usled većih koncentracija soli (Madigan et al., 2010). Halofilne arheje *Halobacterium salinarum* uspešno opstaju u sredinama sa sadržajem NaCl od 15-32%, pri čemu najbolje rastu sa sadržajem NaCl od 25% (Stan-Lotter, 2007). Takođe, ekstremni halofili su primarno obligatni aerobi i nemaju termofilni karakter. Optimalna koncentracija NaCl za razvoj halofila zavisi od tipa organizma i njegovog staništa, pri čemu sadržaj NaCl ne može zameniti KCl. Dakle, ovim organizmima je neophodan natrijum za uspešan razvoj. Mikroorganizmi iz hipersaliničnih staništa zahtevaju sadržaj NaCl od 3-12%, dok organizmi iz izuzetno hipersaliničnih staništa zahtevaju još veće koncentracije NaCl. Ekstremni halofili zahtevaju sadržaj NaCl od 15-30% (Madigan et al., 2010). Halofilne bakterije imaju sposobnost balansiranja osmotskog pritiska okruženja i pokazuju stabilnost u odnosu na denaturišuće efekte soli. Takođe, ova grupa bakterija ima sposobnost razgradnje različitih zagađivača. Tako, na primer, *Marinobacter hydrocarbonoclasticus* učestvuje u dekompoziciji različitih aromatičnih ugljovodnika, dok halotolerantna vrsta *Streptomyces* sp., izolovana iz naftnog polja u Rusiji, uspešno razgrađuje naftu (Tiquia et al., 2007). U Tabeli 1.12 prikazani su neki predstavnici halofilnih mikroorganizama.

Takođe, sezonski hidrološki uslovi mogu imati uticaja na mikrobiološki diverzitet podzemnih staništa, budući da uslovljavaju prelaz mikroorganizama iz jedne sredine u drugu (Griebler & Avramov, 2015). Na brojnost mikroorganizama utiče i sadržaj predatorske mikroflore, budući da fekalni mikroorganizmi mogu predstavljati izvor hrane amebama i drugim protozoama, dok određene bakterije u zemljištu mogu stvarati egzoenzime koje oštećuju strukturu fekalnih mikroorganizama (Krauss et al., 2011). Poznato je da bakterije mogu uticati na inaktivaciju virusa putem egzoenzima (proteaze, nukleaze) koje potom koriste kao supstrate rasta nakon lize. Na smanjenje brojnosti patogenih mikroorganizama u podzemnim vodama utiču i autohtone zajednice mikroorganizama. Na osnovu sprovedenih istraživanja, zaključeno je da iznad 20% bakterija od ukupno 217 sojeva izolovanih iz podzemnih voda inhibira razvoj *E. coli* K12. Takođe, bakterije *V. cholerae* pokazuju zastoj u razvoju usled prisustva mikroorganizama svojstvenih za stanište prirodne sredine u kojoj se nalaze (Griebler & Avramov, 2015).

Tabela 1.12 Neki predstavnici slabih halofila, umerenih halofila, halotolerantnih bakterija i ekstremnih halofila (Preuzeto i modifikovano prema Miokoviću & Zdolecu, 2004)

Rod	Vrsta	Odnos prema soli
Slabi halofili		
<i>Clostridium</i>	<i>C. botulinum</i> , <i>C. sporogenes</i> , <i>C. perfringenes</i>	0-5
<i>Bacillus</i>	<i>B. cereus</i>	0-2,8
Umereni halofili		
<i>Halobacterioides</i>	<i>H. halobius</i>	8,4 – 14% NaCl
<i>Aerococcus</i>	<i>A. viridians</i>	10% NaCl
<i>Enterococcus</i>	<i>E. casseliflavus</i> , <i>E. disper</i> , <i>E. durans</i> , <i>E. faecalis</i> , <i>E. faecium</i> , <i>E.gallinarum</i> , <i>E. hirae</i> , <i>E. malodoratus</i> , <i>E. mundtii</i> , <i>E.</i> <i>solitarius</i> , <i>E. avium</i>	6,5% NaCl
<i>Sporohalobacter</i>	<i>S. marismortui</i>	0,5 – 2 M NaCl
<i>Halobacillus</i>	<i>H. halophilus</i>	3 – 10% NaCl i 0,5% MgCl ₂
<i>Methanohalophilus</i>	<i>M. mahii</i> , <i>M. halophilus</i> , <i>M.portucalensis</i>	1 – 2,5 M NaCl
Halotolerantne bakterije		
<i>Micrococcus</i>	<i>M. luteus</i>	5 – 10 - 15% NaCl
<i>Streptococcus</i>	<i>S. termophilus</i>	4 – 10% NaCl
<i>Leuconostoc</i>	<i>L. mesenterioides subsp. mesenterioides</i> , <i>L. lactis</i>	3 – 6,5% NaCl
<i>Vibrio</i>	<i>V. alginolyticus</i> , <i>V. cincinnatiensis</i> , <i>V. mimicus</i> , <i>V.</i> <i>parahaemoliticus</i> , <i>V. fluvialis</i> , <i>V. cholerae</i> , <i>V. damsela</i> , <i>V.</i> <i>harveyi</i> , <i>V. furnissii</i> , <i>V. hollisae</i> , <i>V. vulnificus</i>	6 – 10% NaCl
<i>Sarcina</i>	<i>S. ventriculi</i> , <i>S. maxima</i>	0 – 10%
<i>Pseudomonas</i>	<i>P. aeruginosa</i>	1,0% NaCl
<i>Salmonella</i>	<i>S. typhimurium</i>	0 – 9% NaCl
<i>Marinococcus</i>	<i>M. halophilus</i>	0,5 – 20% NaCl
Ekstremni halofili		
<i>Staphylococcus</i>	<i>S. aureus</i> , <i>S. epidermidis</i> , <i>S. saprophyticus</i>	15% NaCl
<i>Halococcus</i>	<i>H. morrhuae</i>	15-20% NaCl
<i>Halobacterium</i>	<i>H. salinarum</i>	Minimalno 15% NaCl (25-30% NaCl)
<i>Haloferax</i>	<i>H. volcanii</i>	1,5 – 2,5 M NaCl
<i>Halomonas</i>	<i>H. elongate</i>	20% i više
<i>Haloarcula</i>	<i>H. vallismortis</i> , <i>H. argentinensis</i> , <i>H. japonica</i> , <i>H. hispanica</i> , <i>H. marismortui</i> , <i>H. mukohataei</i> , <i>H. quadrata</i> , <i>H. californiae</i> , <i>H. sinaiensis</i> , <i>H. aidinensis</i>	2 – 5 M NaCl
<i>Halobaculum</i>	<i>H. gomorrhense</i>	1,5 – 2,5 M NaCl
<i>Natronococcus</i>	<i>N. occultus</i>	1,4 – 5,2 M NaCl
<i>Natronomonas</i>	<i>N. pharaonis</i>	5 M NaCl

U odnosu na način života u podzemnim vodama, mikroorganizmi se dele na planktonske i bentosne organizme. Planktonski organizmi u podzemnim vodama se nalaze u slobodno lebdećem stanju ili su u interakciji sa suspendovanim česticama u vodi, dok su bentosni organizmi pričvršćeni za matriks izdani. U pogledu biomase i biohemijske aktivnosti u podzemnim oligotrofnim ekosistemima, dominantni su bentosni organizmi. Takođe, za većinu mikroorganizama nije karakterističan isključivo planktonski ili bentosni način života, budući da postoji ravnoteža između procesa vezivanja i odvajanja (Goldscheider et al., 2006). Više od 90% mikrobne biomase u izdanima je pričvršćeno za odgovarajuće geohemijske podloge (Karwautz, 2015). U biofilmovima, mikroorganizmi pokazuju visoki stepen funkcionalnosti života, lakše podnose efekte spoljašnje sredine (isušivanje, dejstvo biocida, teških metala), itd. (Prunić, 2017). Formiranje biofilma u uslovima sa ekstremnim vrednostima pH, temperature, pritiska, te sadržaja metala verovatno je ključna strategija opstanka mikroorganizama, pri čemu su biofilmovi sa gustom ćelija većom od 10⁸ ćelija po gramu uočeni unutar poroznih naslaga aktivnih dubokomorskih sumpornih taloga sa

temperaturama iznad 100°C (Ikuma et al., 2013). Na Slici 1.19 prikazan je fazni proces formiranja biofilma.



Slika 1.19 Fazni proces formiranja biofilma (Preuzeto i modifikovano prema Montana State University, Center for biofilm Engineering, 31. avgust 2020)*

*1 - Planktonske ćelije mikroorganizama u vremenskom intervalu od nekoliko minuta mogu da se pričvrste za potopljenu površinu. Potom, proizvode EPS i kolonizuju površinu; 2 - Produkcija EPS-a omogućava zajednici biofilma da formira složene, trodimenzionalne strukture podložne delovanjima različitih agenasa iz spoljašnje sredine. Zajednice biofilma mogu se razviti u vremenskom intervalu od nekoliko časova; 3 - Biofilmovi se mogu „razmnožavati“ odvajanjem manjih ili većih nakupina ćelija ili „raspršivanjem semena“, čime dolazi do oslobađanja ćelija. Tako je omogućeno bakterijama da se pričvrste na površinu ili biofilm nizvodno od izvorne zajednice.

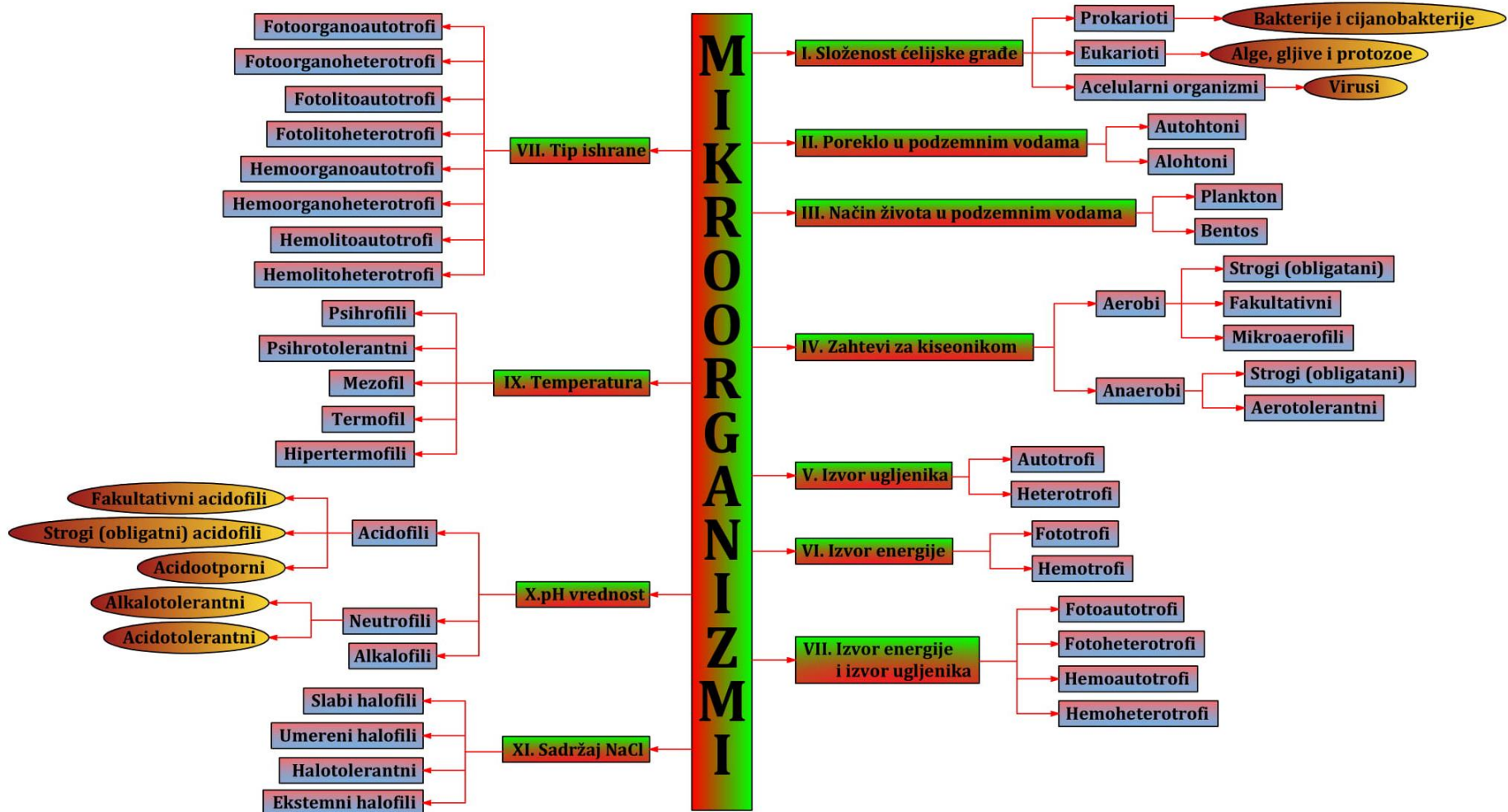
Pričvršćujući se za odgovarajuće mineralne podloge, mikroorganizmi doprinose ubrzanom rastvaranju minerala, oslobađajući potencijalno hranljive supstance. Takođe, zajednice biofilмова kontrolišu mnoge važne procese koji se odvijaju u podzemnim ekosistemima, uz činjenicu da biofilmovi predstavljaju važan preduslov za opstanak mikroorganizama, budući da omogućavaju najefikasnije korišćenje raspoloživih resursa, pružajući istovremeno posebno zaštitno okruženje (Karwautz, 2015). Sluz-produkujuće bakterije se razvijaju u sredinama različitih redoks potencijala i obuhvataju aerobne i fakultativno anaerobne bakterije (na primer, rodovi: *Zooglea*, *Pseudomonas*, *Micrococcus*, *Proteus*) (Majkić, 2013). U zajednicama biofilma, ove bakterije zauzimaju mali deo njegove zapremine (<0.1%), dok preostali deo biofilma čini EPS, hemijska jedinjenja akumulirana u biofilmu, kanali vode kroz matricu biofilma i sl. Ovu grupu bakterija odlikuje brz razvoj, te sposobnost opstanka u aerobnim i anaerobnim uslovima sredine, pri čemu se pojava značajnije biomase uglavnom vezuje za oksične uslove sredine (DBI, 2004). Takođe, desikacija utiče na opstanak patogenih mikroorganizama u podzemnim staništima. Međutim, ovaj faktor ne ispoljava uticaj na na sporogene oblike. U nezasićenoj poroznoj sredini ili isušanim zemljištima dolazi do značajnog pada brojnosti mikroorganizama (Krauss et al., 2011), budući da dostupnost vode predstavlja veoma bitan faktor koji utiče na opstanak mikroorganizama (Madigan et al., 2010). Na brojnost mikroorganizama utiče i sadržaj kiseonika (Jemcev & Đukić, 2000). Budući da je svim životinjama neophodan molekularni kiseonik (O₂), nameće se zaključak da je i svim organizmima neophodan O₂. Međutim, mnogi mikroorganizmi mogu da opstanu u sredinama sa odsustvom O₂, pri čemu kod određenih predstavnika dolazi do smrti usled njegovog sadržaja (Madigan et al., 2010).

U odnosu na zahteve za kiseonikom, mikroorganizmi mogu biti aerobi i anaerobi. U okviru aeroba, moguće je razlikovati stroge (obligatne) aerobe, fakultativne aerobe i mikroaerofile, dok je u okviru anaeroba moguće izdvojiti stroge (obligatne) anaerobe i aerotolerantne anaerobe. Aerobni mikroorganizmi za obavljanje životnih aktivnosti koriste

kiseonik, dok anaerobni mikroorganizmi rastu u sredinama bez sadržaja kiseonika. Fakultativni aerobi ne zahtevaju kiseonik, ali bolje rastu u uslovima sa sadržajem kiseonika (Madigan et al., 2010). Mikroaerofili koriste kiseonik, ali se uspešno razvijaju ukoliko je koncentracija kiseonika u sredini u kojoj se nalaze niža u odnosu na sadržaj kiseonika u vazduhu. Njihova široka rasprostranjenost u vodi i zemljištu je posledica znatno nižeg sadržaja kiseonika u odnosu na atmosferske uslove. Obuhvataju bakterije, kao što je rod *Beggiatoa*, te mnoge vrste roda *Bacillus*, kao i mlečne bakterije roda *Lactobacillus* (Jemcev & Đukić, 2000). Aerotolerantni anaerobi tolerišu prisustvo kiseonika i rastu u njegovom prisustvu, ali ga ne mogu koristiti (Madigan et al., 2010).

Poznato je i da hidrostatički pritisak može imati uticaj na brojnost mikroorganizama podzemnih voda. Vrednosti pritiska od 1×10^7 – 5×10^7 Pa suzbijaju razmnožavanje i rast mikroorganizama, dok na vrednostima pritiska većim od 5×10^7 Pa veliki broj mikroorganizama se ne razvija. Međutim, postoje mikroorganizmi koji se razvijaju i na visokim vrednostima pritiska. Nazivaju se barofilni mikroorganizmi i svojstveni su za podzemne vode ili vode okeana. Intenzivniji razvoj ove grupe mikroorganizama karakterističan je za uslove u kojima je atmosferski pritisak znatno niži od hidrostatičkog pritiska. Kada je reč o obligatnim barofilima, ovi organizmi nisu sposobni da se razvijaju na pritiscima koji iznose $1,01 \times 10^5$ Pa. Usled sniženih vrednosti pritiska, remeti se njihov proces deoba, što uzrokuje nastanak nitastih ćelija (Jemcev & Đukić, 2000). U okeanskim sedimentima, pronađene su bakterije *Moritella yayanosii* koje se uspešno razvijaju na vrednostima pritiska od 500 do 1.100 atm, čija optimalna vrednost za razvoj iznosi 700 atm (Stan-Lotter, 2007).

Zasigurno, biodiverzitet podzemnih ekosistema može da bude predstavljen najrazličitijim kategorijama mikroorganizama na koje faktori (hidro)geološke sredine ispoljavaju različit uticaj. Tako je na Slici 1.20, imajući u vidu brojne kriterijume i autore čiji rezultati istraživanja su poslužili kao osnova za klasifikaciju različitih grupa mikroorganizama, shematski predstavljen prikaz mogućih kategorija mikroorganizama, dok su u Tabeli 1.13 prikazani neki od glavnih faktora koji utiču na opstanak i pokretljivost mikroorganizama podzemnih ekosistema.



Slika 1.20 Shematski prikaz klasifikacije mikroorganizama*

*Literarni izvori: **I. Složenost ćelijske građe:** Jemcev & Đukić (2000), Madigan et al. (2010); **II. Poreklo u podzemnim vodama:** Goldscheider et al. (2006); **III. Način života u podzemnim vodama:** Goldscheider et al. (2006); **IV. Zahtevi za kiseonikom:** Madigan et al. (2010); **V. Izvor ugljenika:** Jemcev & Đukić (2000), Madigan et al. (2010); **VI. Izvor energije:** Jemcev & Đukić (2000), Madigan et al. (2010); **VII. Izvor energije i izvor ugljenika:** Jemcev & Đukić (2000); **VIII. Tip ishrane:** Jemcev & Đukić (2000) prema B. N. Kondrjatevoj; **IX. Temperatura:** Madigan et al. (2010); **X. pH vrednost:** Jemcev & Đukić (2000), Madigan et al. (2010); **XI. Sadržaj NaCl:** Mioković & Zdolec (2004).

Tabela 1.13 Uticaj nekih od glavnih faktora na opstanak i pokretljivost (migraciju) mikroorganizama podzemnih ekosistema (Preuzeto i modifikovano prema Pedley et al., 2006)

Faktor	Virusi		Bakterije	
	Uticaj na opstanak	Uticaj na pokretljivost (migraciju)	Uticaj na opstanak	Uticaj na pokretljivost(migraciju)
Temperatura	Opstanak virusa je znatno duži na nižim temperaturama	Nepoznato	Opstanak bakterija je znatno duži na nižim temperaturama	Nepoznato
Aktivnost mikroorganizama	Neki virusi se lakše inaktiviraju u prisustvu određenih mikroorganizama, međutim zabeleženi su i obrnuti slučajevi, kao i slučajevi odsustva aktivacije/inaktivacije u prisustvu određenih mikroorganizama	Nepoznato	Smatra se da prisustvo autohtonih mikroorganizama povećava stopu inaktivacije enteričnih bakterija, pri čemu sinergističko delovanje sa nekim protozoama može smanjiti stopu inaktivacije bakterija	Nepoznato
Sadržaj vlage	Većina virusa opstaje duže u vlažnim zemljištima, dok zasićena porozna sredina predstavlja najpovoljnije uslove za razvoj virusa; nezasićena zemljišta mogu inaktivirati viruse u kontaktnoj sredini voda-vazduh	Pokretljivost virusa se značajno povećava u zasićenoj poroznoj sredini	Većina bakterija opstaje duže u vlažnim zemljištima, nego u isušanim zemljištima	Pokretljivost bakterija se značajno povećava u zasićenoj poroznoj sredini
pH vrednost	Većina enteričnih virusa opstaje u dijapazonu pH od 3 do 9; međutim, virusi znatno duže opstaju u sredinama koje karakteriše vrednost pH oko 7	Niska vrednost pH podstiče sorpciju virusa u zemljišta; visoka vrednost pH uzrokuje desorpciju i na taj način pospešuje veću pokretljivost virusa	Većina enteričnih bakterije opstaje duže u staništima koje karakteriše vrednost pH oko 7	Niska vrednost pH podstiče adsorpciju bakterija u zemljišta i na matriks izdani; usled povišene vrednosti pH, može se smanjiti stopa otkidanja bakterija koje imaju tendenciju vezivanja za različite podloge
Vrste soli i koncentracija	Određeni katjoni mogu produžiti opstanak virusa u zavisnosti od vrste odgovarajućeg predstavnika	Povećanje jonske jačine okolne sredine uglavnom povećava sorpciju virusa	Nepoznato	Povećanje jonske jačine okolne sredine povećava sorpciju bakterija
Interakcija mikroorganizama sa zemljištem	Interakcija virusa sa zemljištem uglavnom povećava njihov opstanak; međutim, vezanost za određene geohemijske podloge može uzrokovati inaktivaciju virusa	Virusi u interakciji sa česticama zemljišta usporavaju svoju pokretljivost kroz matricu zemljišta	Adsorpcija na čvrste podloge smanjuje stopu inaktivacije bakterija, pri čemu koncentracija bakterija na čvrstim podlogama može biti nekoliko redova veća od njihove koncentracije u vodenoj fazi	Bakterije u interakciji sa česticama zemljišta usporavaju svoju pokretljivost kroz matricu zemljišta
Svojstva zemljišta	Povezana su sa stepenom sorpcije virusa	Veća migracija virusa karakteristična je za grubozrna zemljišta; s druge strane, glinovita zemljišta apsorbiraju viruse	Povezana su sa stepenom sorpcije bakterija	Veća migracija bakterija karakteristična je za grubozrna zemljišta; s druge strane, glinovita zemljišta apsorbiraju bakterije
Tip virusa/bakterija	Različite vrste virusa su različito osetljive na inaktivaciju od strane fizičkih, hemijskih i bioloških faktora	Sorpcija virusa u zemljištima je povezana sa fizičko-hemijskim karakteristikama u sekundarnoj i tercijarnoj kapsidnoj površinskoj strukturi i sekvenci aminokiselina	Različite vrste bakterija su različito osetljive na inaktivaciju od strane fizičkih, hemijskih i bioloških faktora	Određene vrste bakterija imaju veću sposobnost vezivanja za čvrste podloge u odnosu na druge vrste, pri čemu se varijacije mogu pojaviti između sojeva iste vrste
Organske supstance	Organske supstance mogu produžiti opstanak virusa kompetitivnim vezivanjem u kontaktnoj sredini voda-vazduh gde može doći do inaktivacije virusa	Rastvorljive organske supstance, kao i virusi, teže adsorpciji na čestice zemljišta, što može rezultovati povećanom pokretljivošću virusa	Povišen sadržaj organskih supstanci predstavlja izvor nutrijenata za bakterijsko širenje, čime dolazi do povećanja njihove brojnosti i dužeg opstanaka	Organske supstance mogu usloviti formiranje čvrstih podloga i podstaći adsorpciju bakterija
Hidraulički uslovi	Nepoznato	Pokretljivost virusa se generalno povećava usled većih brzina filtracije podzemnih voda	Nepoznato	Pokretljivost bakterija se generalno povećava usled većih brzina filtracije podzemnih voda

1.2 GEOLOŠKO-HIDROGEOLOŠKE KARAKTERISTIKE ISTRAŽIVANIH POJAVA MINERALNIH VODA

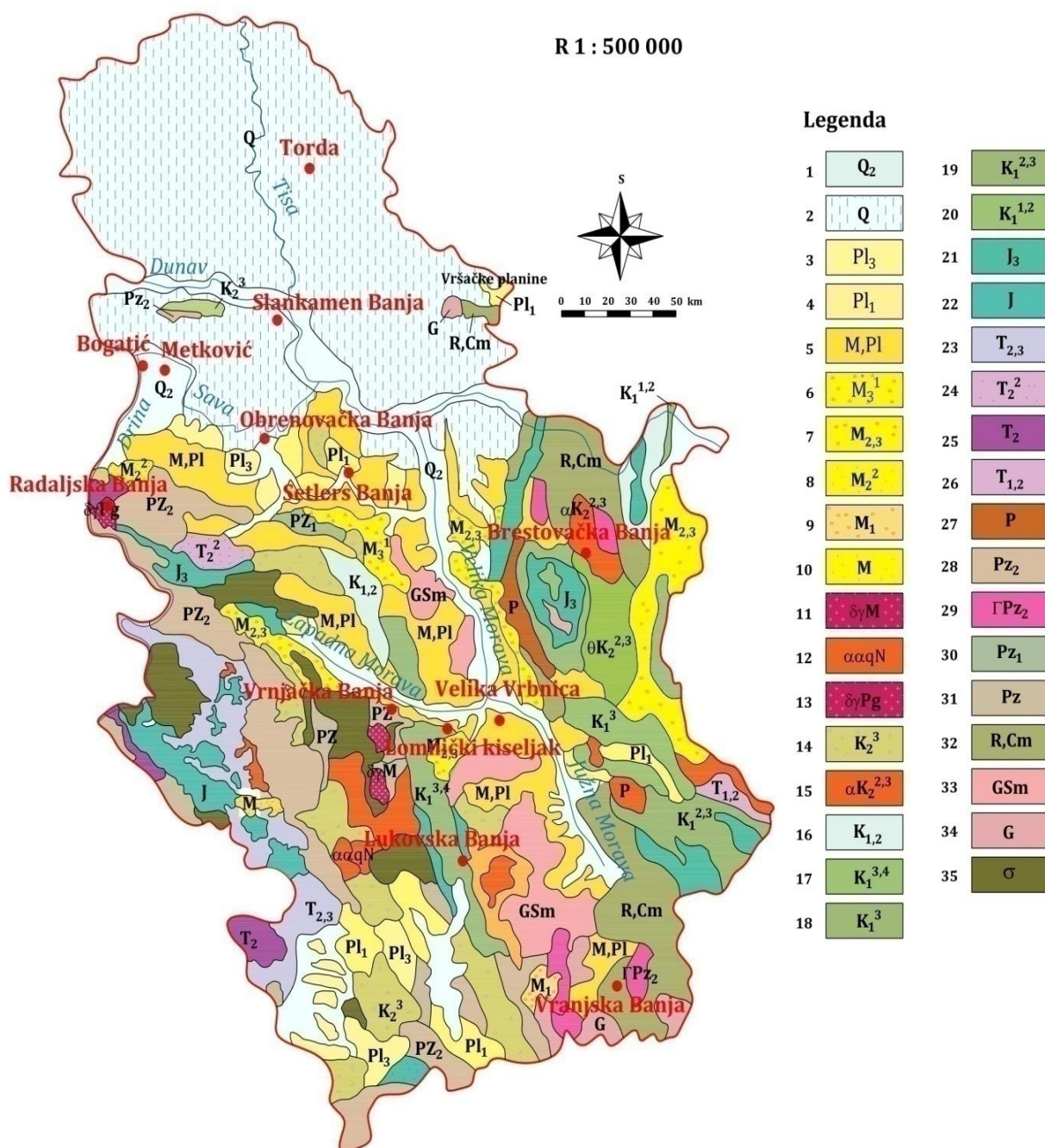
Istraživane pojave mineralnih voda razlikuju se u pogledu fizičko-hemijskih karakteristika, načina korišćenja i heterogenosti geološkog sastava terena u litološkom profilu svake pojedinačne pojave. Njihovo formiranje odvija se u hidrogeološkim strukturama magmatogenih masiva (Radaljska Banja, Brestovačka Banja, Lukovska Banja i Vranjska Banja), odnosno metamorfni oblasti (Vrnjačka Banja) i tercijarnih basena u okviru rasprostranjenja oblasti metamorfita (Lomnica i Velika Vrbnica), te hidrogeoloških basena (Torda, Slankamen Banja, Bogatić, Metković, Obrenovačka Banja i Selters Banja) (Protić, 1995). Isticanje mineralnih voda ostvaruje se u okviru različitih geotektonskih, odnosno hidrogeoloških rejon³ (Filipović et al., 2005): Karpato-balkanidi (Brestovačka Banja), Srpsko-kristalasto jezgro (Vranjska Banja, Lomnica, Velika Vrbnica i Selters Banja), Šumadijsko-kopaoničko-kosovska zona (Vrnjačka Banja i Lukovska Banja), Unutrašnji Dinaridi zapadne Srbije (Bogatić, Metković, Radaljska Banja i Obrenovačka Banja) i Panonski basen (Slankamen Banja i Torda). Karakteristike istraživanih pojava mineralnih voda prikazane su u Tabeli 1.14, dok je na Slici 1.21 prikazana geološka karta Srbije sa prikazom odabranih pojava, odnosno na Slici 1.22 prikazan je geografsko-geotektonski položaj odabranih pojava i njihova pripadnost različitim geotektonskim celinama, odnosno hidrogeološkim rejonima.

³„Pod hidrogeološkim rejonom podrazumeva se teritorija u granicama geološke strukture ili elemenata strukture, koja se karakteriše određenim stepenom vodonosnosti i jedinstvenim hidrogeološkim procesima koji određuju režim, rezerve i hemizam podzemnih voda“ Filipović et al., (2005).

Tabela 1.14 Karakteristike istraživanih pojava mineralnih voda

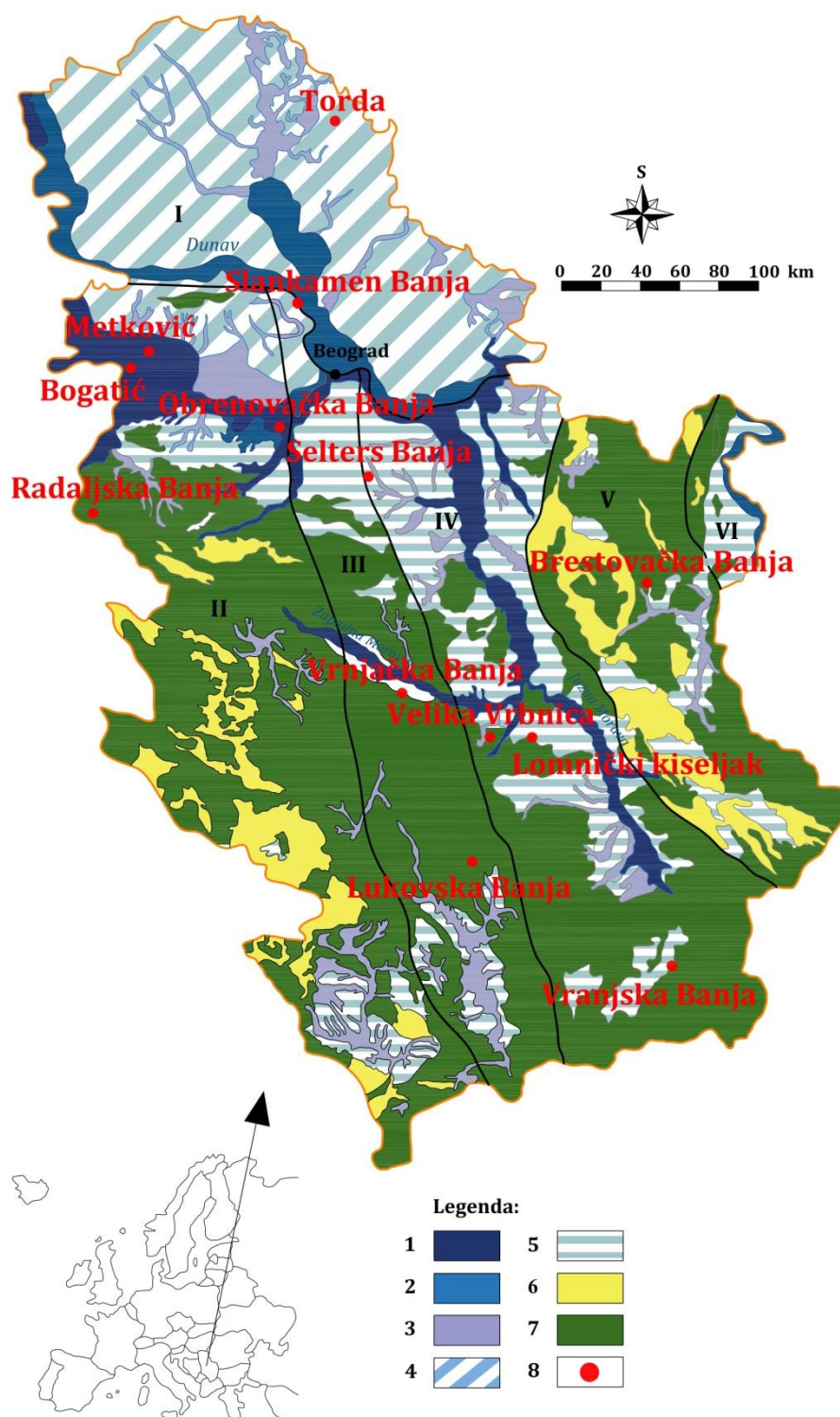
Pojava mineralnih voda	Geološka sredina formiranja hidrogeoloških struktura ^a /Hidrogeološki rejon ^b	Strukturni tip izdani	Vidovi pojavljivanja, tip vodozahvata	Dubina (m)	Izdašnost pojave (L/s)	Ranija ili sadašnja primena mineralnih voda
Torda	Basen/Panonski basen	Zbijeni ^e	Kopani bunar „Sveti Đorđe“	6 ^e	0,3 – (bunar „Sveti Đorđe“) ^f	Flaširana voda „Jordan“ i „Sveti Đorđe“ ^e
Slankamen Banja	Basen/Panonski basen	Karstno-pukotinski ^g	Kopani bunar „B-1“ (Slanjača)	3.6 ^g	2 – (bunar „B-1“-Slanjača) ^g	Balneoterapijska primena – kupanje
Selters Banja	Basen/Srpsko-kristalasto jezgro	Karstno-pukotinski ^d	Više istraživanih bušotina (bunara) ^c	816,4 (bunar „IB-1“) ^a 1.150 (bunar „IB-2“) ^h	>5 ^c	Balneoterapijska primena – kupanje i piće
Obrenovačka Banja	Basen/Unutrašnji Dinaridi zapadne Srbije	Zbijeno-karstni ⁱ (artesiani) ^c	Bunari „OB-1“ i „OB-2“	600 (bunar „OB-1“) ^k , 455 (bunar „OB-2“) ^l	>2 ^c	Balneoterapijska primena – kupanje
Bogatić	Basen/Unutrašnji Dinaridi zapadne Srbije	Karstni ^c	Bunari „BB-1“ i „BMe-1“	470 ^m	> 50 ^c	Toplifikacija naselja Bogatić
Metković		Pukotinsko-zbijeni		627 ^a	10 ⁿ	Trenutno bez namene
Radaljska Banja	Magmatogeni masiv/Unutrašnji Dinaridi zapadne Srbije	Pukotinski ^c	Više izvora i istraživanih bušotina ^c	100-400 ^c	2,7-3,1 ^c	Balneoterapijska primena – kupanje i piće
Brestovačka Banja	Magmatogeni masiv/Karpatobalkanidi	Pukotinski ^o	16 izvora i česme, 2 pliće bušotine i bušotine dubine 50 m i 126 m ^c		13 ^c	
Lukovska Banja	Magmatogeni masiv/Šumadijsko-kopaoničko-kosovska zona	Pukotinsko-karstni ^c	Više izvora i bunara ^c	100-870 ^c	>20 ^c	Balneoterapijska primena – uglavnom kupanjem ^a ; Hidrogeotermalne svrhe – zagrevanje hotelskih objekata ^p
Vranjska Banja	Magmatogeni masiv/Srpsko-kristalasto jezgro	Pukotinski ^c	Više izvora i bunara ^c	7 – 1.600 ^c	100 ^r	Balneoterapijska primena – kupanje, piće, inhaliranje, ispiranje ^a ; Hidrogeotermalne svrhe ^q
Vrnjačka Banja	Oblast metamorfita/Šumadijsko-kopaoničko-kosovska zona	Pukotinsko-karstni ^c	Dva istražno-eksploataciona bunara (izvorište „Jezero“) ^c	260 (bunar „VBJ-1/78“) (J-1) ^s 302 (bunar „VBJ-2/85“) (J-2) ^t	0,5 („VBJ-2/85“) (J-2) ^t	Balneoterapijska primena i piće
Velika Vrbnica	Basenska struktura u okviru rasprostranjenja oblasti metamorfita/Srpsko kristalasto jezgro	Pukotinski ^c	Kopani bunar	20 ⁱ	1 ^c	Piće od strane lokalnog stanovništva ^w
Lomnica (Lomnički kiseljak)	Basenska struktura u okviru rasprostranjenja oblasti metamorfita/Srpsko kristalasto jezgro	Zbijeni sa slobodnim nivoom ^u		8,6 ^u 6,5 ^v	0,5 ^u	Flaširana voda „Devet Jugovića“ ^a , balneoterapijska primena ^a , eksploatacija od strane radne organizacije „Ugop-Župa“ tokom 1968. godine iz Kruševca ^u

a – Protić (1995); b – Filipović et al., (2005); c – Filipović (2003); d – Protić (1995), Filipović (2003), Šaraba & Dimkić (2019b); e – Nikolić et al., (2016); f – Tomić & Lazić (2017); g – Lazić (2017); h – Marinković (2014); i – Leko et al., (1922); j – Filipović & Stevanović (1987), Šaraba & Dimkić (2019a); k – Filipović & Stevanović (1987), Protić (1995), Šaraba & Dimkić (2019a); l – Špadijer & Vinčić (2019); m – Carević & Jovanović (2009); n – Martinović (2008), Šaraba et al., (2017b); o – Dragišić et al., (1994); p – Gašić et al., (2012); q – Denda et al., (2019); r – Petrović Pantić (2014); s – Živanović (2012); t – Štrbački et al., (2020); u – Stojadinović & Rašula (1997); v – Stojadinović & Isaković (1999); w – Stričević (2015).



Slika 1.21 Shematizovana geološka karta Srbije sa prikazom istraživanih pojava mineralnih voda (Geološka podloga: Institut za geološko-rudarska istraživanja i ispitivanja nuklearnih i drugih mineralnih sirovina, 1970; modifikovano)

Legenda: 1 – Holocen uopšte; 2 – Les; 3 – Gornji pliocen: šljunkovi i gline; 4 – Donji pliocen: nevezani klastiti, krečnjaci, ugalj; 5 – Miocen-pliocen: klastiti, krečnjaci, ugalj; 6 – Sarmat: klastiti i krečnjaci; 7 – Srednji-gornji miocen: klastiti i krečnjaci; 8 – Baden: klastiti i krečnjaci; 9 – Donji miocen: klastiti, krečnjaci i ugljevi; 10 – Miocen uopšte; 11 – Granodioriti; 12 – Dacito-andeziti; 13 – Granodioriti; 14 – Senon: fliš; 15 – Andeziti; 16 – Donja-gornja kreda: krečnjaci, dolomiti, klastiti; 17 – Barem-apt: krečnjaci sa dolomitima, klastiti; 18 – Barem: krečnjaci i dolomiti; 19 – Otriv-barem: krečnjaci, dolomiti, klastiti; 20 – Valned-otriv: krečnjaci, dolomiti; 21 – Malm: krečnjaci, dolomiti, breče; 22 – Jura uopšte; 23 – Srednji-gornji trijas: dolomiti, krečnjaci, klastiti; 24 – Ladinški kat: krečnjaci, rožnaci, dolomiti, klastiti, tufovi, porfiriti; 25 – Srednji trijas uopšte; 26 – Donji-srednji trijas: dolomiti; 27 – Perm uopšte; 28 – Mlađi paleozoik uopšte: klastiti, krečnjaci, argilošisti, filiti; 29 – Graniti i granodioriti; 30 – Mermeri, mermerasti krečnjaci, dolomiti, škriljci; 31 – Paleozoik uopšte; 32 – Hloritski, sericitski, aktinolitiski i albitski škriljci, kvarciti; 33 – Gnajsevi, leptinolit, mikašisti; 34 – Gnajsevi; 35 – Ultramafiti.



Slika 1.22 Shematizovana hidrogeološka karta Srbije sa prikazom geografsko-geotektonskog položaja istraživanih pojava mineralnih voda (Preuzeto i modifikovano prema Filipović et al., 2005; Šaraba et al., 2019a; Šaraba & Dimkić, 2019a)

Legenda: I – Panonski basen; II – Unutrašnji Dinaridi zapadne Srbije; III – Šumadijsko-kopaoničko-kosovska zona; IV – Srpsko kristalasto jezgro; V – Karpato-balkanidi; VI – Dakijski basen; 1 – Zbijeni tip poroznosti, visoko vodoprovodna sredina; 2 – Zbijeni tip poroznosti, srednje vodoprovodna sredina; 3 – Zbijeni tip poroznosti, slabovodoprovodna sredina; 4 – Hidrogeološki kompleks: subartenska i artenska izdan Panonskog neogenog basena; 5 – Hidrogeološki kompleks: subartenska i artenska izdan manjih neogenih basena; 6 – Karstna i karstno-pukotinska poroznost, visoko vodoprovodna sredina; 7 – Pukotinski tip poroznosti, slabo i srednje vodoprovodna sredina (uključeni su i uslovno-bezvodni delovi terena); 8 – Istraživana pojava mineralnih voda.

1.2.1 Hidrogeološki baseni

Hidrogeološki baseni predstavljaju nekadašnje depresije u kojima preovlađaju nemetamorfisane naslage, odnosno tercijarni sedimenti koji su najčešće taloženi uz istovremeno tonjenje dna basena duž obodnih dislokacija. Osnova basena izgrađena je od starijih stenskih masa, uglavnom blokovske strukture (Protić, 1995). Prema Dragišiću (1997), hidrogeološke basene čini „sveukupnost vodonosnih i relativno vodonepropusnih horizonata ili kompleksa, koje u celini odlikuje specifičan sistem geološkog razvoja i formiranja hidrodinamičkih, hidrohemijskih i hidrogeotermičkih procesa“.

U vertikalnom profilu basena karakteristično je postojanje više vodonosnih horizonata, izražena hidrohemijska zonalnost, povećanje temperature i ukupne mineralizacije sa porastom dubine, itd. Na površini terena veoma često ne postoje indikacije mineralnih voda, zbog čega se iste otkrivaju jedino istražnim bušenjem. Uglavnom je izražena geotermalna anomalija terena, zbog postojanja hidrogeološke barijere predstavljene povlatnim tercijarnim naslagama dubljim hidrogeološkim strukturama podloge basena (Protić, 1995). Tako, na području Panonskog basena Srbije registrovane su četiri grupe hidrogeotermalnih rezervoara po dubini (Martinović, 2008). Usled postojanja povlatnih vodonepropusnih ili slabopropusnih stena, dublje delove basena karakteriše niska stopa „ranjivosti“ (Kalušerović, 2014), uz brojne specifičnosti svojstvene za različite delove basena. Tako je na delovima terena nekadašnjeg zaliva Panonskog mora Srbije izraženiji uticaj podzemnih voda otvorenih hidrogeoloških struktura, u odnosu na područje Vojvodine kao dela Panonskog basena u užem smislu (Protić, 1995).

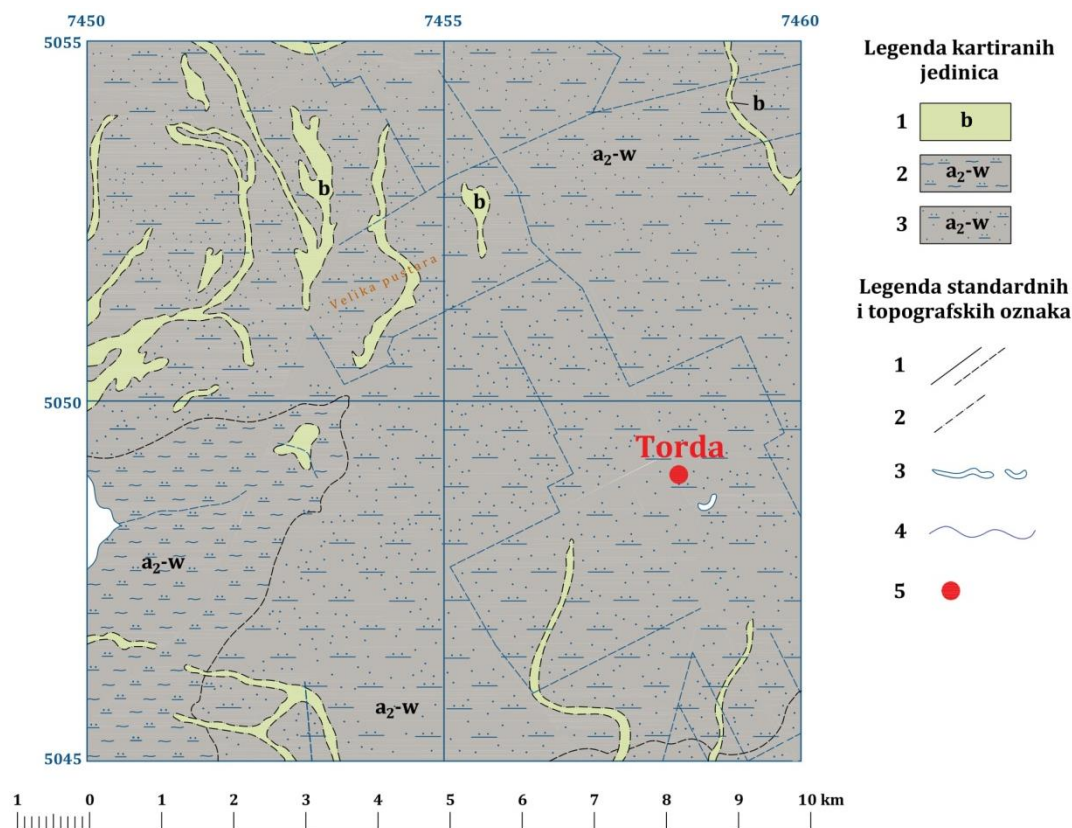
Formiranje Panonskog basena odvijalo se kolizionim i subdukcionim procesima litosfere Evropske ploče ispod kontinentalne kore unutrašnjih Karpata. Prva faza formiranja basena odvijala se tokom otnanga, kaprata i badena, kada je došlo do riftovanja izazvanog ekstenzijom litosfere. Potom nastupa druga faza tokom srednjeg miocena i nadalje tokom pliocena, označena kao post riftna faza. Zatim dolazi do nadiranja voda Paratetisa kao rezultat diferencijalnih tonjenja u depresione prostore. Tada započinje formiranje neotektonskih struktura čija evolucija se nastavlja tokom gornjeg miocena i traje do danas (Carević & Jovanović, 2009).

Na području Panonskog basena, na površini terena, dominantno rasprostranjenje zauzimaju kvartarni sedimenti koji pokrivaju neogene naslage koje naležu na stene mezozojske, paleozojske i proterozojske starosti (Filipović et al., 2005). Preneogena podloga izgrađena je od kristalastih škriljaca i granitoida koji pripadaju proterozoiku i paleozoiku, te različitih mezozojskih sedimenata (krečnjaka, rožnaca, glinaca, metapeščara, sedimenata flišolikog razvića, breča, konglomerata, laporaca, itd.), bazičnih i ultrabazičnih stena (serpentinisanih harzburgita, gabroidnih stena, itd.) i njihovih efuzivnih ekvivalenta (dijabaza, spilita, itd.). Sedimenti neogena leže diskordantno preko starijih formacija (Protić, 1995) i predstavljeni su glincima, peščarima, krečnjacima, konglomeratima, peskovitim glinama, brečama, peskovima, laporcima, vulkanitima, itd. (Filipović, 2003).

Na teritoriji Srbije, najznačajniji tipovi izdani hidrogeoloških basena predstavljeni su peskovitim sedimentima, badenskim i sarmatskim krečnjacima, dok su izdani sa najvećim hidrogeotermalnim potencijalom registrovane u trijaskim i krednim krečnjacima (Protić, 1995).

1.2.1.1 Mineralne vode Torde

Za područje Vojvodine, kao dela Panonskog basena u užem smislu, vezuje se pojava gorkih mineralnih voda⁴ Torde. Sa geološkog aspekta, posebno su značajani kvartarni sedimenti, budući da se u okviru njih formiraju gorke mineralne vode, dok neogeni i mezozojski sedimenti naležu na paleozojske škriljce koji se nalaze u njihovoj podini (Nikolić et al., 2016). Rasprostranjenje kvartarnih naslaga šireg područja Torde prikazano je na Slici 1.23.



Slika 1.23 Shematizovana geološka karta šireg područja Torde (Geološka podloga: Terzin et al., 1994)

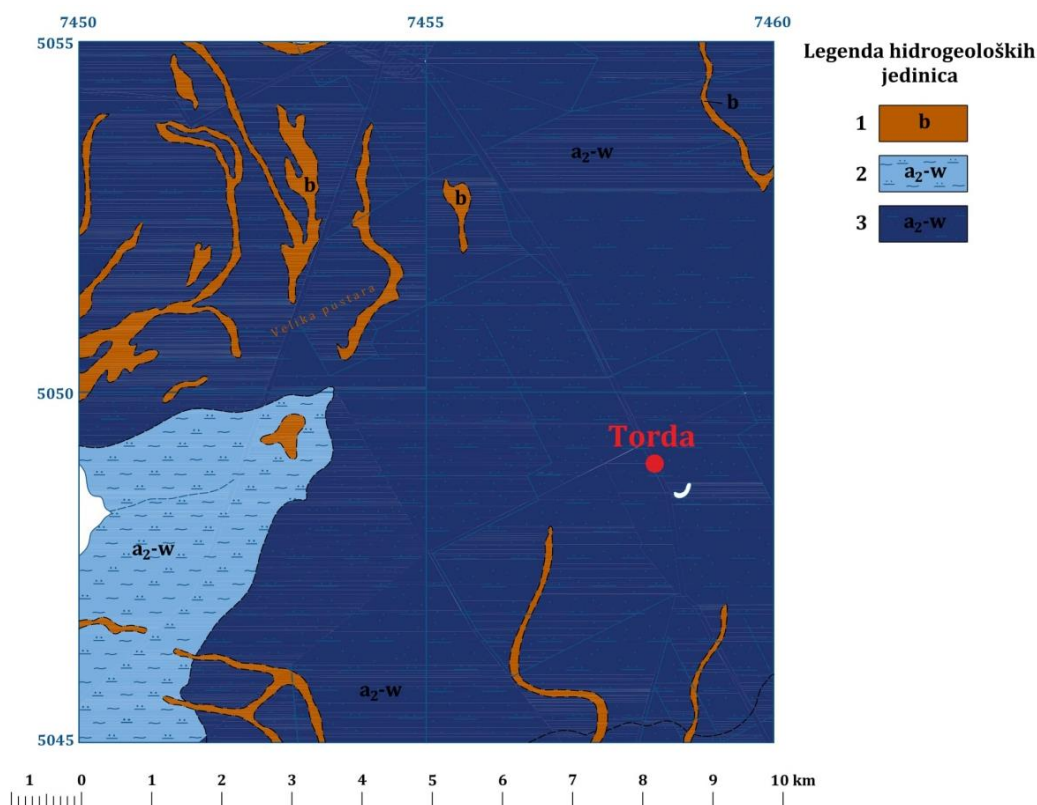
Legenda kartiranih jedinica: 1 – Barski sedimenti u stvaranju; 2 – Facija povodnja: gline i alevriti; 3 – Srednjevzrni peskovi i peskoviti alevriti.

Legenda standardnih i topografskih oznaka: 1 – Normalna granica: utvrđena i pokrivena; 2 – Fotogeološka granica; 3 – Jezero; 4 – Reka; 5 - Pojava mineralnih voda.

U kvartarnim sedimentima područja Torde formirana je zbijena izdan u slojevima peska, koji su registrovani na dubini od 6 m, odnosno 10 m, pa sve do oko 20 m. U povlaci peskovitih naslaga rasprostranjeni su glinoviti sedimenti, prosečne debljine od 3-7 m. Rasprostranjenje izdani u planu je posebno izraženo i iznosi oko 1 km jugoistočno i 1 km severozapadno od kopanog bunara „Sveti Đorđe“. Sa povećanjem dubine redukuje se sadržaj karakterističnih fizičko-hemijskih parametara gorkih mineralnih voda Torde, čija lekovita svojstva su poznata više od 100 godina, budući da su u periodu između dva svetska rata bile flaširane pod nazivom „Jordan“, da bi potom bile flaširane pod nazivom „Sveti Đorđe“ sve do

⁴„Gorke vode se karakterišu sadržajem čvrstih sastavnih delova koji je veći nego 1 g u 1 kg, dok su u okviru jonskog sastava najzastupljeniji anjoni sulfata (SO₄²⁻), te katjoni natrijuma (Na⁺) i magnezijuma (Mg²⁺)“ Leko et al., (1922).

2001. godine, kada prestaje njihova eksploatacija (Nikolić et al., 2016). Zastupljeni tipovi izdani u okviru kvartanih sedimenata šireg područja Torde prikazani su na Slici 1.24.



Slika 1.24 Shematizovana hidrogeološka karta šireg područja Torde (Geološka podloga: Terzin et al., 1994)*

Legenda hidrogeoloških jedinica: **Zbijeni tip izdani velikog potencijala:** 3 – Srednjezrni peskovi i peskoviti alevriti; **Zbijeni tip izdani malog potencijala:** 2 – Facija povodnja: gline i alevriti; **Uslovno-bezvodni delovi terena:** 1 – Barski sedimenti u stvaranju.

*Standardne i topografske oznake prikazane na hidrogeološkoj karti odgovaraju istim oznakama opisanim u sklopu Slike 1.23.

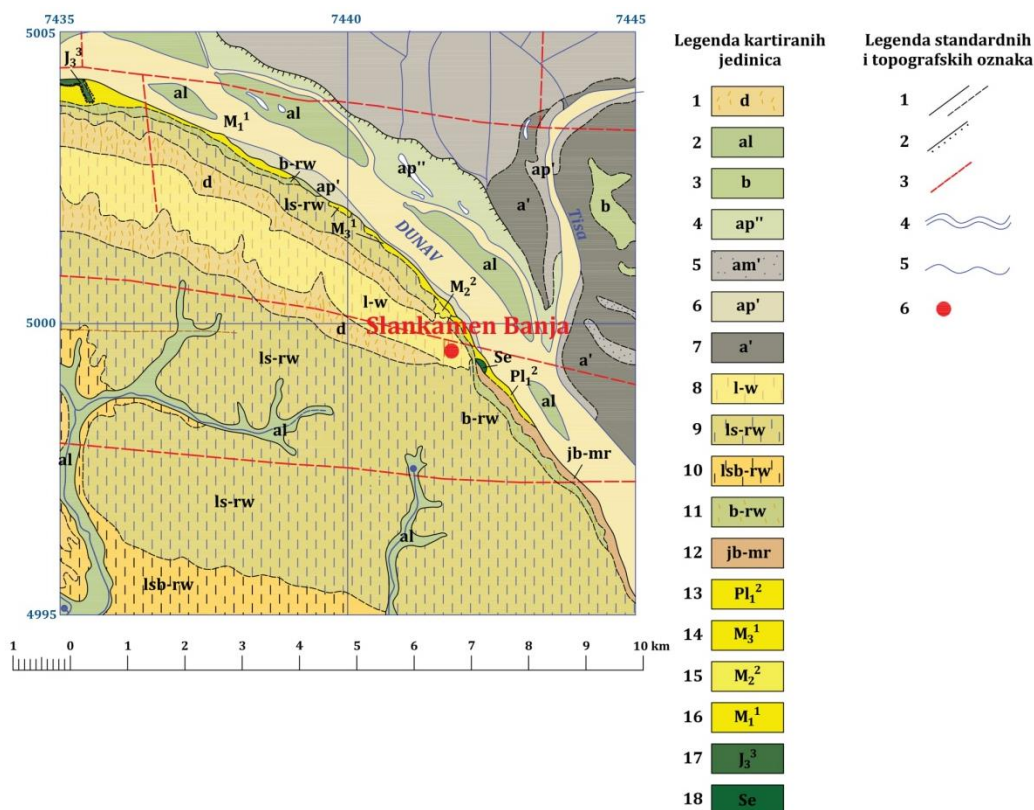
Kaptiranje gorkih mineralnih voda Torde odvija se kopanim bunarom „Sveti Đorđe”, prečnika 1,5 m, kapaciteta 0,3 L/s (Tomić & Lazić, 2017) i dubine 6 m (Nikolić et al., 2016). Kopani bunar „Sveti Đorđe” prikazan je na Slici 1.25, iz koga su uzorkovane gorke mineralne vode koje su bile analizirane u sklopu predmetne doktorske disertacije.



Slika 1.25 Kopani bunar gorkih mineralnih voda „Sveti Đorđe“

1.2.1.2 Mineralne vode Slankamen Banje

Ostrvsku morfostrukturu Panonskog basena, Frušku goru, za čije obodne delove vezuje se pojava slanih mineralnih voda⁵ u Slankamen Banji, izgrađuju najstarije stenske mase iz podloge terciarnog basena. Preko njih leže mezozojske tvorevine najrazličitijeg sastava (peskoviti glinci, krečnjaci i sl.), dok su po dubokim dislokacijama utisnute veće mase ultramafita (Protić, 1995). Najdublji deo terena Slankamen Banje predstavljaju lajtovački krečnjaci na koje naležu sarmatske i pontijske naslage pokrivene lesnim tvorevinama (Leko et al., 1922). Na Slikama 1.26 i 1.27 prikazano je rasprostranjenje litoloških članova i zastupljeni tipovi izdanj šireg područja Slankamen Banje.

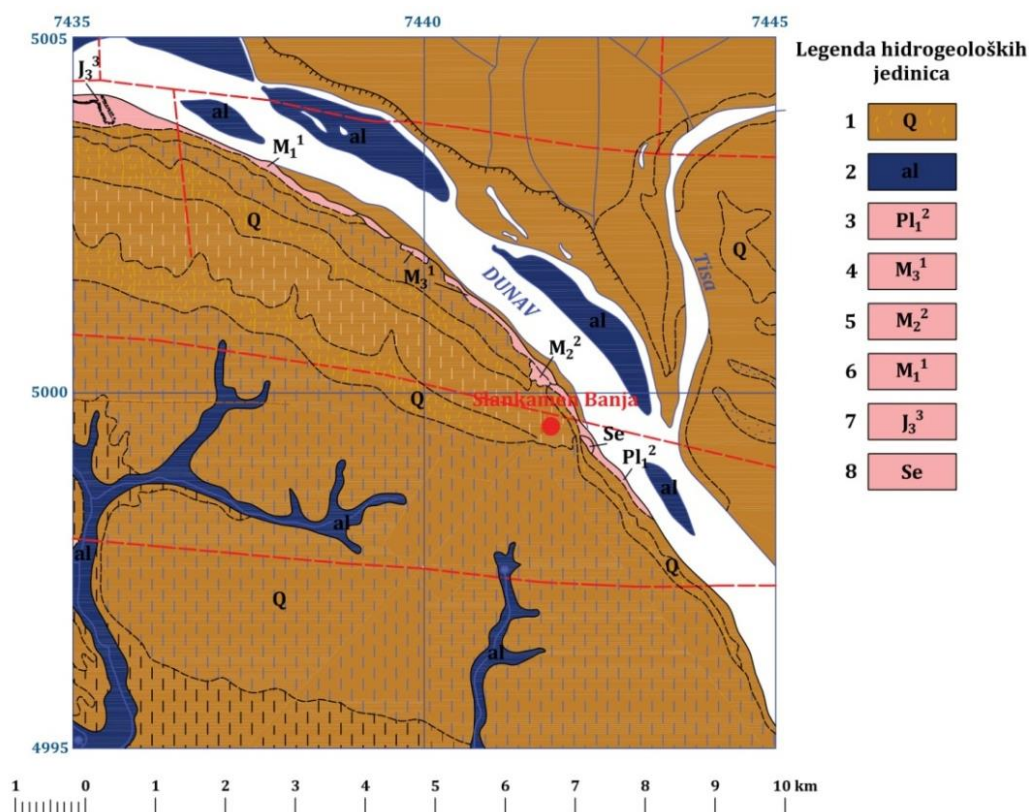


Slika 1.26 Shematizovana geološka karta šireg područja Slankamen Banje (Geološka podloga: Čičulić-Trifunović, 1994)

Legenda kartiranih jedinica: 1 – Mrki alevriti – pretaloženi les i lesoid; 2 – Peskovi, alevriti peskovi; 3 – Mrke alevritske gline, alevrit peskovi (barska facija); 4 – Alevritske gline, peskovito-glinoviti alevriti, alevrit peskovi (povodanjska facija); 5 – Glinoviti alevriti, alevritske gline (facija mrtvaja); 6 – Alevritske gline, peskovito-glinoviti alevriti, alevrit peskovi (facija povodnja); 7 – Peskovi, alevritski peskovi, peskovito-glinoviti alevriti (facija korita); 8 – Peskovito-glinoviti alevriti, peskoviti alevriti, alevrit peskovi (eolska facija); 9 – Alevrit peskovi, peskoviti alevriti, peskovi, koluvijalni šljunak, feritizirane pogrebene zemlje (eolsko-koluvijalna facija); 10 – Peskovito-glinoviti alevriti, alevrit peskovi, alevritski peskovi (lesoidno-barska facija); 11 – Peskovito-glinoviti alevriti, peskoviti alevriti, alevrit peskovi (barska facija); 12 – Peskovito-glinoviti alevriti, peskoviti alevriti, alevrit peskovi (jezersko-barska facija); 13 – Gline, peskovite gline, peskoviti gvoždjeviti peščari, ugljevit gline; 14 – Konglomerati, peščari, peskovi, krečnjaci; 15 – Litotamnijski krečnjaci, peskoviti krečnjaci, laporoviti peščari, tufo-peščari; 16 – Konglomerati, peščari, glinci, ugalj; 17 – Laporoviti krečnjaci, biogeni krečnjaci; peščari, glinci; 18 – Hidrotermalna izmenjeni serpentiniti.

Legenda standardnih i topografskih oznaka: 1 – Normalna granica: utvrđena i pokrivena; 2 – Eroziona granica: utvrđena; 3 – Rased pokriven; 4 – Veća reka; 5 – Sušica; 6 – Pojava mineralnih voda.

⁵Slane (murijatične) vode se karakterišu sledećim sastavom: 1. Sadržaj sastavnih delova je veći nego 1 g u 1 kg, odnosno ukupna mineralizacija je veća od 1 g/L; 2. Od anjona je dominantan sadržaj hlorida (Cl⁻), dok su u okviru katjona najzastupljeni katjoni natrijuma (Na⁺) (Leko et al., 1922).



Slika 1.27 Shematizovana hidrogeološka karta šireg područja Slankamen Banje (Geološka podloga: Čičulić-Trifunović, 1994; Hidrogeološka podloga: Lazić, 2017; modifikovano)*

Legenda hidrogeoloških jedinica: **Zbijeni tip izdani velikog potencijala:** 2 – Peskovi, alevrit peskovi; **Složeni tip izdani:** 3 – Gline, peskovite gline, peskoviti gvožđeviti peščari, ugljevite gline; 4 – Konglomerati, peščari, peskovi, krečnjaci; 5 – Litotamnijski krečnjaci, peskoviti krečnjaci, laporoviti peščari, tufo-peščari; 6 – Konglomerati, peščari, glinci, ugalj; 7 – Laporoviti krečnjaci, biogeni krečnjaci, peščari, glinci; 8 – Hidrotermalno izmenjeni serpentiniti; **Uslovno-bezvodni delovi terena:** 1 - Kvarterni sedimenti (glinoviti sedimenti, eoloski sedimenti, jezersko-barske facije, barske facije, eolsko-koluvijalne facije, itd.).

*Standardne i topografske oznake prikazane na hidrogeološkoj karti odgovaraju istim oznakama opisanim u sklopu Slike 1.26.

Za potrebe Specijalne bolnice za neurološka oboljenja i posttraumatska stanja „Dr Borivoje Gnjatić“ (dalje: Specijalna bolnica), slane mineralne vode kaptiraju se iz vodonosnih litotamnijskih, ceritskih i peskovitih krečnjaka miocenske i pliocenske starosti, u okviru kojih je razvijen karstno-pukotinski tip poroznosti, koji je na Slici 1.27 izdvojen kao složeni tip izdani. Prihranjivanje izdani odvija se na račun poniranja atmosferskih padavina i površinskih voda Dunava, dok se dreniranje obavlja eksploatacijom slanih mineralnih voda putem kopanog bunara „B-1“ (Slanjača) čija dubina iznosi 3,6 m. Drugi vid dreniranja predstavlja isticanje mineralnih voda u dunavski nanos, koji zbog izvesnog sadržaja glinovitih frakcija sprečava slobodno oticanje mineralnih voda. Uz upotrebu centrifugalnih pumpi slane mineralne vode potiskuju se u rezervoar, gde se obavlja njihovo dogrevanje do 34 – 36°C uz pomoć kotla na gas, nakon čega se distribuiraju putem cevovoda do rekreacionog bazena, te pomoćnih medicinskih objekta Specijalne bolnice. Posebno je izražen problem zaštite mineralnih voda, budući da postoji hidraulička veza između reke Dunav i kopanog bunara „B-1“ (Slanjača). Eksploatacione količine se procenjuju oko 2 L/s za dinamički nivo od 1,6 m, odnosno za sniženje od 1,13 m. Vrednosti koeficijenta filtracije iznose $k = 3,38 \times 10^{-3}$ m/s (Lazić, 2017). Na Slici 1.28 prikazan je sistem eksploatacije slanih mineralnih voda koje su bile analizirane u okviru predmetne doktorske disertacije.

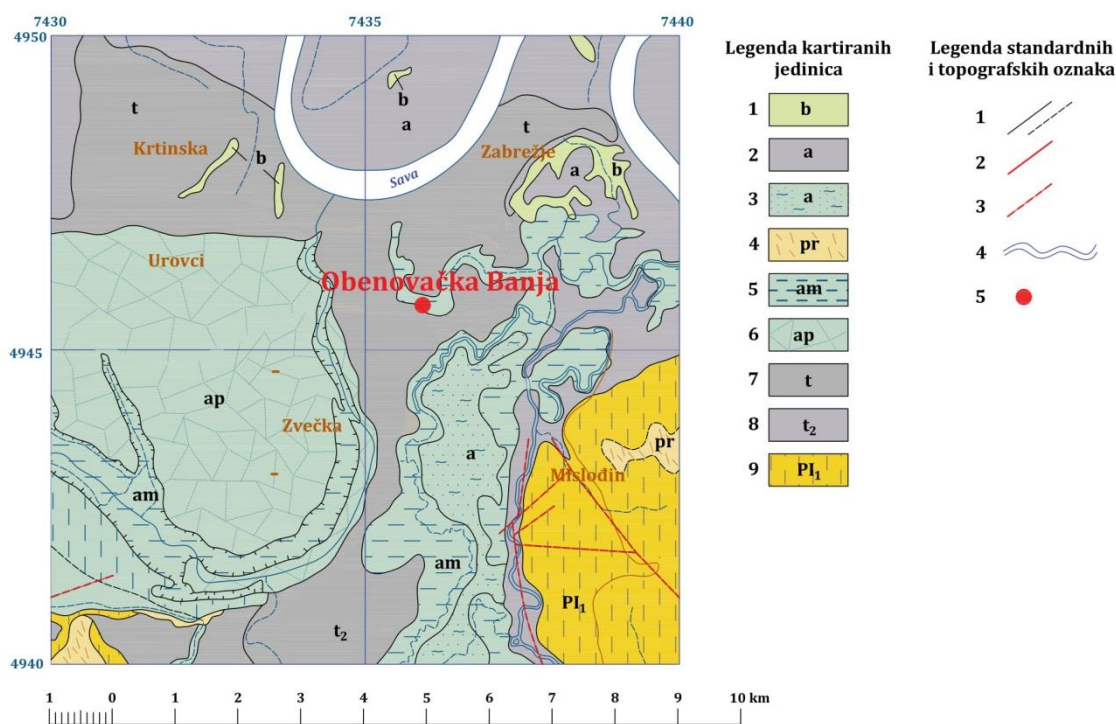


Slika 1.28 Sistem eksploatacije slanih mineralnih voda Slankamen Banje iz kopanog bunara „B-1” (SLanjača) (foto: M. Lazić, 2017) (Preuzeto od: B. Lazić, 2017)

Takođe, na levoj obali Dunava, slane mineralne vode iz miocenskih sedimenata registrovane su na dubinama od 100 m u Ovči, Omoljici, Novom Sadu, itd., dok su na desnoj obali Dunava slani mineralni izvori registrovani u Slancima i Višnjičkoj Banji (Stojiljković, 2003). Prema Leku et al. (1922), sarmatski i drugi tercijarni slojevi formirani su u salinskoj faciji, sa kojima je u genetskoj vezi i pojava slanih mineralnih voda u Slankamen Banji.

1.2.1.3 Mineralne vode Obrenovačke Banje

Obrenovačka Banja nalazi se u Obrenovcu, na udaljenosti od oko 30 km od Beograda, na nadmorskoj visini od 76-78 m. Sa geološkog aspekta, najznačajniji litološki član predstavljen je sarmatskom naslagom (Protić, 1995) koju čine tri litološka horizonta. Najniži stratigrafski nivo odgovara glinovito-laporovitim sedimentima debljine od oko 10 m, iznad kojih su rasprostranjeni žuti i sivi sitnozrni peskovi, mestimično glinoviti, prosečne debljine od 25 m. Najviši stratigrafski nivo predstavljen je krečnjačkim horizontom u vidu peskovitih, bankovitih, laporovitih i oolitičnih krečnjaka debljine od oko 50 m. Iznad sarmatskih naslaga rasprostranjeni su debeli kompleksi panonskih i pontskih glina, mestimično peskoviti, koji zbog svog izraženog vodonepropusnog karaktera uzorkuju pojavu hidrostatičkog pritiska u slojevima ispod. Ove tvorevine prekrivaju rečno-jezerski i terasni kvartarni sedimenti, kao i debeli kompleksi aluvijalnih tvorevina (Filipović & Stevanović, 1987). U podini neogene serije nalaze se vodonepropusni flišni kredni sedimenti (peščari, glinci, laporci), koji su na području Obrenovačke Banje nabušeni na dubini od 452 m (Protić, 1995; Šaraba & Dimkić, 2019a), kao i trijaski krečnjaci sa funkcijom potencijalnih nosioca mineralnih voda (Filipović & Stevanović, 1987). Rasprostranjenje litoloških članova šireg područja Obrenovačke Banje prikazano je na Slici 1.29.

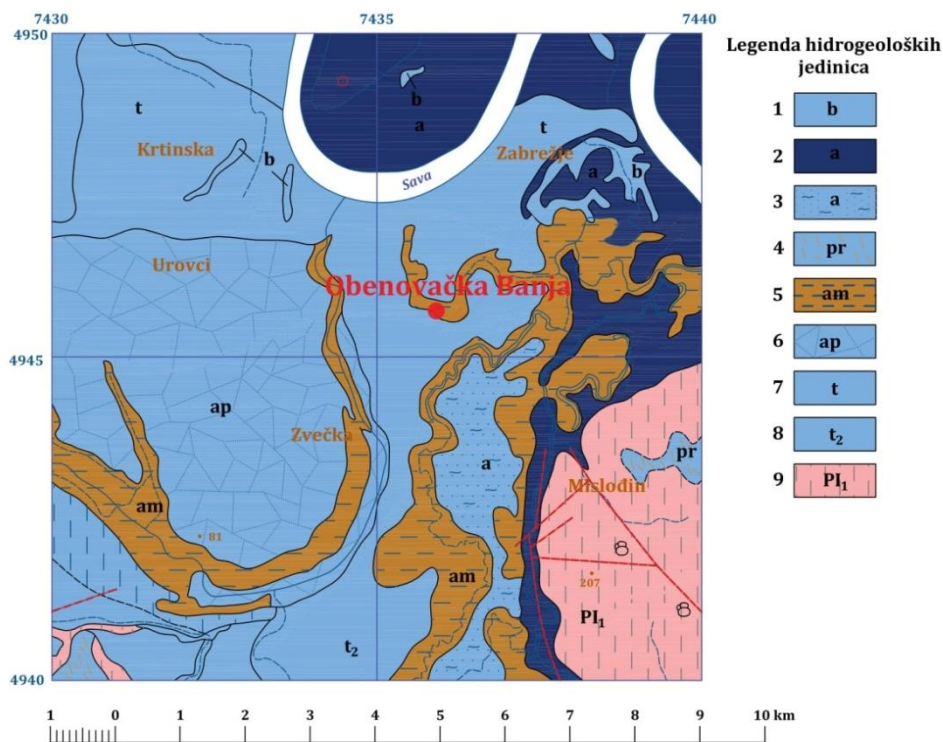


Slika 1.29 Shematizovana geološka karta šireg područja Obrenovačke Banje (Geološka podloga: Filipović et al., 1980; Marković et al., 1985)

Legenda kartiranih jedinica: 1 – Peskovi i alevroliti; 2 – Peskovi i glinoviti peskovi; 3 – Facija povodnja: pesak i sugline; 4 – Proluvijalni nanons: peskovi i lesolike gline; 5 – Facija mrtvaja: muljevito-glinoviti sedimenti; 6 – Peščani sprudovi; 7 – Lesolike gline, sugline i supeskovi; 8 – Viša rečna terasa; 9 – Laporovite gline, ugljevite gline, dijatomejske zemlje i pesak (pont).

Legenda standardnih i topografskih oznaka: 1 – Normalna granica: utvrđena i pokrivena ili aproksimativno locirana; 2 – Rased: sigurno utvrđen; 3 – Rased: pretpostavljen; 4 – Reka; 5 – Pojava mineralnih voda.

Sa aspekta hidrogeoloških karakteristika badenskih i sarmatskih naslaga, zaključuje se postojanje jedinstvene izdani u okviru koje se formiraju mineralne vode (Filipović & Stevanović, 1987; Šaraba & Dimkić, 2019a), čije preticanje iz badenskih u sarmatske naslage je uslovljeno postojanjem hidrostatičkog pritiska. Glavni putevi cirkulacije mineralnih voda vezuju se za zone u kojima preovlađuju peskovite frakcije, budući da gline ili glinoviti peskovi i pored svoje nezatne vodopropusnosti omogućavaju cirkulaciju mineralnih voda, imajući u vidu heterogen litološki sastav i postojanje rasednih struktura. Generalno posmatrano, prihranjivanje izdani je otežano i ostvaruje se u delovima terena gde sarmatski krečnjaci predstavljaju direktnu povlatu na površini terena, što je registrovano u lokalnosti Barajeva. Uslovi otežane vodozamene karakteristični su za badenske naslage, budući da na širem području nisu registrovani na površini terena, zbog čega se formira arteska izdan sa elastičnim tipom režima i izraženim vrednostima hidrostatičkog pritiska (Filipović & Stevanović, 1987). Špadijer & Vinčić (2019) navode da prihranjivanje izdani odvija se duž potoka i erozionih useka na padinskim stranama između magistralnog puta Beograd-Obrenovac i Barič, budući da je na ovim delovima terena registrovana serija peskova i šljunkova koja pokriva gornjekredne flišne tvorevine koje se duž istočnog oboda raslojavaju u više horizonata peskova i sarmatskih krečnjaka. Zastupljeni tipovi izdani registrovani u okviru neogenih i kvartarnih sedimenata šireg područja Obrenovačke Banje prikazani su na Slici 1.30.



Slika 1.30 Shematizovana hidrogeološka karta šireg područja Obrenovačke Banje (Geološka podloga: Filipović et al., 1980; Marković et al., 1985; Hidrogeološka podloga: Špadijer & Vinčić, 2019; modifikovano)

Legenda hidrogeoloških jedinica: **Zbijeni tip izdani velikog potencijala:** 2 – Peskovi i glinoviti peskovi; **Zbijeni tip izdani malog potencijala:** 1 – Peskovi i alevroliti; 3 – Facija povodnja: pesak i sugline; 4 – Proluvijalni nanos: peskovi i lesolike gline; 6 – Peščani sprudovi; 7 – Lesolike gline, sugline i supeskovi; 8 – Viša rečna terasa; **Složeni tip izdani:** 9 – Laporovite gline, ugljevite gline, dijatomejske zemlje i pesak (pont); **Uslovno-bezvodni delovi terena:** 5 – Facija mrtvaja: muljevito-glinoviti sedimenti.

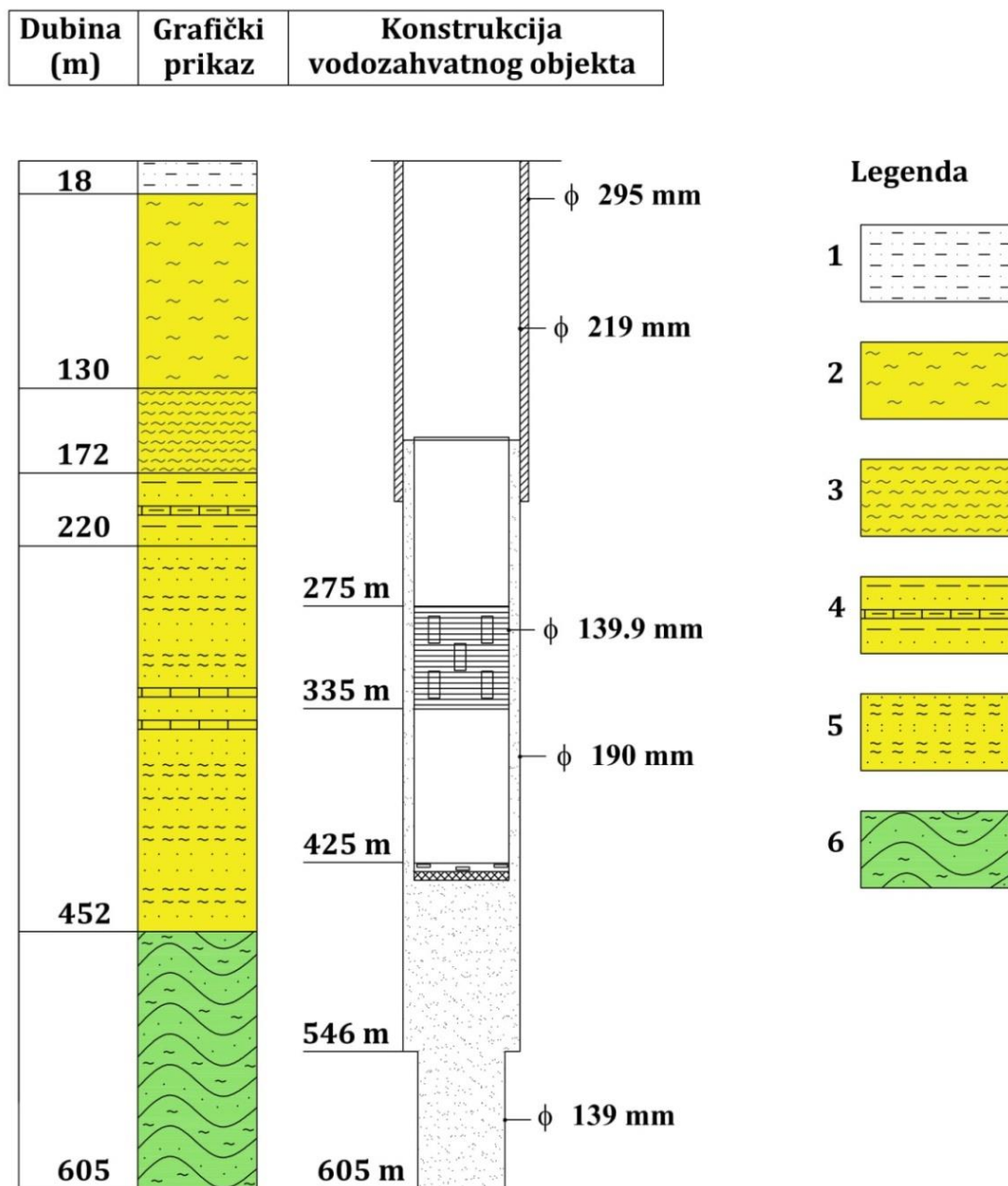
*Standardne i topografske oznake prikazane na hidrogeološkoj karti odgovaraju istim oznakama opisanim u sklopu Slike 1.29.

Kaptiranje mineralnih voda obavlja se bunarom „OB-1“ dubine od 600 m (Filipović & Stevanović, 1987; Protić, 1995; Šaraba & Dimkić, 2019a) i bunarom „OB-2“ dubine od 442,5 m (Špadijer & Vinčić, 2019), pri čemu je na Slici 1.31 prikazan gornji deo konstrukcije bunara „OB-1“.



Slika 1.31 Bunar „OB-1“ (Obrenovačka Banja)

Koeficijent transmisibilnosti badensko-sarmatske izdani iznosi $T = 1,5 \times 10^{-4} \text{ m}^2/\text{s}$, odnosno specifična izdašnost izdani iznosi $\mu = 3,0 \times 10^{-4}$, pri čemu oba parametra predstavljaju zbirne vrednosti za vodonosne horizonte mineralnih voda. Površina izdani iznosi više od 250 km^2 (Špadijer & Vinčić, 2019). Na Slici 1.32 prikazan je litološki profil i konstrukcija bunara „OB-1” iz koga su uzorkovane mineralne vode za metabarkoding analize mikrobioma.

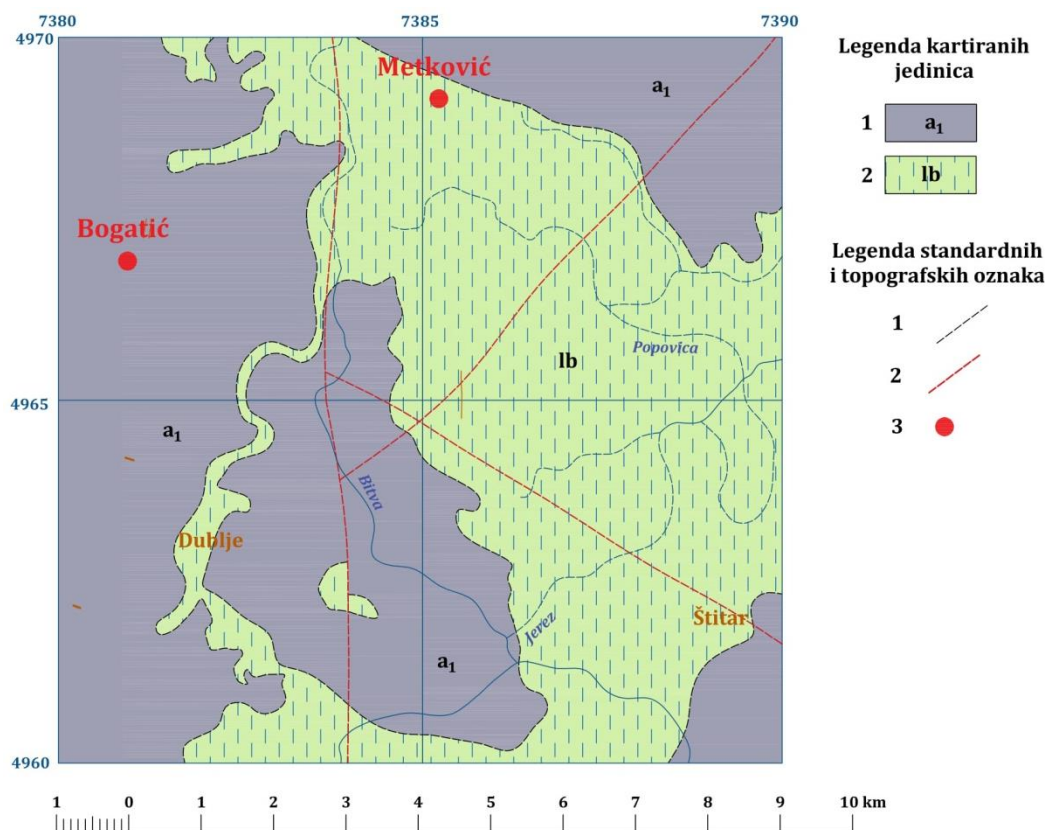


Slika 1.32 Litološki profil i konstrukcija bunara „OB-1“ u Obrenovačkoj Banji (Preuzeto i modificirano prema Filipović & Stevanović, 1987)

Legenda: 1 – Kvartarne gline, šljunkovi i peskovi; 2 – Gline donjeg pontaa i gornjeg panona; 3 – Gline i laporovite gline donjeg panona; 4 – Laporci, peskovi i proslojci laporovitog krečnjaka sarmata; 5 – Peskovi i gline u naizmeničnom smenjivanju, ređe laporci i krečnjaci badena; 6 – Peščari, glinci i laporci mastrihta (senon).

1.2.1.4 Mineralne vode Bogatića i Metkovića

Područje Mačve, za koje se vezuju pojave mineralnih voda u Bogatiću i Metkoviću, predstavlja prostranu depresiju na južnom obodu Panonskog basena, čije povlatne slojeve izgrađuju tercijarni i kvartarni sedimenti. Nadmorske visine područja istraživanja su u intervalu od 75-100 m, dok znatno manji deo terena na jugu čini blago zatalasno pobrđe sa nadmorskim visinama od 100-135 m (Carević & Jovanović, 2009). Površinske delove terena Mačve izgrađuju kvartarni sedimenti (Rajčević, 1983; Anđelković et al., 1986), čija debljina može iznositi i više od stotinu metara (Carević & Jovanović, 2009). Rasprostranjenje kvartarnih sedimenata šireg područja Bogatića i Metkovića prikazano je na Slici 1.33.



Slika 1.33 Shematizovana geološka karta šireg područja Bogatića i Metkovića (Geološka podloga: Rajčević, 1983; Anđelković et al., 1986; Šaraba & Obradović, 2019a)

Legenda kartiranih jedinica: 1 – Rečna terasa: šljunak, pesak, alevritski pesak i suglina; 2 – Lesoidnobarški sedimenti: pesak, alevritski pesak, alevritska glina, suglina sa biljnim detritusom.

Legenda standardnih i topografskih oznaka: 1 – Normalana granica: pokrivena ili aproksimativno locirana; 2 – Rased; 3 – Pojava mineralnih voda.

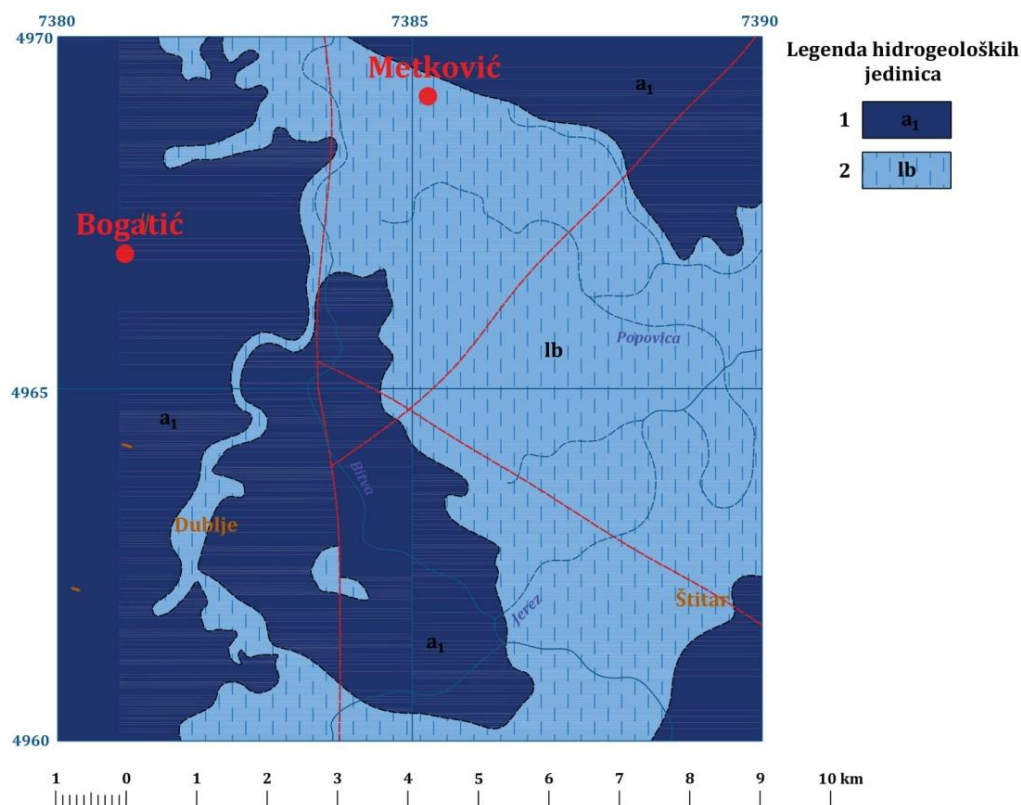
U podini tercijarnih naslaga, rasprostranjene su mezozojske i paleozojske tvorevine sa složenom parketno-blokovskom strukturom kao rezultat intenzivne tektonske aktivnosti tokom mlađih epoha neogena (Protić, 1995; Šaraba & Obradović, 2019a). Paleozojske tvorevine, registrovane na dubini od 305-1.365 m u istražnoj bušotini „BZ-2“, predstavljene su metaalevrolitima i metapeščarima stvaranim u uslovima sa turbiditskom sedimentacijom i odgovaraju flišnoj seriji, čije formiranje je rezultat termometamorfni procesa alevrolita i peščara usled izraženih geotermalnih aktivnosti kao posledica intruzije granitoida tokom neogena. Mezozojski sedimenti predstavljeni su trijaskim krečnjacima i dolomitima, čije prisustvo je dokazano na više lokaliteta: a) u istražnoj-bušotini „DB-1“ karstifikovani srednjetrijski krečnjaci (ladinski kat) nabušeni su na dubini od 207,5 m; b) u istražno-

eksploatacionom bunaru „IEDB-1“ karstifikovani gornjetrijaski krečnjaci (karnijski kat) nabušeni su na dubini od 216-300m, dok su srednetrijaski krečnjaci nabušeni na dubini od 300-330 m. Takođe, u bunaru „BBe-1“ gornjetrijaski dolomiti nabušeni su na dubini od 310-450 m, odnosno u bunaru „BB-1“ registrovani su gornjetrijaski krečnjački sedimenti. Beli, kompaktni krečnjaci, pretpostavljene trijaskke starosti, nabušeni su na dubini od 610 m u istražnoj bušotini „BB-2“. Izdanci trijaskkih karbonatnih sedimenta utvrđeni su i na južnom obodnom delu Cer planine i u blizini grada Šapca. Kenozojske tvorevine predstavljene su eocenskim pešćarima koji diskordantno naležu na starije stenske mase i panonskim kaspibrakičnim sedimentima u čijoj povlata su rasprostranjene jezerske pliocenske naslage. Od magmatskih stena, zastupljene su kisele granitoidne stene koje su otkrivene u istražnoj bušotini „BZ-2“ u sedam intervala, počevši od dubine 287 m (Carević & Jovanović, 2009).

Specifičnost hidrogeoloških karakteristika područja Mačve ogleda se u povišenim vrednostima temperatura podzemnih (mineralnih) voda. Tako je hidrogeotermalni sistem Mačve registrovan 1982. godine usled opažanja konduktivne geotermalne anomalije na području Dublja, pri čemu se smatra da konvektivni hidrogetermalni sistem predstavlja deo mnogo većeg sistema koji ima regionalnu oblast rasprostranjenja na području Mačve, Srema i Semebrije, sa površinom od oko 2.000 km². Izmerene temperature podzemnih (mineralnih) voda u bušotinama na vrhu hidrogeotermalnog rezervoara debljine od 500-1.000 m iznose 35-78°C, sa maksimalnim vrednostima od oko 100°C, na osnovu podataka hidrogeotermometara i modela mešanja. Karstifikacija trijaskkih krečnjaka je veoma izražena, sa dimenzijama kaverni koje u prečniku iznose od 0,5 m do 17 m, što objašnjava i izražene vrednosti koeficijenta transmisibilnosti (Bogatić i Dublje: $T = 8 \times 10^{-4} - 6 \times 10^{-3} \text{ m}^2/\text{s}$), dok vrednosti specifične izdašnosti iznose od 5×10^{-4} do 4×10^{-3} . Eksploatacione rezerve podzemnih (mineralnih) voda Mačve procenjuju se u količini od oko 300 L/s, pri čemu je moguća maksimalna eksploatacija podzemnih (mineralnih) voda od 1.500 L/s sa temperaturom od 75°C (Martinović, 2008).

Osim karstnog tipa poroznosti sa nivoom pod pritiskom, koji je razvijen u srednetrijaskim masivnim i slojevitim krečnjacima i dolomitima, kao i u gornjekrednim jedinicama istog litološkog sastava (Martinović, 2008; Šaraba et al., 2017b; Šaraba & Krunić, 2017b), u neogenim naslagama Mačve registrovano je rasprostranjenje vodonosnih horizonata u okviru različitih litostratigrafskih jedinica (peskovi, sarmatski organogeni krečnjaci, itd.) (Protić, 1995). Tako je arteski tip izdani u neogenim peskovima i šljunkovima panona i ponta registrovan na delovima terena Mačve i Pocerine sa površinom izdani od oko 650 km², te ukupnim kapacitetom arteskkih vodozahvatnih objekata od 40 L/s. Na delovima terena južno od Mačve, tj. na obodnim delovima granitoidnog masiva Cera, neogeni sedimenti registrovani su na površini terena duž kojih se jednim delom odvija i prihranjivanje ove arteske izdani (Martinović, 2008). Zastupljeni tipovi izdani u površinskim naslagama šireg područja Bogatića i Metkovića prikazani su na Slici 1.34.

Eksploatacija mineralnih voda Bogatića odvija se bunarom „BB-1“ dubine od 470 m, pri čemu su na dubini od 412-470 m registrovani gornjetrijaski zaglinjeni krečnjački sedimenti (Carević & Jovanović, 2009). Dubina bunara „BMe-1“ u Metkoviću iznosi 627 m, pri čemu su u intervalu od 495 m do 627 m rasprostranjeni metapešćari (Protić, 1995; Šaraba & Obradović, 2019a). Izvođenjem bunara „BMe-1“ u Metkoviću dokazano je da najstarije kenozojske tvorevine pripadaju eocenu, koji je predstavljen peskovima i slabo vezanim piritisanim krupnozrnim pešćarima (Carević & Jovanović, 2009). Mineralne vode su približnog hemijskog sastava, budući da basenske strukture odlikuje povezanost vodonosnih horizonata povlata i podine, odnosno basen deluje kao jedinstvena celina (Protić, 1995).



Slika 1.34 Shematizovana hidrogeološka karta šireg područja Bogatića i Metkovića (Geološka podloga: Rajčević, 1983; Anđelković et al., 1986; Šaraba & Obradović, 2019a)

Legenda hidrogeoloških jedinica: **Zbijeni tip izdani velikog potencijala:** 1– Rečna terasa: šljunak, pesak, alevritski pesak i suglina; **Zbijeni tip izdani malog potencijala:** 2 – Lesoidno-barski sedimenti: pesak, alevritska glina, suglina sa biljnim detritusom.

*Standardne i topografske oznake prikazane na hidrogeološkoj karti odgovaraju istim oznakama opisanim u sklopu Slike 1.33.

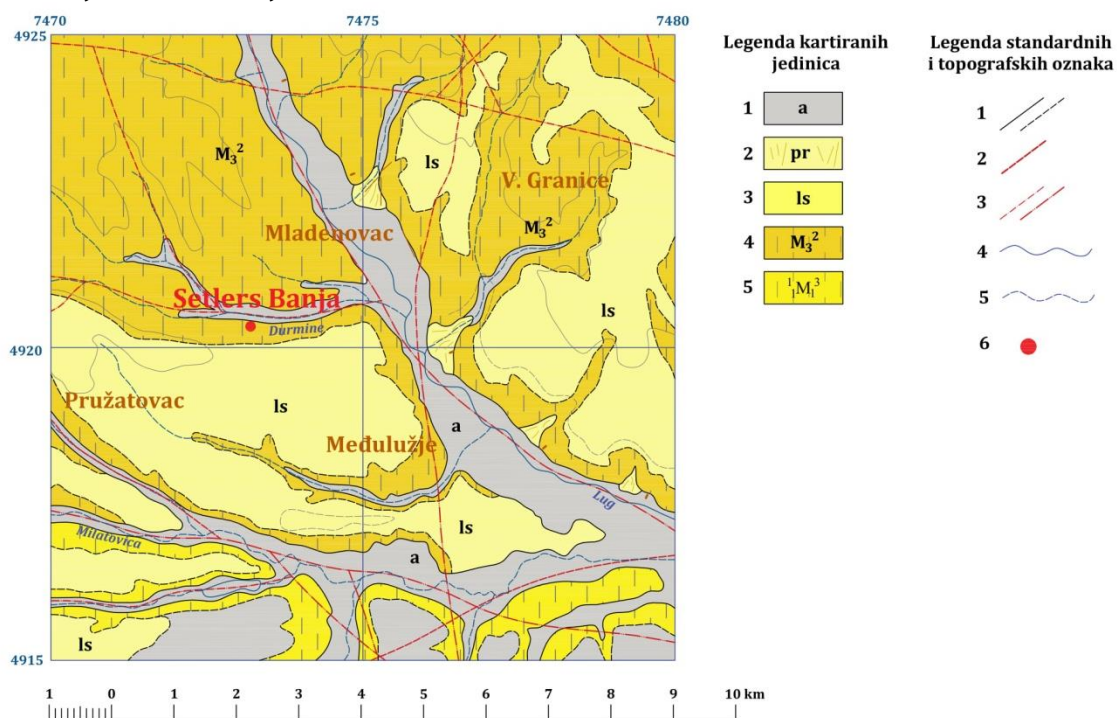
Na Slici 1.35 prikazani su bunari mineralnih voda Metkovića i Bogatića, koji su bili predmet istraživanja u sklopu predmetne doktorske disertacije sa aspekta razvoja mikrobiološkog diverziteta i taloženja mineralnih depozita.



Slika 1.35 Gornji delovi konstrukcijabunara „BMe-1“ (Metković) (a) i „BB-1“ (Bogatić)(b)

1.2.1.5 Mineralne vode Selters Banje

Na periferiji Mladenovca, u dolini reke Velikog Luga, smeštena je Selters Banja, u istočnom delu planine Kosmaj na nadmorskoj visini od 136 m. Glinovito-peskoviti panonski i sarmatski sedimenti sa proslojcima uglja (lignita) izgrađuju pripovršinske delove basena i naležu na gornjekredne flišne tvorevine izgrađene od laporaca i peščara, u okviru kojih su krečnjaci registrovani u intervalu od 750 m do 820 m dubine (Protić, 1995; Šaraba et al., 2018b). U podlozi tercijarnog basena, rasprostranjeni su plavomodri kristalasti krečnjaci ispresecani sistemima pukotina i verovatno su deo serije gornjekrednih krečnjaka Kosmaja. U njihovoj povlati su rasprostranjeni glinci, limonitisani peščari i krupni kvarcni peskovi. Debljina sedimentne serije je oko 26 m i verovatno je sarmatske starosti. Sarmatski sedimenti su registrovani u selu Koraćici na obodu Kosmaja gde zaplavljuju kredne krečnjake. U okviru sedimentne serije izgrađene od peskova, glina, laporaca i glinovitih peskova sa slojevima uglja, koja naleže na sarmatske naslage, registrovano je više vodonosnih horizonata (Milojević, 1964). Na Slici 1.36 prikazano je rasprostranjenje neogenih i kvaratnih sedimenata šireg područja Selters Banje.



Slika 1.36 Shematizovana geološka karta šireg područja Selters Banje (Geološka podloga: Pavlović et al., 1980)

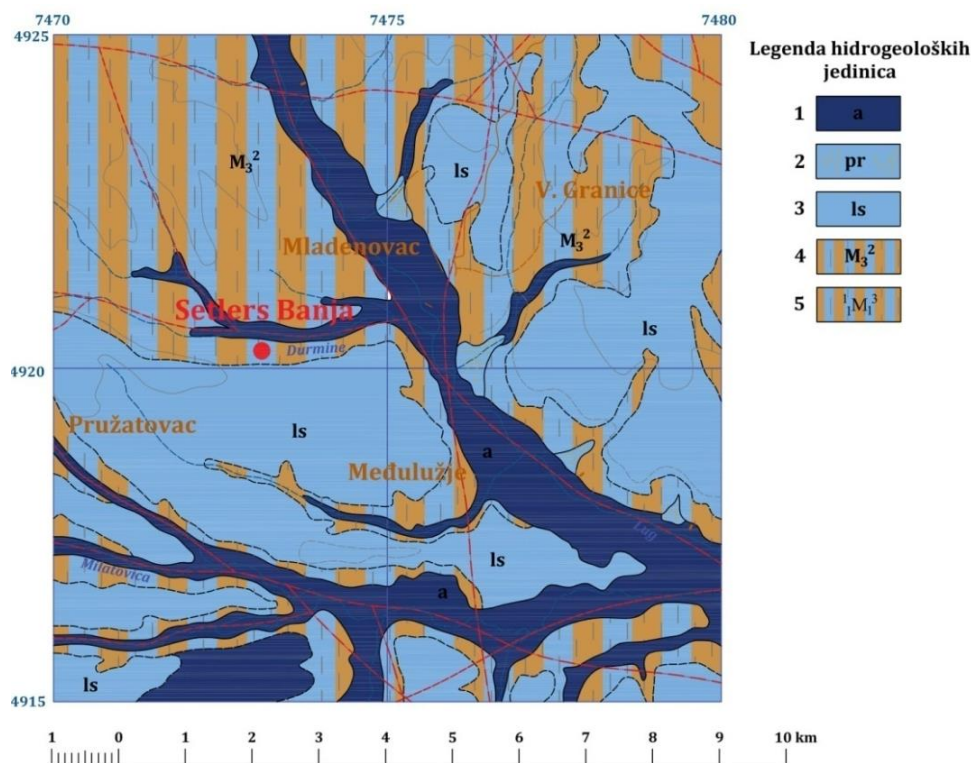
Legenda kartiranih jedinica: 1 – Aluvijum; 2 – Proluvijum (plavinski konus); 3 – Lesoidni sedimenti; 4 – Peskovi, peskovite gline i peščari (panon); 4 – Peskovi, peskovite gline, peščari (donji sarmat).

Legenda standardnih i topografskih oznaka: 1 – Normalna granica: utvrđena i pokrivena; 2 – Rased bez oznake karaktera: pokriven; 3 – Rased osmatran fotogeološki i na satelitskim snimcima; 4 – Reka; 5 – Sušica; 6 – Pojava mineralnih voda.

Ugljikisele vode⁶ Selters Banje vezane su za karstno-pukotinsku izdan (Filipović, 2003; Šaraba & Dimkić, 2019b) u donjekrednim krečnjacima predstavljenim slojevitim ili listastim varijetetima, odnosno ređe su zastupljeni masivni krečnjaci. Tektonski su oštećeni i dosta ispucali, te u određenim zonama rasprostranjenja poprilično čisti (Protić, 1995; Šaraba et al.,

⁶„Podzemna (mineralna) voda koja se karakteriše povišenim koncentracijama rastvorenog ugljen-dioksida (>250 mg/L)“ Dragišić & Polomčić (2009).

2018b; Šaraba & Dimkić, 2019b). Prihranjivanje karstno-pukotinske izdani jednim delom odvija se na račun infiltracije voda od atmosferskih padavina po obodnim delovima tercijarnog basena, budući da su donjekredni krečnjaci u ovim zonama basena rasprostranjeni na površini terena. Takođe, ne treba zanemariti ni mogućnost doticaja voda iz dubljih izdani (Čekić, 2013). Kaptirani intervali ugljikiselih mineralnih voda odgovaraju dubinama od 360 m do 1.150 m, a glavna bilansna izmena se odvija ispod 800 m i vezuje se za slabo karstifikovane stene karbonatnog porekla. Granica između hidrodinamičkih zona veoma usporenih procesa vodozamene i usporenih procesa vodozamene nalazi se na dubini ispod 1,3 km (Marinković et al., 2016). Na Slici 1.37 prikazani su zastupljeni tipovi izdani u neogenim i kvartranim sedimentima šireg područja Selters Banje.



Slika 1.37 Shematizovana hidrogeološka karta šireg područja Selters Banje (Geološka podloga: Pavlović et al., 1980; Hidrogeološka podloga: Čekić, 2013)*

Legenda hidrogeoloških jedinica: **Zbijeni tip izdani velikog potencijala:** 1 – Aluvijum; **Zbijeni tip izdani malog potencijala:** 2 – Proluvijum (plavinski konus); 3 – Lesoidni sedimenti; **Hidrogeološki kompleks:** 4 – Peskovi, peskovite gline i peščari (panon); 5 – Peskovi, peskovite gline, peščari (donji sarmat).

*Standardne i topografske oznake prikazane na hidrogeološkoj karti odgovaraju istim oznakama opisanim u sklopu Slike 1.36.

Na području banje postoji više istražnih bušotina (bunara) (Filipović, 2003), čije dubine iznose 816,4 m (bunar „IB-1“) (Protić, 1995), odnosno 1.150 m (bunar „IB-2“) (Marinković, 2014). U litološkom profilu bunara „IB-1“ registrovano je više vodonosnih zona na dubinama od 315-816,4 m, sa glavnim prilivima u intervalu od 780-816,4 m, dok su u profilu bunara „IB-2“ vodonosne zone registrovane u intervalu od 790-1.100 m (Čekić, 2013). Vrednosti koeficijenta transmisibilnosti za bunar „IB-1“ iznose $T_{sr} = 2,6 \times 10^{-4} \text{ m}^2/\text{s}$ za sniženje, odnosno za povratak nivoa $T_{sr} = 2,8 \times 10^{-4} \text{ m}^2/\text{s}$ (Čekić, 2013). Bunarom „IB-2“ dobijene su visoke koncentracije metana (Marinković, 2014). Na Slici 1.38 prikazana je česma u sklopu Selters Banje, sa koje su uzorkovane lekovite vode koje su bile analizirane u okviru predmetne doktorske disertacije. Prema Leku et al. (1922), mineralne vode Selters Banje koriste se za lečenje crevnih i stomaćnih bolesti, plućnog katara, itd., odnosno za iste

medicinske indikacije kojima pomažu i mineralni izvori čuvane banje Ems u Nemačkoj, Luhačovica u Češkoj, Roaja u Francuskoj, itd.



Slika 1.38 Česma za pijenje lekovitih mineralnih voda u sklopu Selters Banje

1.2.2 Magmatogeni masivi

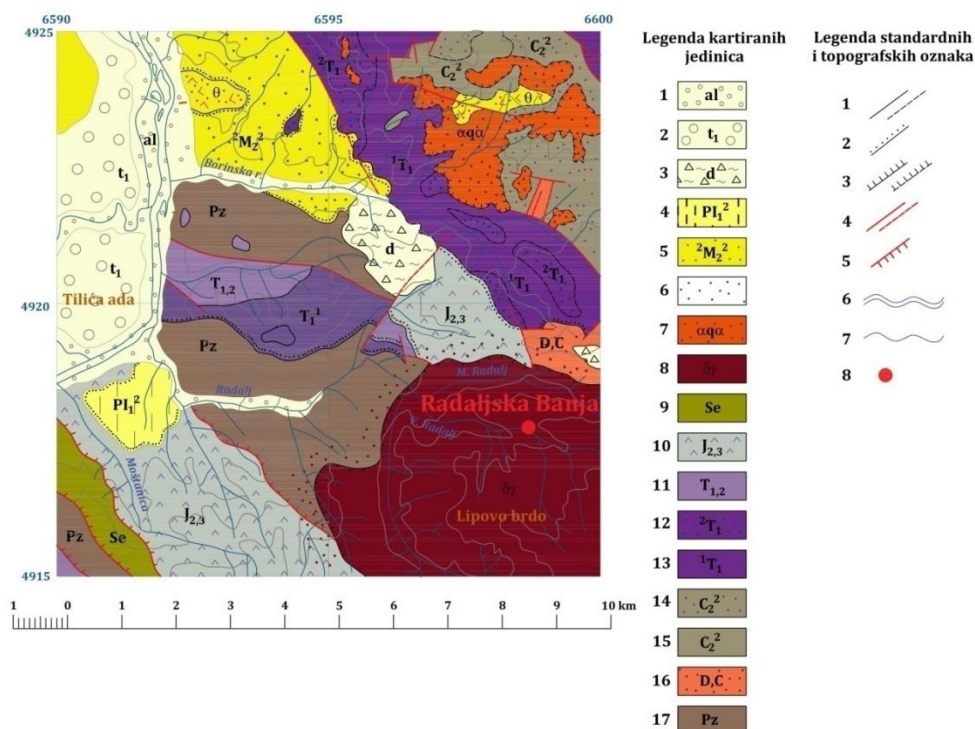
Hidrogeološki masivi, koji po genezi mogu biti magmatogeni, sedimentni i metamorfni, predstavljaju sveukupnost regionalnih bezvodnih i vodonosnih zona, razloma i delova masivnih stenskih kompleksa za koje je karakterističan jedinstven sistem geološkog razvoja sa specifičnim hidrogeološkim karakteristikama i procesima (Dragišić, 1997).

Na teritoriji Srbije, najintenzivnija faza vulkanske aktivnosti bila je u periodu od gornje krede do miocena, kada su stvarane velike mase najrazličitijih vulkanskih produkata, ujedno probijajući i pokrivajući najraznovrsnije stenske formacije, bilo da su u pitanju najstarije kristalaste stene ili pak mlađi tercijarni sedimenti (Protić, 1995). Eksplozivne vulkanske erupcije manifestovale su se kratkotrajnim bazaltnim izlivima, kao i eruptivnim fazama lave bogate silicijumom i vodenom parom, pri čemu je usled pražnjenja magmatskih rezervoara plićih delova Zemljine kore dolazilo i do sleganja tla, što je za posledicu imalo formiranje kaldera, tzv. cirkularnih depresija (Petrović Pantić, 2014). Najizraženije faze vulkanske aktivnosti bile su u delovima terena zapadne Srbije, te područjima centralnih i istočnih delova zemlje. Tako, za područje centralne Srbije karakteristični su ugašeni vulkani koji odgovaraju kenozojskoj starosti (Rudnik, Kotlenik, Borač, Lece, Trepča, Belo Brdo, Rogozna), dok su za područje zapadne Srbije karakteristični subakvatični ugašeni vulkani koji najčešće odgovaraju jurskoj starosti (Ovčarsko-kablarska klisura, Bistrica, Kuršumlija, Ždraljica). Za područje istočne Srbije, karakteristični su subaerski ugašeni vulkani kredne starosti (Krepoljin, Majdanpek, Bor) (Jemcov, 2019).

Hemijski sastav mineralnih voda magmatogenih (vulkanogenih) masiva predstavlja njihovu bitnu karakteristiku, budući da apsolutna starost ovih voda meri se i desetinama hiljada godina, što rezultuje dovoljno dugim vremenskim periodom za formiranje specifičnog hemijskog sastava u izdani odgovarajućeg petrološkog tipa (Protić, 1995). Tako, u okviru andezitskog masiva istočne Srbije i njegovog oboda izdvojene su hidrohemijske provincije hidrokarbonatnih voda u vulkanskim stenama i karbonatnim stenama oboda i provincije sulfatnih voda (Dragišić & Stevanović, 1994a).

1.2.2.1 Mineralne vode Radaljske Banje

U dolini Radaljske reke, na nadmorskoj visini od 250 m, u severozapadnom podnožju Boranjskog masiva, smeštena je Radaljska Banja, u čijoj geološkoj građi najzastupljeniji litološki član predstavljen je granodioritima oligocenske starosti koji su utisnuti u vidu fakolita kroz paleozojske i mezozojske stene (Protić, 1995). Oligocenska starost granodiorita, čija površina iznosi oko 80 km², širina oko 7 km i dužina oko 12 km, utvrđena je na osnovu K/Ar analiza biotita i hornblende. Na određenim delovima rasprostranjenja Boranjskog masiva formiran je granodioritski grus, debljine i do 5 m (Gordanić et al., 2004). Od drugih litoloških jedinica, zastupljene su paleozojske i mezojske tvorevine, te kvartarne naslage u vidu aluvijalnih i deluvijalnih tvorevina. Paleozojske tvorevine predstavljene su devon-karbonskim peščarima i škriljcima sa mestimičnim proslojcima krečnjaka, te permsko karbonatno-terigenim tvorevinama. Preko njih diskordantan položaj zauzimaju donjetrijaski peščari, breče i krečnjaci, te naposljetku srednjetrojaski krečnjaci. Preko srednjetrojskih krečnjaka, pretežno na jugozapadnom obodu granodioritskog masiva, rasprostranjena je dijabaz-rožnačka formacija jurske starosti (J_{2,3}), izgrađena od breča, peščara, dijabaza, rožnaca i kalkšista (Protić, 1995). Na Slici 1.39 prikazano je rasprostranje litoloških članova šireg područja Radaljske Banje.

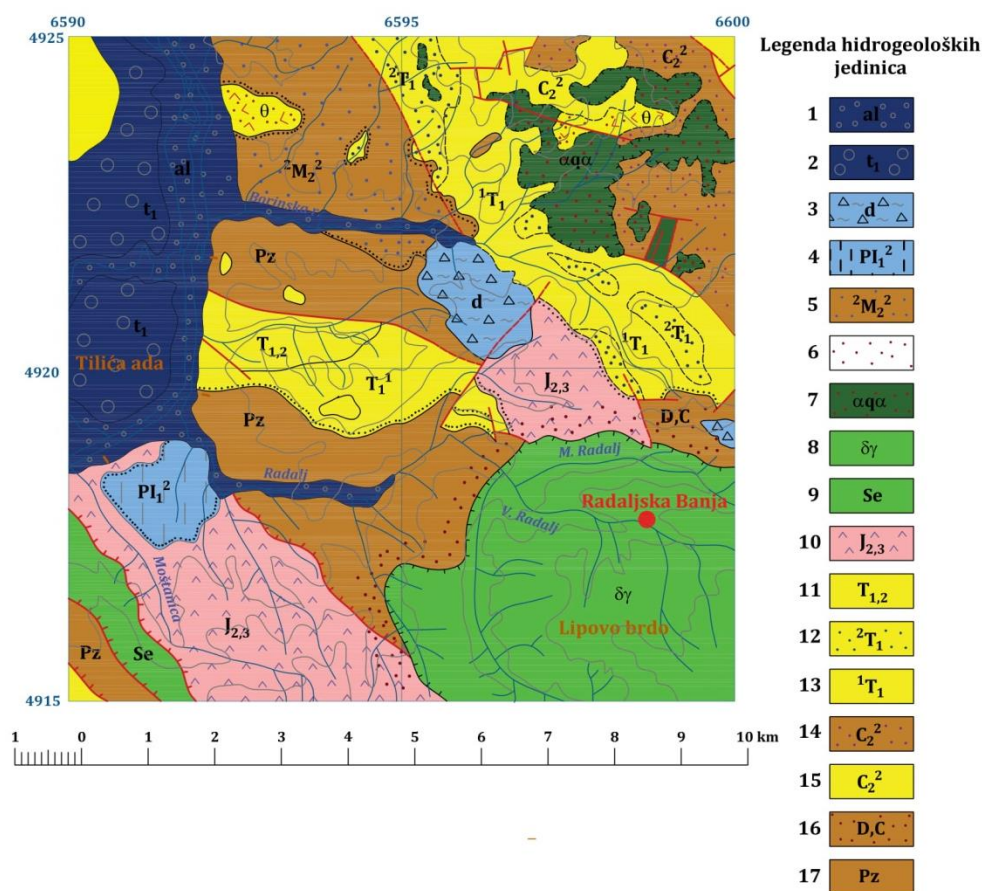


Slika 1.39 Shematizovana geološka karta šireg područja Radaljske Banje (Geološka podloga: Mojsilović et al., 1977)

Legenda kartiranih jedinica: 1 – Aluvijum; 2 – Peskovi i šljunkovi; 3 – Slabovezani gruboklastični materijal; 4 – Peskovi, gline i šljunkovi (portaferski potkat); 5 – Peščari, glinci i laporci (baden); 6 – Stene izmenjene metamorfnim procesima; 7 – Dacito-andeziti; 8 – Granodioriti i granodiorit-porfiriti; 9 – Serpentiniti; 10 – Breče, peščari, rožnaci i glinci; 11 – Masivni i pločasti krečnjaci, kvarciti i glineni škriljci; 12 – Krečnjaci, peščari i glinoviti škriljci; 13 – Slojeviti i bankoviti oolitični krečnjaci i peščari; 14 – Glineni škriljci i kvarcni peščari (baškirski kat); 15 – Tamnosivi krečnjaci (baškirski kat); 16 – Peščari, argilofiliti i filiti; 17 – Peščari, kvarciti, filiti i argilošisti.

Legenda standardnih i topografskih oznaka: 1 – Normalna granica: utvrđena i pokrivena ili aproksimativno locirana; 2 – Erozijska ili tektonsko-erozijska granica: utvrđena; 3 – Granica intruzivnog magmatskog tela: utvrđena i aproksimativno locirana; 4 – Rased bez oznake karaktera: sigurno utvrđen i pretpostavljen; 5 – Čelo navlake: utvrđeno; 6 – Veća reka; 7 – Potok (reka); 8 – Pojava mineralnih voda.

Sedimentne stene su paleozojske (devon-perm), mezozojske (trijas-jura) i kenozojske (miocen i holocen) starosti. Metamorfne stene su paleozojske i tercijarne starosti, dok su intruzivne i efuzivne stene tercijarne starosti. Na istočnom delu Boranjski granodioritski masiv graniči sa Drinsko-ivanjičkim paleozojskim kompleksom, dok na zapadu graniči sa dijabaz-rožnom formacijom jurske starosti. Na severu i delimično na jugo-istoku registrovani su dacito-andeziti debljine i do 100 m sa pojavom piroklastita (Gordanić et al., 2004). Granodioriti predstavljaju povlatne slojeve vodonosnim vulkanogenim tvorevinama rasprostranjenim u dubljim delovima terena, čime je formirana poluzatvorena hidrogeološka struktura, verovatno nastala kao rezultat fakolitske forme granodiorita. Takođe, odgovarajući hidrogeohemijski proračuni i fizičko-hemijske karakteristike mineralnih voda ukazuju na njihovo poreklo iz vulkanskih stena (Protić, 1995), odnosno ustanovljena je veza izdani sa rasednim strukturama i pukotinskim sistemima na različitim dubinama u samom granodiortiskom masivu (Gordanić et al., 2004). Na Slici 1.40 prikazani su zastupljeni tipovi izdani šireg područja Radaljske Banje.



Slika 1.40 Shematizovana hidrogeološka karta šireg područja Radaljske Banje (Geološka podloga: Mojsilović et al., 1977)*

Legenda hidrogeoloških jedinica: **Zbijeni tip izdani velikog potencijala:** 1 – Aluvijum; 2 – Peskovi i šljunkovi; **Zbijeni tip izdani malog potencijala:** 3 – Slabovezani gruboklastični materijal; 4 – Peskovi, gline i šljunkovi (portaferski potkat); **Pukotinski tip izdani velikog potencijala:** 7 – Dacito-andeziti; **Pukotinski tip izdani malog potencijala:** 8 – Granodioriti i granodiorit-porfiriti; 9 – Serpentiniti; **Složeni tip izdani:** 10 – Breče, peščari, rožnaci i glinci; **Karstni tip izdani:** 11 – Masivni i pločasti krečnjaci, kvarciti i glineni škriljci; 12 – Krečnjaci, peščari i glinoviti škriljci; 13 – Slojeviti i bankoviti oolitični krečnjaci i peščari; 15 – Tamnosivi krečnjaci (baškirski kat); **Uslovno-bezvodni delovi terena:** 5 – Peščari, glinci i laporci (baden); 14 – Glineni škriljci i kvarcni peščari (baškirski kat); 16 – Peščari, argilofiliti i filiti; 17 – Peščari, kvarciti, filiti i argilošisti.

*Standardne i topografske oznake prikazane na hidrogeološkoj karti odgovaraju istim oznakama opisanim u sklopu Slike 1.39.

U sklopu banje, postoji više istražnih bušotina dubina od 100-400 m i više izvora mineralnih voda (Filipović, 2003). Dubina istražne bušotine „B-1“, kojom je dobijena termalna voda temperature od 28,5°C, iznosi 200 m. Istražnom bušotinom „B-2“, čija dubina iznosi 160 m, dobijene su termalne vode temperature od 26°C. Međutim, samoizliv iz ove bušotine je prestao tokom 1982. godine. Istražnom bušotinom „B-3“, dubine od 102 m, kaptirane su termalne vode sa subarteskim nivoom. Tokom 1990. godine, izbušena je istražna bušotina dubine od oko 400 m, pri čemu su duž celokupnog litološkog profila nabušeni granodioriti. Kapacitet samoizliva iznosio je 6 L/s, dok je temperatura mineralnih voda bila 30°C. Izvođenjem ove istražne bušotine prestao je samoizliv iz istražne bušotine „B-1“, te presušio prirodni mineralni izvor na području banje (Protić, 1995). Na levoj obali Crnog Radalja nalaze se kaptirani mineralni izvori. Izdašnost glavnog izvora Slatina iznosi 0,3 L/s, dok je temperatura mineralne vode 24°C. Takođe, istražnim bušenjem registrovan je izvor sumporovite mineralne vode kapaciteta od 12,5 L/s i temperature od 28°C (Milićević, 2011). Na Slici 1.41 prikazana je česma u sklopu Radaljske Banje, sa koje su uzorkovane mineralne vode koje su bile analizirane u okviru predmetne doktorske disertacije.



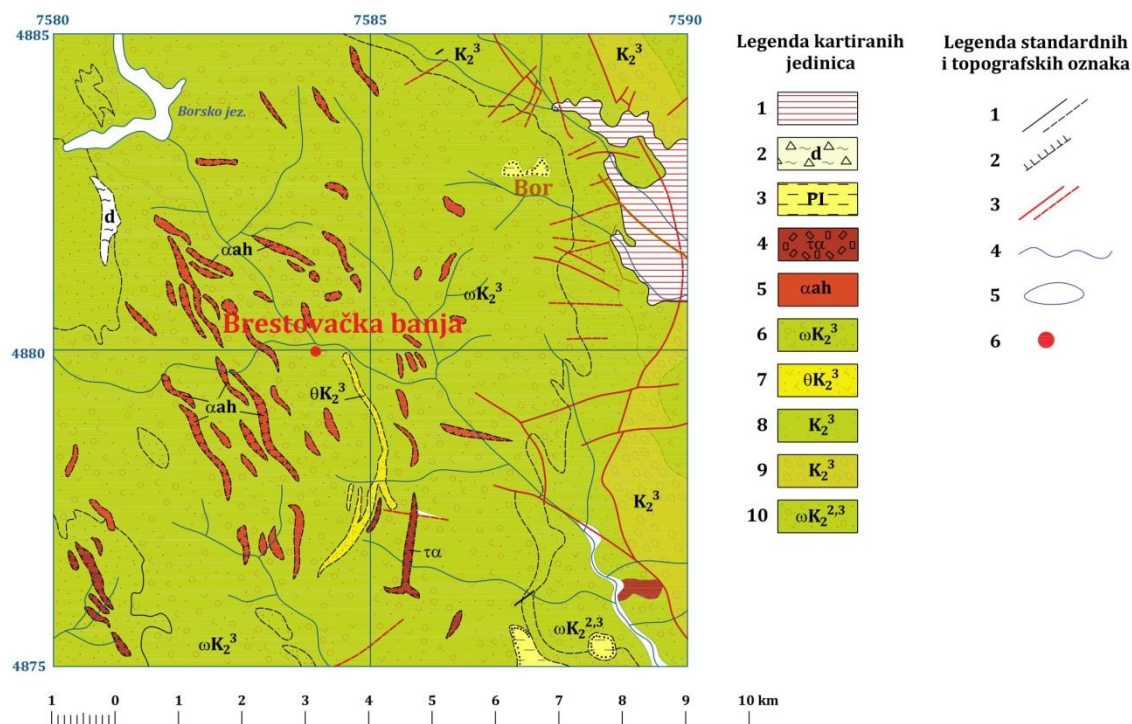
Slika 1.41 Česma mineralnih voda (Radaljska Banja)

Nekada se Radaljska Banja nazivala „Radaljska sumpornjača“, zbog povišenog sadržaja sumpor-vodika koji mineralnoj vodi daje karakteristična svojstva. Prvi pisani tragovi o lekovitom dejstvu mineralnih izvora Radaljske Banje datiraju još od 1900 godine (Milićević, 2011).

1.2.2.2 Mineralne vode Brestovačke Banje

Na ušću Banjske reke u Brestovačku reku smeštena je Brestovačka Banja, poznata još iz rimskog doba, na udaljenosti od oko 5 km jugozapadno od Bora. U geološkoj građi područja istraživanja učestvuju stene andezit-bazaltne asocijacije predstavljene piroksen i piroksen-hornblenda andezitima, vulkanskim brečama i aglomeratima, tufovima i tufitima. Istočno od banje, zastupljene su vulkanske stene timocitske asocijacije, dok su zapadno i severozapadno od banje rasprostranjene mestimično orudnjene i hidrotermalno izmenjene stene andezit bazaltne asocijacije, uz koje se na pojedinim lokalitetima javljaju i laramijski plutoniti

(Dragišić et al., 1994). Hidrotermalne promene stena su rezultat kaolinizacije, hloritizacije, sulfatizacije, alunitizacije, zeolitizacije, kalcitizacije i piritizacije, a za ovaj kompleks vezuju se i pojave bakrove mineralizacije (Dragišić & Stevanović, 1994b). Na Slici 1.42 prikazano je rasprostranjenje litoloških članova šireg područja Brestovačke Banje.



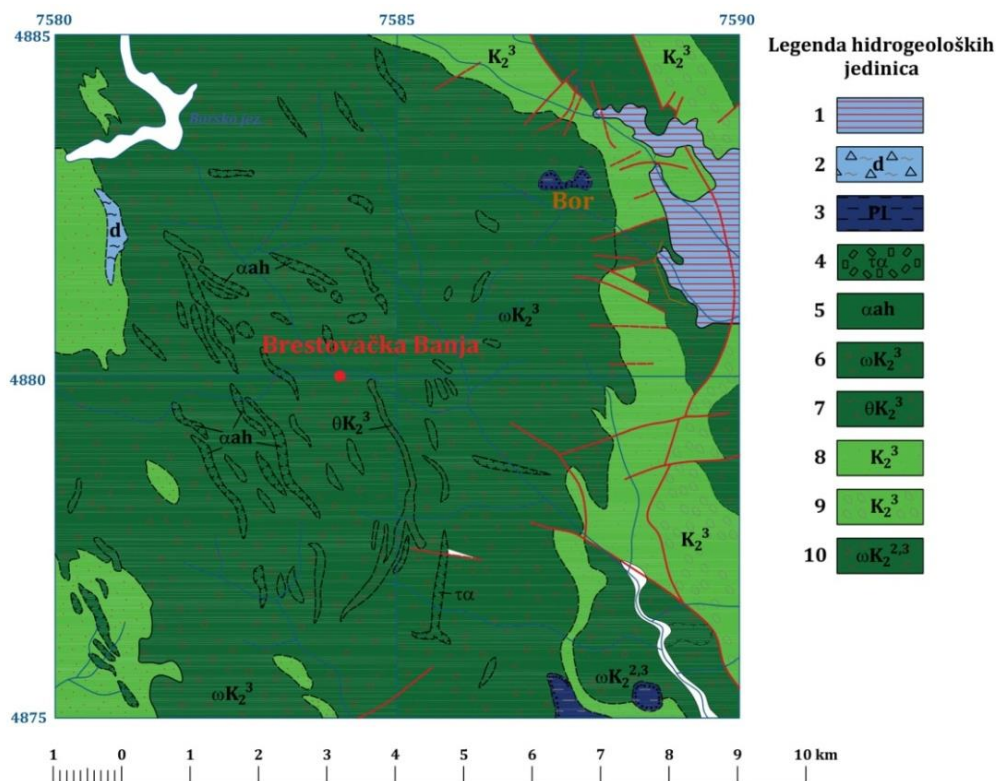
Slika 1.42 Shematizovana geološka karta šireg područja Brestovačke Banje (Geološka podloga: Antonijević et al., 1976)

Legenda kartiranih jedinica: 1 – Jalovište; 2 – Deluvijum; 3 – Peskovi i šljunkovi; 4 – Latiti i trahibazalti; 5 – Augit-hornblenda i hornblenda andeziti II faze; 6 – Aglomerati i breče augit-hornblenda i hornblenda andezita; 7 – Tufovi i tufiti; 8 – Borski peliti; 9 – Konglomerati i peščari; 10 – Aglomerati i breče andezita i dacita.

Legenda standardnih i topografskih oznaka: 1 – Normalna granica: utvrđena i pokrivena ili aproksimativno locirana; 2 – Granica magmatskog tela; 3 – Rased bez oznake karaktera: osmatran, pokriven; 4 – Potok (reka); 5 – Jezero; 6 – Pojava mineralnih voda.

Mineralne vode Brestovačke Banje vezuju se za područje Timočkog andezitskog masiva („senonski tektonski rov“). Pružanje senonskog tektonskog rova na dužini većoj od 50 km odgovara pravcu SSZ-JJI. U okviru rova, markantni su regionalni rasedi (pečko-svrljiški i zlotski) pravca pružanja SZ-JI (stariji longitudinalni rasedni sistem) i I-Z (SI-JZ) (mlađi transverzalni rasedni sistem). Registrovano je više od 50 diskontinuiteta dužine iznad 10 km, dok su neki diskontinuiteti duži od 150 km (Dragišić & Stevanović, 1994b). Na Slici 1.43 prikazani su zastupljeni tipovi izdani šireg područja Brestovačke Banje.

Sa aspekta geneze, prema Dragišiću et al. (1994), mineralne vode vezuju se za duboke delove hidrotermalno izmenjenih stena, pri čemu se cirkulacija voda ostvaruje duž rasednih struktura kada se zagrevavaju do oko 40°C i poniru do dubina od oko 1.000 m. Dragišić & Stevanović (1994a) navode da u okviru zone ukrštanja razlomnih struktura orijentacije SSZ-JJI i I-Z dolazi do isticanja mineralnih voda, pri čemu se najveći broj izvora vezuje za centralni deo banje na desnoj i levoj obali Banjske reke. Leko et al. (1922) ukazuju na vezu mineralnih voda i pukotinskih sistema formiranih u andezitskim masama na mestu ukrštanja Crnovrške reke i potoka Pujice u Banjsku reku.



Slika 1.43 Shematizovana hidrogeološka karta šireg područja Brestovačke Banje (Geološka podloga: Antonijević et al., 1976)*

Legenda hidrogeoloških jedinica: **Zbijeni tip izdani velikog potencijala**; 3 – Peskovi i šljunkovi; **Zbijeni tip izdani malog potencijala**: 1 – Jalovište; 2 – Deluvijum; **Pukotinski tip izdani malog potencijala**: 8 – Borski peliti; 9 – Konglomerati i peščari; **Pukotinski tip izdani velikog potencijala**: 4 – Latiti i trahibazalti; 5 – Augit-hornblenda i hornblenda andeziti II faze; 6 – Aglomerati i breče augit-hornblenda i hornblenda andezita; 7 – Tufovi i tufiti; 10 – Aglomerati i breče andezita i dacita.

*Standardne i topografske oznake prikazane na hidrogeološkoj karti odgovaraju istim oznakama opisanim u sklopu Slike 1.42.

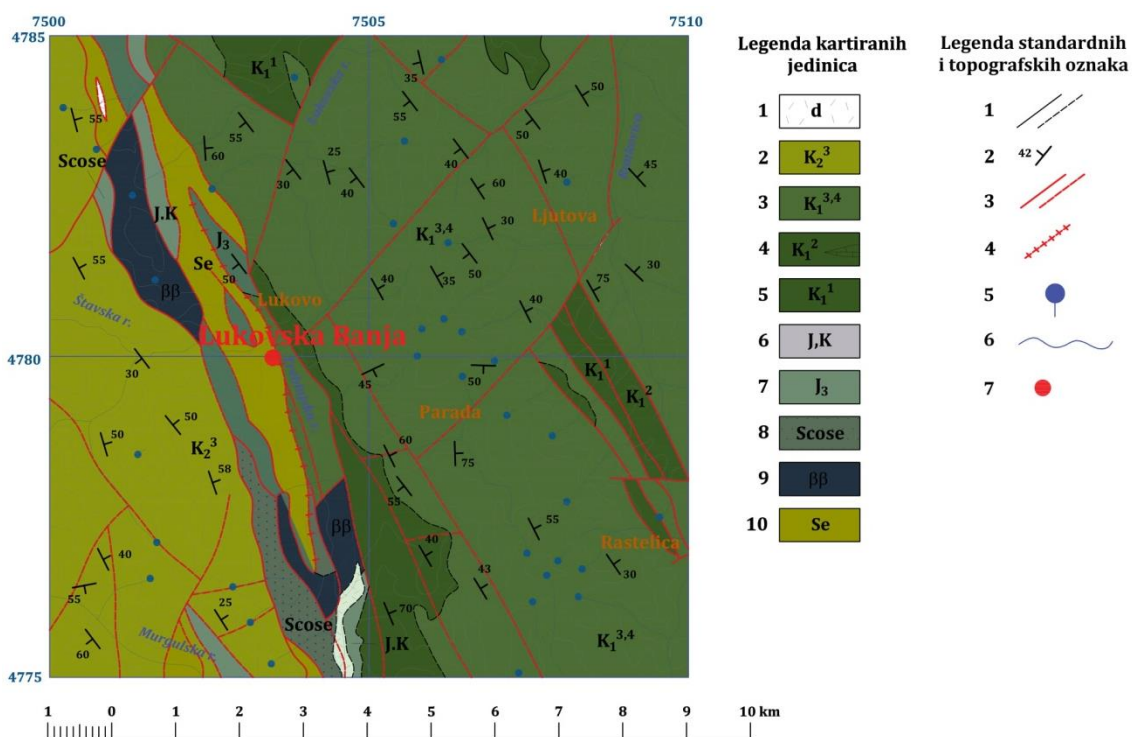
Na Slici 1.44 prikazan je kaptirani objekat „Voda za živce“, sa koga su uzorkovane mineralne vode koje su bile analizirane u sklopu predmetne doktorske disertacije.



Slika 1.44 Kaptirani izvor „Voda za živce“ (Brestovačka Banja)

1.2.2.3 Mineralne vode Lukovske Banje

Lukovska Banja spada u najviše banje Srbije sa nadmorskom visinom od 681 m. Imajući u vidu broj pojava hipertermalnih voda, smatra se da Lukovska Banja predstavlja najbogatije izvorište u Srbiji, a vrlo moguće i na Balkanskom poluostrvu (Gašić et al., 2012). Smeštena je na udaljenosti od oko 35 km od gradskog centra Kuršumlije, u istočnom podnožju planine Kopaonika, sa izuzetno kompleksnom geološkom građom kao rezultat složenih geoloških odnosa litoloških članova (Protić, 1995). Serpentiniti su karakteristični za zone tektonizovanih područja i mogu biti karbonitizirani, silifikovani, hidrotermalno izmenjeni i delom orudnjeni (Malešević et al., 1980a). Sa stenama dijabaz-rožne formacije grade izdužene zone tektonski poremećene između ofiolita i vulkanita na zapadu i naslaga donjokredne starosti na istoku (Protić, 1995). Stene titon-valendske starosti, debljine od oko 100 m, karakteriše izražen tektonski odnos sa drugim litološkim članovima, dok se stene senonske starosti, kao rezultat intenzivnih tektonskih aktivnosti tokom epoha geološke prošlosti, javljaju u uzanom pojasu debljine od oko 350 m (Malešević et al., 1980a). Na Slici 1.45 prikazano je rasprostranjenje litoloških članova šireg područja Lukovske Banje.



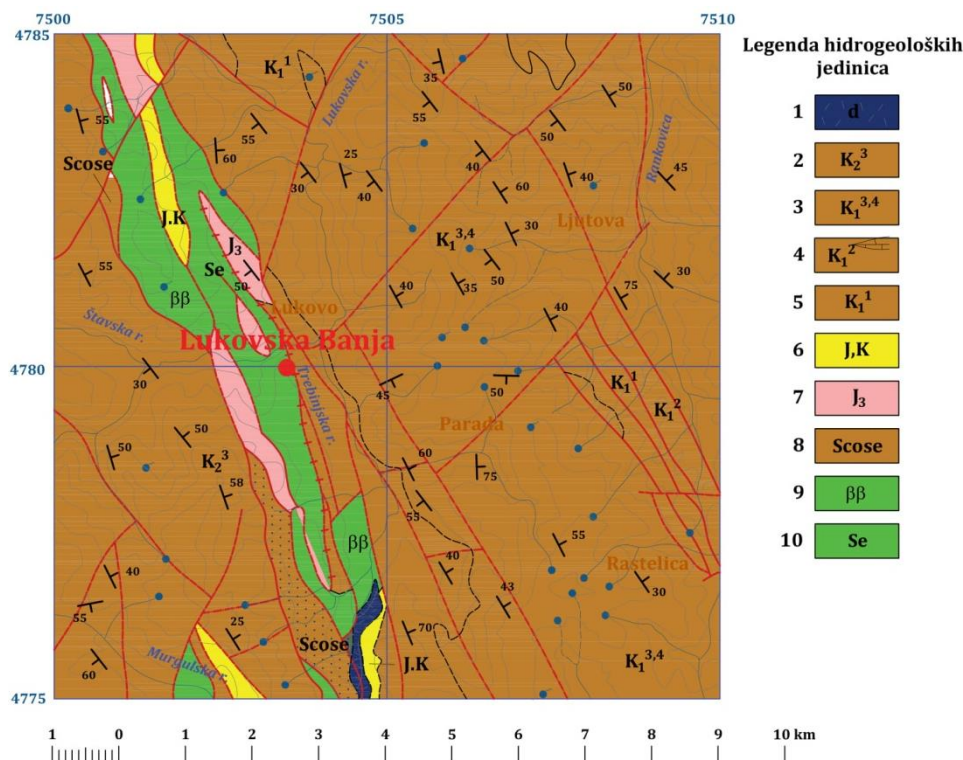
Slika 1.45 Shematizovana geološka karta šireg područja Lukovske Banje (Geološka podloga: Malešević et al., 1980b)

Legenda: 1 – Deluvijum; 2 – Alevroliti, laporci i laproviti krečnjaci (senon); 3 – Alevroliti, peščari i laporci (barem-apt); 4 – Alevroliti, peščari, laporci i krečnjaci (otriv); 5 – Mikrokonglomerati i peščari (valendis); 6 – Masivni i slojeviti krečnjaci; 7 – Dijabaz-rožnačka formacija: peščari, krečnjaci, rožnaci i glinci; 8 – Sericit-hloritski škriljci; 9 – Dijabazi; 10 – Serpentiniti.

Legenda standardnih i topografskih oznaka: 1 – Normalna granica: utvrđena, pokrivena ili aproksimativno locirana; 2 – Elementi pada; 3 – Rased (sigurno utvrđen ili pretpostavljen); 4 – Dijapirski kontakt; 5 – Izvor; 6 – Potok (reka); 7 – Pojava mineralnih voda.

Na području banje, registrovano je više mineralnih izvora, te više bunara dubine od 100-870 m (Filipović, 2003). Pojave mineralnih voda vezuju se za zonu ukrštanja longitudinalne rasedne strukture orijentacije SSZ-JJI i transverzalne rasedne strukture orijentacije Z-I. Isticanje se ostvaruje na delu terena od oko 400 m, sa obe strane Štavske reke,

kao i u samom koritu istoimenog vodotoka. 20 mineralnih izvora i dva bunara vezuju se za Gornju banju na zapadu, dok se 13 mineralnih izvora i dva bunara vezuju za Donju banju na istoku. Izdašnost mineralnih izvora Gornje banje je u dijapazonu od 11-18 L/s, sa temperaturom od 24-57°C, dok je izdašnost mineralnih izvora Donje banje u intervalu od 42,5-60 L/s, sa temperaturom mineralnih voda od 22-56°C (Maćejka, 2005). Na Slici 1.46 prikazani su zastupljeni tipovi izdani šireg područja Lukovske Banje.



Slika 1.46 Shematizovana hidrogeološka karta šireg područja Lukovske Banje (Geološka podloga: Malešević et al., 1980b)*

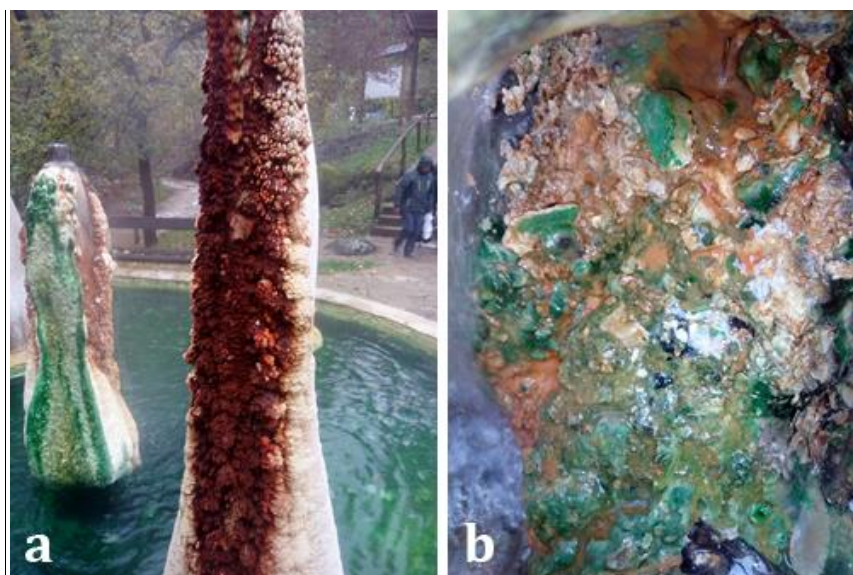
Legenda hidrogeoloških jedinica: **Zbijeni tip izdani:** 1 – Deluvijum; **Karstni tip izdani:** 6 – Masivni i slojeviti krečnjaci; **Pukotinski tip izdani:** 9 – Dijabazi; 10 – Serpentiniti; **Složeni tip izdani:** 7 – Dijabaz-rožnačka formacija: pečari, krečnjaci, rožnaci i glinci; **Uslovno-bezvodni delovi terena:** 2 – Alevroliti, laporci i laproviti krečnjaci (senon); 3 – Alevroliti, peščari i laporci (barem-apt); 4 – Alevroliti, peščari, laporci i krečnjaci (otriv); 5 – Mikrokonglomerati i peščari (valendis); 8 – Sericit-hloritski škriljci.

*Standardne i topografske oznake prikazane na hidrogeološkoj karti odgovaraju istim oznakama opisanim u sklopu Slike 1.45.

Primarna hidrogeološka struktura u okviru koje se odvija akumulacija i obnavljanje mineralnih voda Lukovske Banje nije jasno definisana, budući da se pozicija bunara u okviru banje vezuje za zonu pražnjenja ove hidrogeološke strukture, na kontaktu donjokrednih naslaga Gledića i ofiolita. Zbog toga je nepoznato da li se rasprostranjenje mineralnih voda vezuje za delove terena istočno ili zapadno od ove zone. Izvođenjem bunara nije dobijena temperatura mineralnih voda koja bi odstupala u odnosu na prirodne mineralne izvore. Na osnovu hemijskog sastava voda, zaključeno je da se u odgovarajućem vremenskom periodu mineralne vode zadržavaju u izdanima u okviru krečnjaka, dolazeći u kontakt sa serpentinitima na šta sugerišu izvesni sadržaji jona Mg^{2+} u vodi. Uz to, odvija se i interakcija mineralnih voda sa stenama vulkanskog porekla, na šta ukazuje sadržaj gasa H_2S i prisustvo drugih mikroelementa. Imajući u vidu hemijski sastav mineralnih voda, zaključeno je da se mineralne vode vezuju za delove terena zapadno od banje, u okviru stena vulkanskog porekla, pri čemu je reversnim kretanjem litoloških članova jurske i kredne starosti ka zapadu prekriveno ležište mineralnih voda (Protić, 1995). O genezi mineralnih voda Lukovske Banje

postoje suprotna mišljenja, pri čemu neke tvrdnje ukazuju da infiltracijom atmosferskih voda u dublje delove Zemljine kore ove vode se zagrevaju, obogaćuju mineralima i gasovima, pri čemu uzlaznim kretanjem duž raseda dolazi do njihovog pojavljivanja na kontaktu serpentinita sa krečnjacima i hidrokvarcitima. Prema drugih shvatanjima, mineralne vode sadrže sve hemijske elemente koji odlikuju vulkanske vode „šumadijskog tipa“, odnosno prisutan je uticaj „kopaoničkog“ mladog vulkanizma (Maćejka, 2005).

U zonama isticanja mineralnih voda Lukovske Banje česta je pojava taloženja naslaga inkrustacije mrke, žute i zelene boje, kao rezultat fizičko-hemijskih karakteristika mineralnih voda (Maćejka, 2005). Razvoj naslaga inkrustacije, koje se talože u matriksu sa biofilmovima u okviru zona isticanja mineralnih voda Lukovske Banje, prikazan je na Slikama 1.47a i 1.47b.

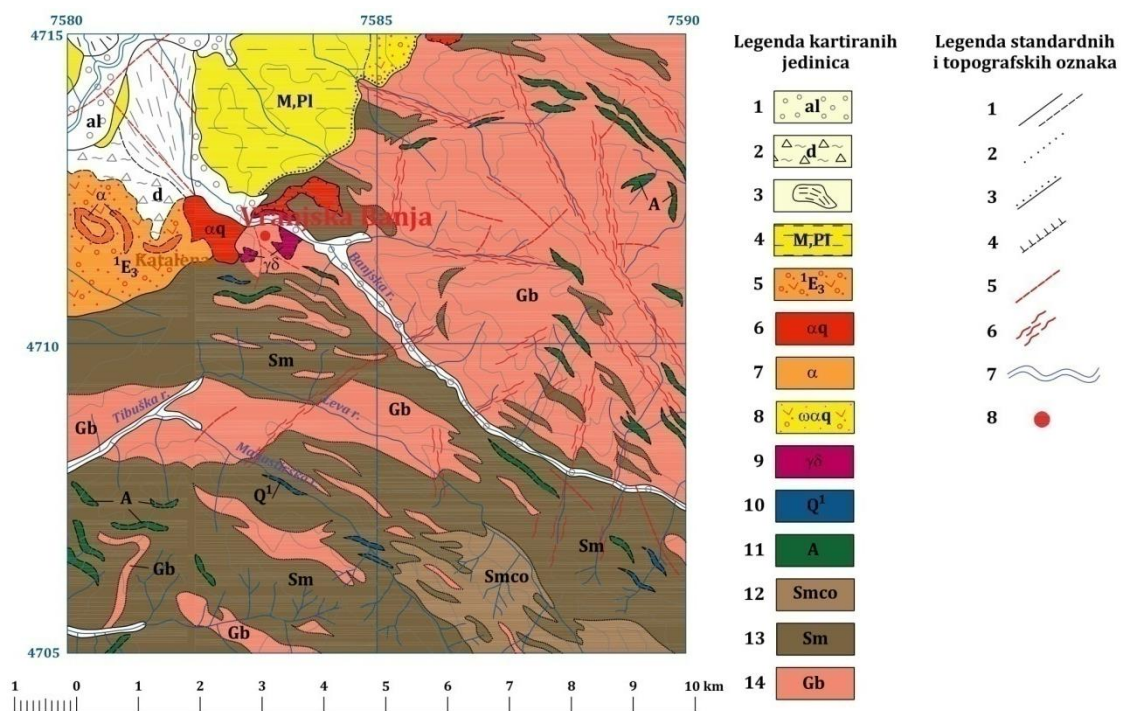


Slika 1.47 Taloženje naslaga inkrustacije i razvoj biofilмова u zonama isticanja mineralnih voda Lukovske Banje (a, b)

1.2.2.4 Mineralne vode Vranjske Banje

U klisurastoj i uskoj dolini Banjske reke, istočno od gradskog centra Vranje na oko 10 km, smeštena je Vranjska Banja, na nadmorskoj visini od 390-400 m, sa sačuvanim ostacima vulkanske aktivnosti, budući da je vulkanski centar bio u rejonu same banje (Protić, 1995). U geološkoj građi područja banje, najzastupljeni su gnajsevi i vulkaniti, što se uočava sa Slike 1.56. Leko et al. (1922) ukazuju na rasprostranjenje škriljaca sa probojima mlađih eruptivnih stena u zoni banje, dok trahitna masa preseca liskunski škriljac pružajući se nadalje kroz metamorfite u okviru kojih su registrovani mineralni izvori, razlikujući se svi međusobno po sadržaju rastvorenih mineralnih sastojaka.

Formiranje savremene depresije banje nastalo je kao rezultat kolapsa vulkanskog kratera sa delom vulkanske kupe duž obodnog raseda kojim je izvršeno tonjenje centralnog dela kupe. Danas, ovaj rased maskiraju pojave mineralnih voda, dok je na zapadu rased maskiran vulkanskim nekom Šuplji kamen. Formiranjem tektonskog rova Južne Morave izmenjen je prvobitni kružni, odnosno elipsasti oblik savremene depresije banje ispunjene naslagama neogenih i kvartarnih tvorevina. U profilu vulkanske kupe, na mestu gde su sačuvani erozioni ostaci kupe prema Katalencu, smenjuju se tufovi, vulkanske breče, aglomerati, lavični slivovi, itd., pri čemu sa udaljavanjem od banje kupastu formu zaplavljuju eocenske sedimentno-vulkanogene tvorevine (Protić, 1995). Rasprostranjenje litoloških članova šireg područja Vranjske Banje prikazano je na Slci 1.48.

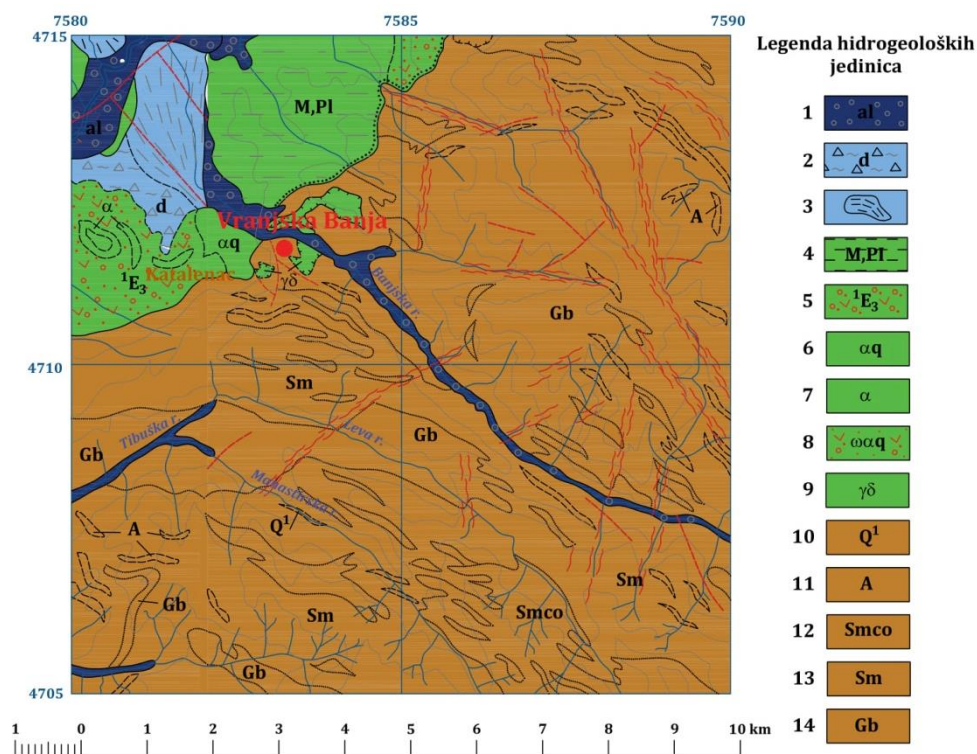


Slika 1.48 Shematizovana geološka karta šireg područja Vranjske Banje (Geološka podloga: Babović & Cvetković, 1977; Terzin et al., 1977)

Legenda kartiranih jedinica: 1 – Aluvijum; 2 – Deluvijum; 3 – Proluvijum-facija plavinskih konusa; 4 – Slabo vezani peščari i konglomerati; 5 – Piroklastiti: vulkanski aglomerati, breče i tufovi; 6 – Daciti; 7 – Andeziti; 8 – Piroklastiti amfibolskih dacita; 9 – Granodioriti; 10 – Kvarciti; 11 – Amfibolski metamorfiti; 12 – Mikašisti i leptinoliti; 13 – Muskovit-hloritski škriljci; 14 – Liskunski gnajsevi.

Legenda standardnih i topografskih oznaka: 1 – Normalna granica: utvrđena i pokrivena ili aproksimativno locirana; 2 – Postupan litološki prelaz; 3 – Erozijska ili tektonsko-erozijska granica: utvrđena; 4 – Granica magmatskog tela utisnutog u okolne stene; 5 – Rased; 6 – Rasedna zona; 7 – Veća reka; 8 – Pojava mineralnih voda.

Sa aspekta akumulacije mineralnih voda, posebno je značajan hidrogeološki kompleks formiran u okviru paleozojskih škriljica predstavljenih gnajsevima koji se mestimično smenjuju sa mikašistima, leptinolitima i amfibolskim škriljcima. Usled tektonske oštećenosti ove stene tokom vremena su omogućile rasprostranjenje vodonosnih horizonata različitog stepena produktivnosti. Isticanje mineralnih voda vezuje se za rasednu zonu Katalenac. Takođe, za pružanje terciarnog raseda paralelnog Južnoj Moravi vezuju se zone intenzivnog razlamanja stenskog kompleksa granita, granodiorita, andezita, škriljaca, itd., duž kojih se ostvaruje cirkulacija mineralnih voda, što za posledicu ima silifikaciju i kaolinizaciju stenskog matriksa (Petrović Pantić, 2014). Zastupljeni tipovi izdani šireg područja Vranjske Banje prikazani su na Slici 1.49.



Slika 1.49 Shematizovana hidrogeološka karta šireg područja Vranjske Banje (Geološka podloga: Babović & Cvetković, 1977; Terzin et al., 1977)*

Legenda hidrogeoloških jedinica: **Zbijeni tip izdani velikog potencijala:** 1 – Aluvijum; **Zbijeni tip izdani malog potencijala:** 2 – Deluvijum; 3 – Proluvijum-facija plavinskih konusa; **Pukotinski tip izdani:** 4 – Slabo vezani peščari i konglomerati; 5 – Piroklastiti: vulkanski aglomerati, breče i tufovi; 6 – Daciti; 7 – Andeziti; 8 – Piroklastiti amfibolskih dacita; 9 – Granodioriti; **Uslovno-bezvodni delovi terena:** 10 – Kvarciti; 11 – Amfibolski metamorfiti; 12 – Mikašisti i leptinoliti; 13 – Muskovit-hloritski škriljci; 14 – Liskunski gnajsevi.

*Standardne i topografske oznake prikazane na hidrogeološkoj karti odgovaraju istim oznakama opisanim u sklopu Slike 1.48.

Na području banje postoji više mineralnih izvora i bunara, čija dubina je u intervalu od 7 m do 1.600 m (Filipović, 2003). Ujedno, mineralne vode banje predstavljaju najtopliju pojavu na teritoriji Srbije, sa temperaturnim vrednostima koje dostižu i do 111°C (samoizliv na bunaru „VG-2“) (Petrović Pantić, 2014). Tri su moguća uzroka povišenih temperatura mineralnih voda: i) položaj banje vezuje se za zapadnu granicu Rodopske mase u okviru zone koja je još uvek tektonski aktivna, ii) položaj banje vezuje se za zonu mladog vulkanizma, iii) mineralne vode su rasprostranjene u okviru prostranih riftova (Denda, et al., 2019). Ukupan kapacitet svih registrovanih pojava na području banje iznosi oko 100 L/s (Petrović Pantić, 2014), čije karakteristike su detaljno prikazane u Tabeli 1.15.

Izotopskim ispitivanjima 150 uzoraka mineralnih voda, stena, tla i vegetacije (D, ¹⁸O, ³H, ¹³C, ¹⁴C) u periodu od 1986. do 1989. godine, zaključeno je da su mineralne vode Vranjske Banje infiltracionog porekla, sa zonom infiltracije čija nadmorska visina dostiže preko 700 m. Poniranje voda odvija se kroz surdulički granodioritski masiv, duž pukotinskih sistema, pri čemu se formira više „podakvifera“, u kojima se vode zadržavaju u različitim vremenskim periodima (Protić, 1995). Na slične navode ukazuju i drugi autori, koji navode da se prihranjivanje mineralnih voda Vranjske Banje ostvaruje na delovima terena iznad 1.100 m nadmorske visine, odnosno iznad 500 m nadmorske visine. Imajući u vidu novije izotopske analize, zaključuje se da je zona prihranjivanja mineralnih voda banje iznad 800 m nadmorske visine, odnosno dubina cirkulacije mineralnih voda iznosi od 1,7 km do 2,1 km (Petrović Pantić, 2014).

Tabela 1.15 Karakteristike mineralnih voda Vranjske Banje (Preuzeto od: Denda et al., 2019)*

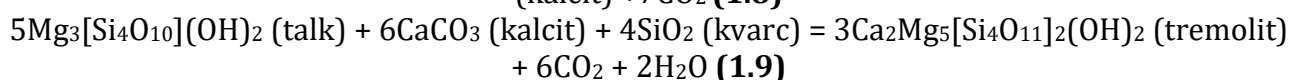
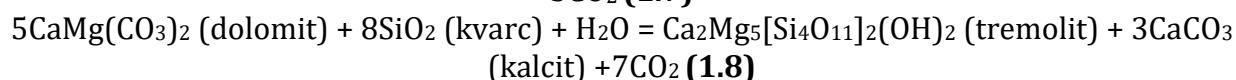
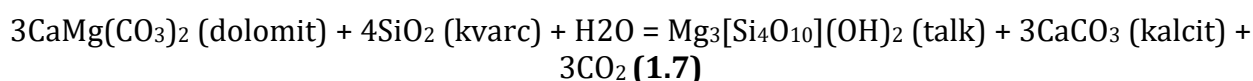
Naziv pojave	Volumetrijski protok, V (m ³ s ⁻¹)	Dubina (m)	Izlazna temperatura, T _s (°C)	Toplotna snaga, Q _t (MW _t)	Energija, E (TJ po godini)
Gornji izvor	1,2	-	78	2,91	9,18
Izvor A-1	0,5	25	91	1,48	4,67
Izvor A-2	1,0	25	84	2,67	8,42
Izvor A-3	2,1	20	91	6,24	19,67
Izvor B-1	1,5	120	87	4,20	13,24
Izvor B-1b	2,0	26	92	6,02	18,98
Izvor B-2	1,0	7	96	3,18	10,02
VG-2	26,0	1,063	111	9,90	312,20
VG-3	21,5	1,603	98	7,01	221,07
Akumulacioni kanal	70,0	-	84	18,75	-
Ukupno	126		78-111	62,36	617,45

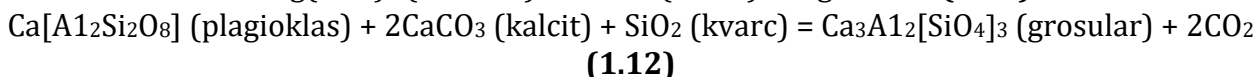
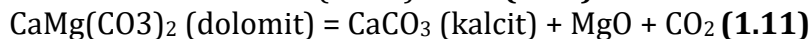
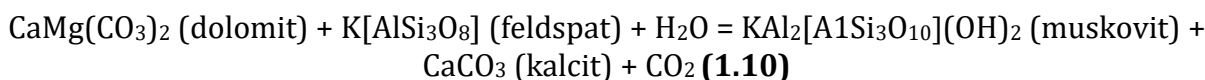
*Podaci dobijeni od strane Javnog preduzeća uprave banje. Toplotna snaga izvora (Q_T) se određuje uzimajući u obzir srednju temperaturu vazduha od T₀ = 20°C kao relevantnu vrednost, na primer: Q_t = m c_p (T_s - T₀), gde m (kgs⁻¹) označava protok mase, određen kao rezultat volumetrijskog protoka V (m³s⁻¹), (1 m³/s = 103 L/s), i gustine vode (ρ) (kgm⁻³) pri izlaznoj temperaturi vode (T_s), dok c_p = 4186 J/kgK predstavlja specifični kapacitet vode. Energija izvora (E) (J) tokom godine se određuje kao: E = Q_tD_t, gde je D_t (s) = 365 × 24 × 3600.

1.2.3 Oblasti metamorfita

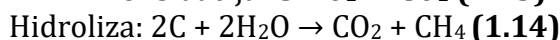
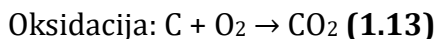
U geološkoj građi oblasti metamorfita učestvuju kristalasti škriljci različitog stepena metamorfizma, uglavnom paleozojske i prekambrijumske starosti, ujedno čineći geološku osnovu celom terenu teritorije Srbije. Metamorfne stene se mestimično pojavljuju na površini terena, kada tektonskim pokretima bivaju izdignute, najčešće utiskivanjem granitoidnih intruzija. Potom, usled erozionih procesa mlađih sedimenata nataloženih preko njih bivaju otkrivene, kao što je to slučaj u mnogim brdskim i planinskim područjima. Ujedno, ovakve terene karakterišu i brojni diskontinuiteti stenske mase, uglavnom nastali kao posledica utiskivanja plutonita, koji nakon toga postaju vodonosni. Osnovna karakteristika mineralnih voda oblasti metamorfita jeste prisustvo sadržaja ugljen-dioskida (Protić, 1995), koji na svom putu iz dubokih delova Zemljine kore migrira u smeru propusnih geoloških struktura, da bi potom učestvovao u zasićenju podzemnih (mineralnih) voda koje su rasprostranjene u zonama njegove migracije (Marinković, 2014).

U slučaju postojanja intruzija u pličim delovima litosfere, ugljikisele vode mogu biti i termalne, kao što je to slučaj sa Vrnjačkom Banjom (Protić, 1995). Usled sadržaja gasa ugljen-dioksida može da dođe do snažnih erupcija prilikom otkrivanja hirozonata istražnim bušenjem na velikim dubinama (Filipović, 2003), čiji sadržaj u mineralnim vodama može iznositi i do 10 g/L (Protić, 1995). Glavni izvori ugljen-dioksida na teritoriji Srbije rezultat su termometamornih procesa koji se odvijaju u kristalastoj podlozi (Marinković, 2014), odnosno genetski su vezani sa procesima regionalnog metamorfizma koji su u sadejstvu sa intruzijama magmatita (Protić, 1995). Poreklo ugljen-dioksida litosfere Srbije vezuje se za ugljenične oksidacione forme u vidu minerala dolomita i kalcita, te metamorfne procese koji se odvijaju u vidu sledećih hemijskih jednačina (Marinković, 2014):

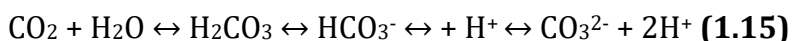




Takođe, i redukzione forme ugljenika mogu biti izvor ugljen-dioksida u podzemnim rastvorima (Marinković, 2014):



Prilikom rastvaranja ugljen-dioksida u vodi (Formula 1.15), oslobađaju se vodonikovi joni, odnosno joni hidroksonijuma (H_9O_4^+), koji utiču na stepen agresivnosti vode. Usled njihovog prisustva, voda deluje rastvarački na okolne stene, čime dolazi do prelaza brojnih mikroelemenata u rastvor mineralne vode (Protić, 1995).

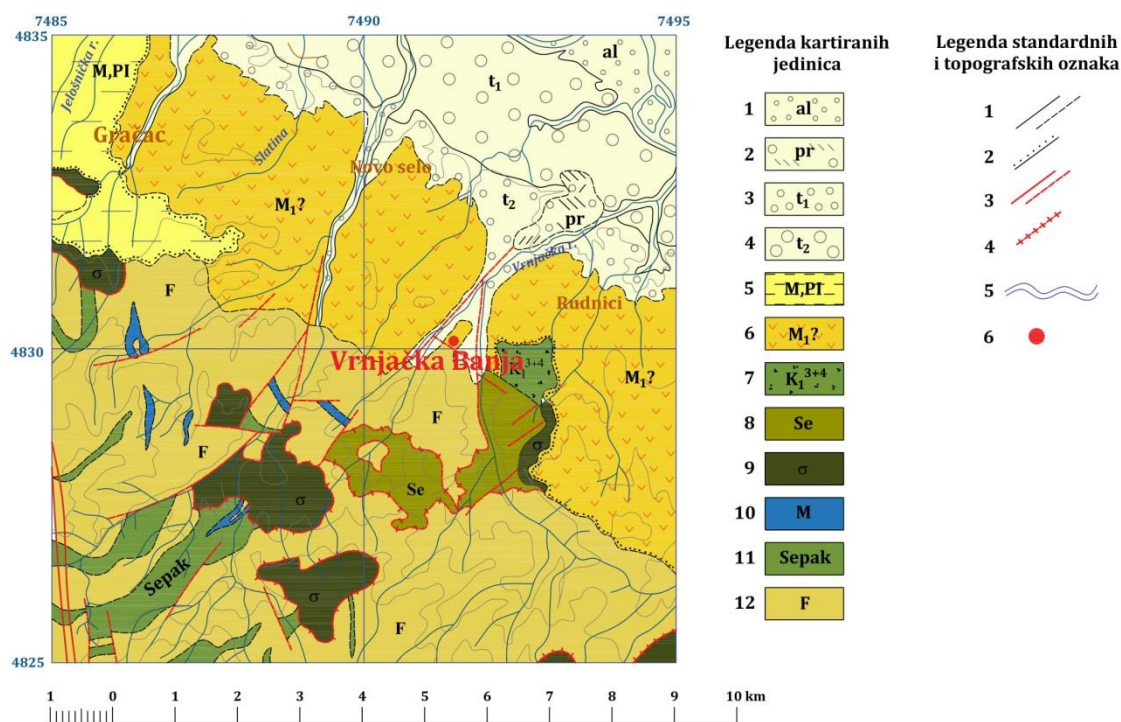


Na teritoriji Srbije, od ukupno 65 registrovanih pojava ugljokiselih mineralnih voda, čak 93% formiranih mineralnih voda sa sadržajem CO_2 vezuje se za Vardarsku zonu, kao i za margine drugih jedinica prema ovoj celini u okviru koje CO_2 može da se generiše na dubinama većim od 3 km. Osim Vardarske zone, ustanovljena je prostorna veza ugljokiselih i regionalnih neotektonskih struktura i terciarnog magmatizma (Marinković et al., 2012).

1.2.3.1 Mineralne vode Vrnjačke Banje

Područje Vrnjačke Banje vezuje se za severne padine Goč planine (1.216 m). Sama banja smeštena je u dolini Vrnjačke reke sa nadmorskim visinama u intervalu od 180 m (severoistični delovi terena) do 401 m (Orlovac) i 430 m (Krstovo brdo) (Protić, 1995), odnosno vezuje se za severno krilo Kopaničko-željinskog antiklinorijuma (Štrbački et al., 2020).

Sa geološkog aspekta, područje istraživanja karakteriše rasprostranjenje metamorfnih stena predstavljenih kompleksom sericitsko-hloritskih škriljaca, peščara, sa sočivima mermera i kalkšista. Ultramafiti harchburgitskog sastava rasprostranjeni su južno i istočno od banje, dok se barem-aptski sedimenti flišolikog razvića nastavljaju severoistočno. Neogene naslage (lapori, gline, konglomerati i tufovi) sa severa zapljavljaju starije stene. Položaj paleozojskih škriljaca determinisan je postojanjem antiformalne strukture čije formiranje je najverovatnije rezultat neotkrivenog granitodnog plutonita, koji u korelaciji sa granitoidnom intruzijom Željina je ujedno u funkciji generisanja gasa CO_2 kojim su zasićene mineralne vode Vrnjačke Banje. Takođe, južno i istočno od banje dominantnog rasprostranjenja su ultramafiti harchburgistkog sastava, dok sa severoistočne strane rasprostranjeni su barem-aptski sedimenti flišolikog razvića. Neogene naslage predstavljene su glinama, laporima, konglomeratima i tufovima, te sa severa prekrivaju starije stene (Protić, 1995; Šaraba & Obradović, 2019a). Rasprostranjenje litoloških članova šireg područja Vrnjačke Banje prikazano je na Slici 1.50.



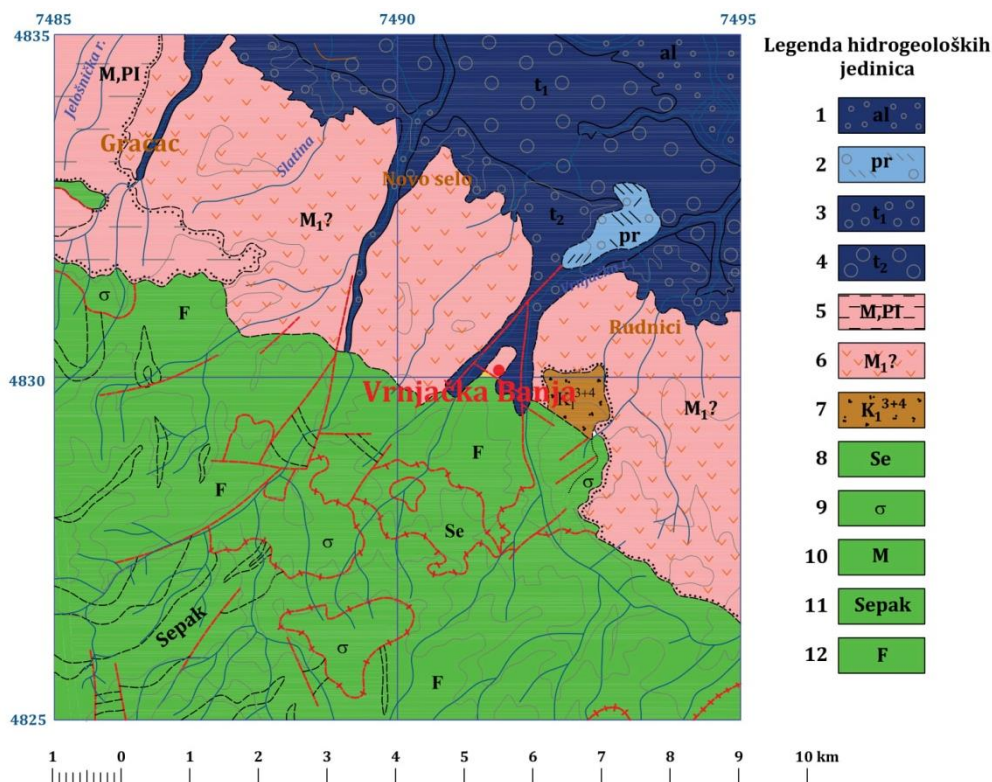
Slika 1.50 Shematizovana geološka šireg područja Vrtnjačke Banje (Geološka podloga: Urošević et al., 1973; Šaraba & Obradović, 2019a)

Legenda kartiranih jedinica: 1 – Aluvijalni sedimenti; 2 – Proluvijum; 3 – Niža rečna terasa; 4 – Viša rečna terasa; 5 – Gline, glinci, peskovi, peščari, laporci i krečnjaci; 6 – Sedimentno-vulkanogena serija; 7 – Fliš: alevroliti, glinci i peščari (barem i apt); 8 – Serpentiniti; 9 – Harzburgiti; 10 – Kalkšisti i mermeri; 11 – Hlorit – epidot – aktinolitški škrljci i metabazalti; 12 – Serija sericit-hloritskih škrljaca i metamorfisanih peščara.

Legenda standardnih i topografskih oznaka: 1 – Normalna granica: utvrđena i pokrivena ili aproksimativno locirana; 2 – Erozijska granica: utvrđena; 3 – Rased bez oznake karaktera, pokriven ili aproksimativno lociran; 4 – Dijapirski kontakt: utvrđen; 5 – Reka; 6 – Pojava mineralnih voda.

U kompleksu najstarijih paleozojskih škrljaca i amfibolita, pojavljuju se proslojci mermera debljine od 10-12 m, u okviru kojih se formiraju mineralne vode na širem području Vrtnjačke Banje. Termalni izvori banje vezuju za dolinu Vrtnjačke reke, odnosno za pružanje raseda orijentacije S-J, dok se hladni mineralni izvori vezuju za pružanje raseda orijentacije SZ-JI (Lukić et al., 2014). Na području Vrtnjačke Banje ukrštaju se dve tektonske dislokacije krupnijih razmera: Vrtnjačka Banja – Pleš – Radmanovo (orijentacija S-J) i Veluće – vrtnjačka dislokacija (orijentacija SZ-JI) (Marinković, 2014).

Sa aspekta akumulacije ugljikiseli mineralnih voda izvorišta „Jezero“, posebno je značajna geološka sredina predstavljena intervalima mermera na dubini od 226 m do 259 m (bunar „VBJ-2/85“). Proslojci mermera javljaju se u seriji paleozojskih liskunovitih škrljaca i amfibolita kao najstarijih stena Vrtnjačke Banje. Prihranjivanje pukotinskog tipa izdani formiranog u matriksu paleozojskih škrljaca, mermera, serpentinita, harzburgita i gabrova odvija se na račun infiltracije voda od atmosferskih taloga i površinskih voda tamo gde ove stenske mase isklinjavaju na površinu terena (Goč planina) (Živanović, 2012). Ugljikisele mineralne vode izvorišta „Jezero“ formiraju se u geološkoj sredini mermera i škrljaca, dok se na osnovu fizičko-hemijskih karakteristika mineralnih voda zaključuje njihova genetska veza sa škrljcima (Štrbački et al., 2020). Starost ugljikiseli mineralnih Vrtnjačke Banje procenjuje se na 30.000 godina (Marinković, 2014). Zastupljeni tipovi izdani šireg područja Vrtnjačke Banje prikazani su na Slici 1.51.



Slika 1.51 Shematizovana hidrogeološka karta šireg područja Vrtnjačke Banje (Geološka podloga: Urošević et al., 1973; Šaraba & Obradović, 2019a; Hidrogeološka podloga: Živanović, 2012)*

Legenda hidrogeoloških jedinica: **Zbijeni tip izdani velikog potencijala:** 1 – Aluvijalni sedimenti; 3 – Niža rečna terasa; 4 – Viša rečna terasa; **Zbijeni tip izdani malog potencijala:** 2 – Proluvijum; **Složeni tip izdani:** 5 – Gline, glinci, peskovi, peščari, laporci i krečnjaci; 6 – Sedimentno-vulkanogena serija; **Pukotinski tip izdani:** 8 – Serpentiniti; 9 – Harzburgiti; 10 – Kalkšisti i mermeri; 11 – Hlorit – epidot – aktinolitski škriljci i metabazalti; 12 – Serija sericit-hloritskih škriljaca i metamorfsanih peščara; **Uslovno-bezvodni delovi terena:** 7 – Fliš: alevroliti, glinci i peščari (barem i apt).

*Standardne i topografske oznake prikazane na hidrogeološkoj karti odgovaraju istim oznakama opisanim u sklopu Slike 1.50.

Podaci o dreniranju izdani izvorišta „Jezero“ izvan područja banje nisu poznati. Postojanje rasednih zona, pukotina i prsline predstavlja zone cirkulacije mineralnih voda, što pogoduje zagrevanju i povećanju mineralizacije mineralnih voda. Tako je tokom izrade bunara „VBJ-1/78“, registrovano postojanje rasedne zone u neposrednoj blizini objekta. Zaključeno je da mineralne vode uz pomoć gasa CO₂ cirkulišu duž rasednih zona, pukotina i drugih mehaničkih diskontinuiteta, pri čemu prisustvo gasa CO₂ utiče na njihovo rasprostranjenje u okviru geološke sredine između izvorišta „Jezero“ i izvorišta „Slatina“ (Živanović, 2012).

Na području izvorišta „Jezero“ izbušeni su bunari dubine od 260 m i 302 m. Istražno bušenje je izvedeno kroz kristalaste škriljce, u okviru kojih su bili zastupljeni intervali mermera na dubini od 218-248 m. Dobijena je ugljikisela mineralna voda (Protić, 1995). Kapacitet bunara „VBJ-2/85“ iznosi 0,5 L/s, dok je temperatura vode 26°C (Štrbački et al., 2020). Na Slici 1.52 prikazan je unutrašnji deo izvorišta „Jezero“, gde su uzorkovane mineralne vode koje su bile analizirane u sklopu predmetne doktorske disertacije.

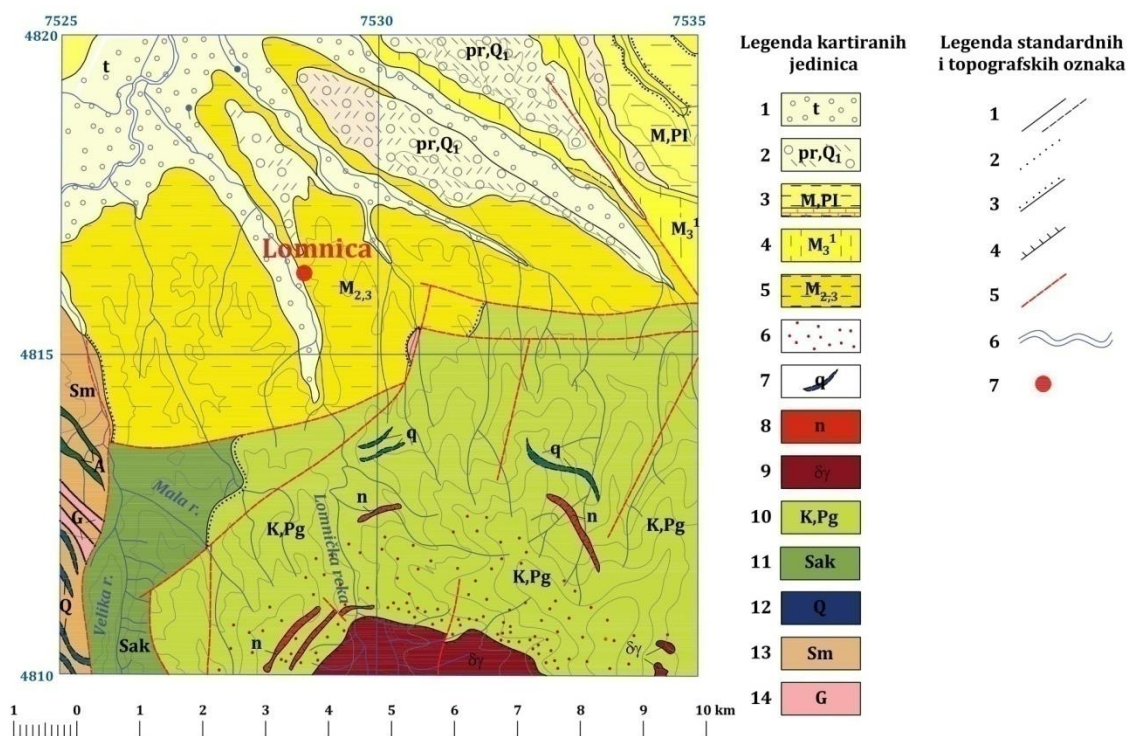


Slika 1.52 Bivete za točenje mineralnih voda izvorišta „Jezero“

1.2.3.2 Mineralne vode Lomnice i Velike Vrbnice

U erozionom udubljenju Kruševačke kotline, na oko 9 km južno od Kruševca, u dolini Lomničke reke, smeštena je pojava ugljikiselih mineralnih voda Lomnice na nadmorskoj visini od 180 m. Južno se izdiže planinski masiv Veliki Jastebac (1.492 m). Na oko 15 km jugozapadno od Kruševca, nalazi se i pojava mineralnih voda Velike Vrbnice. Osim nekoliko kopanih bunara sa mineralnom vodom u Velikoj Vrbnici, u formi razbijenog izvoršita mineralne vode se pojavljuju i na obali reke Pepeljuše, na nadmorskoj visini od 200 m (Protić, 1995). Prema Leku et al. (1922), mineralne vode Velike Vrbnice poznate su i pod nazivom Mrmoška kisela voda, budući da je Velika Vrbnica ranije pripadala Mrmoškoj opštini.

Geološku podlogu terena Kruševačkog tercijarnog basena čine kristalasti škriljci sa interklacijama granitoida i gornjekredne flišne tvorevine zaplavljene sedimentima neogene starosti (gline, konglomerati, peščari i tufiti) (Protić, 1995; Šaraba & Dimkić, 2019b). Tercijarni sedimenti koji zaplavljaju kristalaste škriljce počinju konglomeratima, da bi potom u vertikalnom profilu se smenjivali glinci, laporci, gline, šljunkovi i peskovi, koji su mestimično zastupljeni u različitim proporcijama. Celokupna tercijarna serija je sarmatske i pliocenske starosti. Takođe, u široj zoni ugljikiselih mineralnih voda Lomnice registrovane su i tercijarne naslage izgrađene od plastičnih masnih glina do peskova i glinovitih peskova. Ovi tercijarni sedimenti otkriveni su u podini kvartarnih terasnih peskova, šljunkova i aglomerata na levoj obali reke Rasine, dok se u koritu Lomničke reke mogu uočiti tercijarni peskovi i gline (Milojević, 1964). Pojava mineralnih voda Lomnice vezuje se za međublokovske tektonske strukture, u zoni horstova i rovova, odnosno vezuje se za jugoistočni produžetak rasedne strukture Brajkovac – Čitluk (Marinković, 2014). Na Slici 1.53 prikazano je rasprostranjenje litoloških članova šireg područja Lomnice.

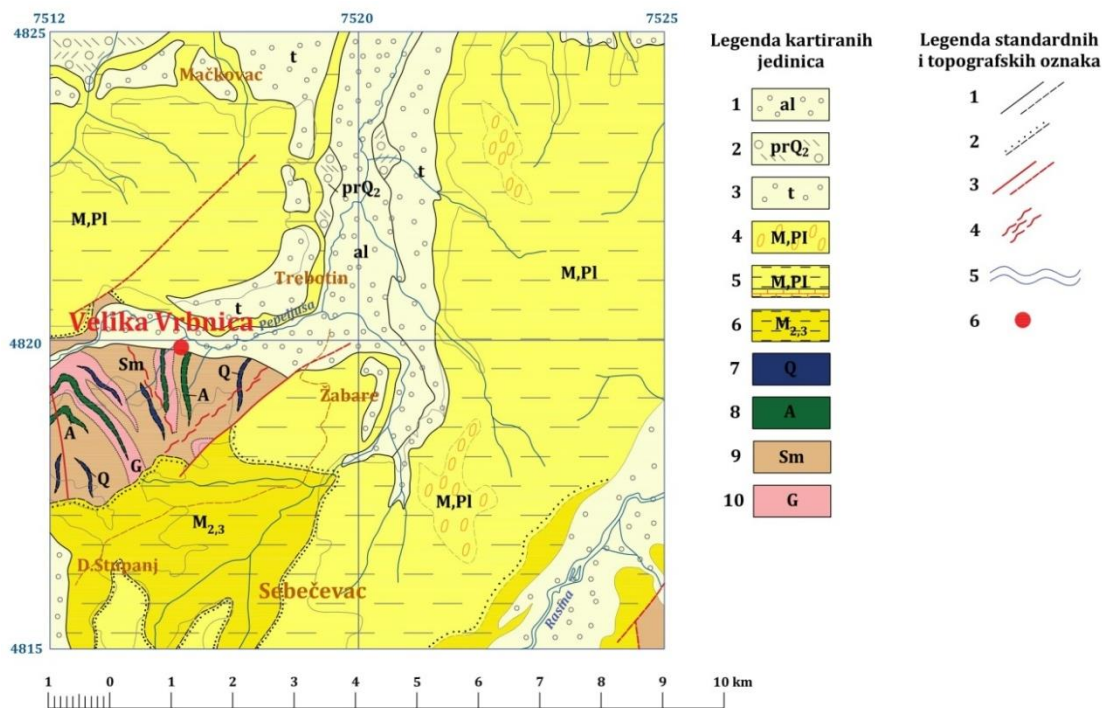


Slika 1.53 Shematizovana geološka karta šireg područja Lomnice (Geološka podloga: Rakić et al., 1976)

Legenda kartiranih jedinica: 1 – Rečna terasa; 2 – Proluvijum – subaeralna delta; 3 – Gline, peskovi, šljunkovi i krečnjaci panona-ponta; 4 – Gline, peskovi i šljunkovi: slatkovodni, brakični – sarmat; 5 – Peščari, konglomerati, gline i tufovi (baden – donji sarmat); 6 – Hidrotermalno promjenjene stene; 7 – Kvarcne žice; 8 – Granodioritporfiriti; 9 – Krupnozrni granodioriti; 10 – Peščari, konglomerati, filiti i glinci (kreda – paleogen); 11 – Aktinolitiski, albit-hloritski i epidot-aktinolitiski škriljci; 12 – Kvarciti; 13 – Liskun-kvarc-plagioklasni škriljci; 14 – Sitnozrni gnajsevi.

Legenda standardnih i topografskih oznaka: 1 – Normalna granica: utvrđena i pokrivena; 2 – Postupan litološki prelaz; 3 – Erozijska ili tektonsko-erozijska granica (utvrđena); 4 – Granica magmatskog tela utisnutog u okolne stene; 5 – Rased bez oznake karaktera: pretpostavljen; 6 – Reka; 7 – Pojava mineralnih voda.

Formiranje kruševačkog tercijarnog basena vezuje se za kraj oligocena, pri čemu su tokom miocena bili intenzivni sedimentacioni procesi. Zapravo, basen predstavlja najjužniju tačku do koje su dospele morske vode Paratetisa, što je, između ostalog, bilo rezultat tektonskih aktivnosti tokom miocena čime je došlo do tonjenja obodnih blokova Panonskog mora. U okviru basena, markantne su tektonske strukture: Jastrebačka dislokacija, Bogdanjsko-Crnišavski rased, Rasinsko-zapadnomoravska dislokacija, Velikomoravski rov, te Zapadnomoravski rased (Stričević, 2015). Pojava mineralnih voda u Velikoj Vrbnici, kao i pojava u Lomnici, vezuje se za međublokovske tektonske strukture, u zoni horstova i rovova, odnosno rasednu strukturu G. Crnišava – Trebotin maskiraju mineralne vode Velike Vrbnice (Marinković, 2014). Na Slici 1.54 prikazano je rasprostranjenje litoloških članova šireg područja Velike Vrbnice.



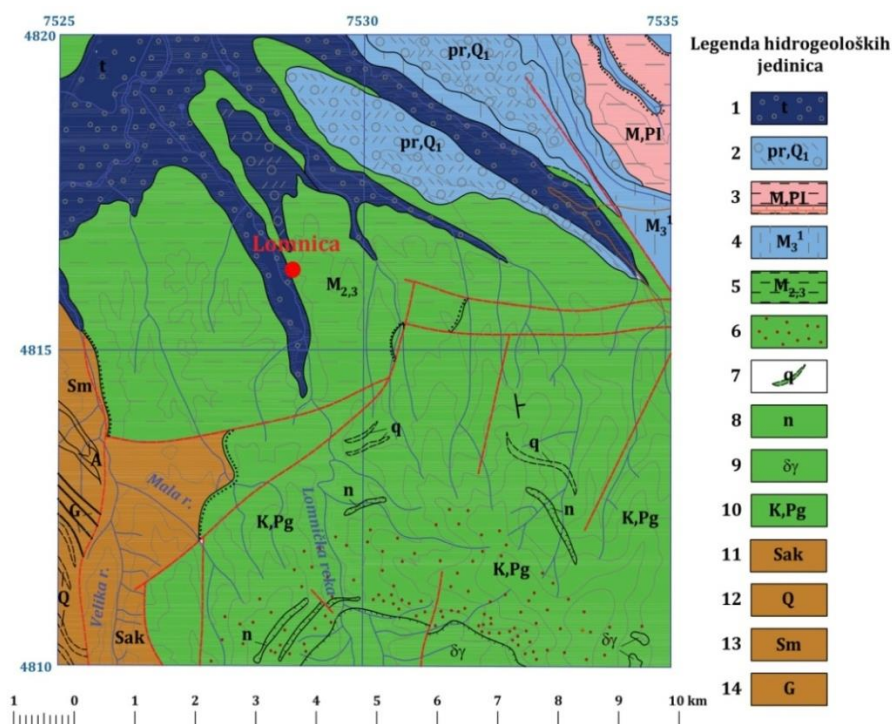
Slika 1.54 Shematizovana geološka karta šireg područja Velike Vrhnice (Geološka podloga: Rakić et al., 1976)

Legenda kartiranih jedinica: 1 – Aluvijum; 2 – Proluvijum – plavinski konusi; 3 – Rečna terasa; 4 – Šljunkovi i peskovi (panon i pont); 5 – Gline, peskovi, šljunkovi i krečnjaci (panon i pont); 6 – Peščari, konglomerati, gline i tufovi (baden – donji sarmat); 7 – Kvarciti; 8 – Amfiboliti i amfibolitski škriljci; 9 – Liskun-kvarc-plagioklasni škriljci; 10 – Sitnozrni gnajsevi.

Legenda standardnih i topografskih oznaka: 1 – Normalna granica: utvrđena i pokrivena ili aproksimativno locirana; 2 – Erozijska ili tektonsko erozijska granica; 3 – Rased bez oznake karaktera; 4 – Rasedna zona; 5 – Reka; 6 – Pojava mineralnih voda.

Sa hidrogeološkog aspekta, najznačajniji litološki član Lomnice predstavljen je kvartarnim peskovitim i šljunkovitim sedimentima rasprostranjenim u slivu Lomničke reke, sa sadržajem šljunka i do 90%, u okviru kojih je formiran zbijeni tip izdani sa slobodnim nivoom 1-2 m od površine terena. Povlatu ovim sedimentima čine alevritsko-peskovite tvorevine, dok su podinske naslage izgrađene od vodonepropusnih miocenskih glina. Pravac kretanja podzemnih voda je u smeru toka Lomničke reke, pri čemu su zabeležene oscilacije nivoa podzemnih voda od 1-2,5 m, kao rezultat međusobne zavisnosti sa vodotokom Lomničke reke (Stojadinović & Rašula, 1997; Stojadinović & Isaković, 1999). Mineralne vode Lomnice akumulirane su u okviru freatskog tipa izdani izgrađenog od peskova i šljunkova sa sadržajem valutica granita, kvarca, kristalastih škriljaca, itd. Ugljena kiselina probija se iz serije kristalastih škriljaca u nanosni materijal kroz tercijarne sedimente, a potom u okviru izdanske zone na mestu izbijanja ugljene kiseline dolazi do najintenzivnijeg zakišeljavanja vode. Sa severozapadne strane u bunar prodire mlaz mineralne vode u količini od 0,1 L/s, koji je manje kiseo od vode u bunaru, a više slan po ukusu. Ova voda se mineralizuje u tercijskim naslagama, a njeno konačno formiranje je u bunaru u okviru koga je izbijanje ugljen-dioksida najintenzivnije (Milojević, 1964). Ugljen-dioksid, kao osnovna karakteristika mineralnih voda oblasti metamorfita, ima poreklo sa većih dubina iz serije kristalastih škriljaca, budući da je ustanovljena genetska veza između ugljen-dioksida i dubljih delova listofere u sredinama rasprostranjenja metamornih i magmatskih stena (Marinković, 2014). U prilog navedenim činjenicama svedoče i podaci koje ukazuju da su lomničke ugljikisele vode lokalizovane pored granitoidnog intruziva, na području Petine, gde je registrovana geomagnetska anomalija. Utiskivanjem granitoida u stene koje izgrađuju fundament basena formirana je geotermalna

anomalija terena, pri čemu su mineralne vode koje se javljaju na obodnim delovima terena jastrebačkog masiva (Lomnica, Ribarska Banja, Kupci, Žabare, itd.) u neposrednoj vezi sa ovom intruzijom (Protić, 1995). Na Slici 1.55 prikazani su zastupljeni tipovi izdani šireg područja Lomnice.



Slika 1.55 Shematizovana hidrogeološka karta šireg područja Lomnice (Geološka podloga: Rakić et al., 1976; Hidrogeološka podloga: Marinković, 2014; modifikovano)*

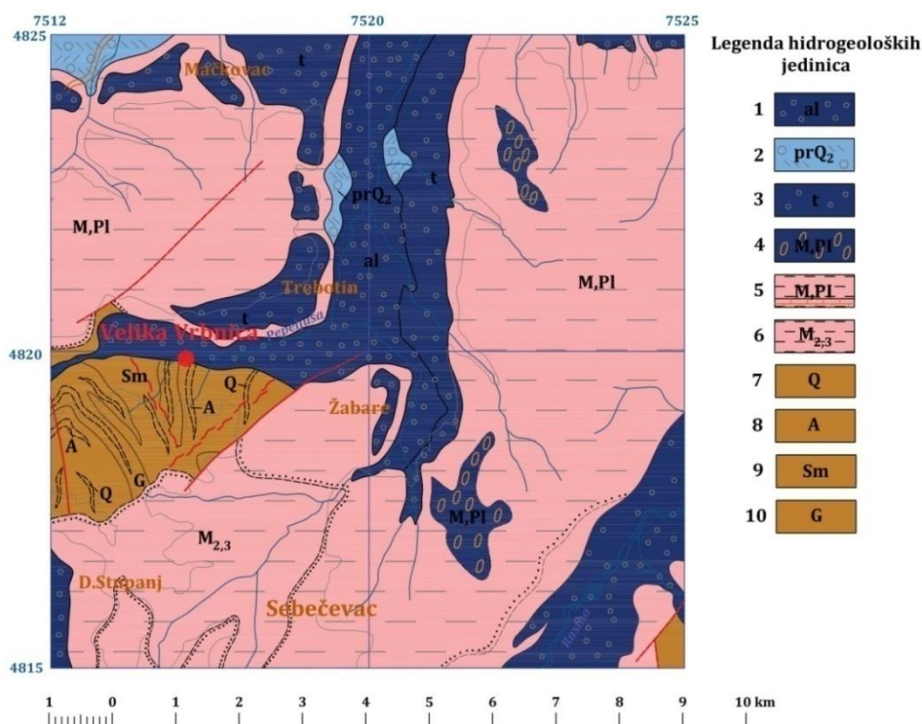
Legenda hidrogeoloških jedinica: **Zbijeni tip izdani velikog potencijala:** 1 – Rečna terasa; **Zbijeni tip izdani malog potencijala:** 2 – Proluvijum – subaeralna delta; 4 – Gline, peskovi i šljunkovi: slatkovodni, brakični – sarmat; **Složeni tip izdani:** 3 – Gline, peskovi, šljunkovi i krečnjaci panona-ponta; **Pukotinski tip izdani:** 5 – Peščari, konglomerati, gline i tufovi (baden – donji sarmat); 6 – Hidrotermalno promjenjene stene; 7 – Kvarcne žice; 8 - Granodioritporfiriti; 9 – Krupnozrni granodioriti; 10 – Peščari, konglomerati, filiti i glinci (kreda – paleogen); **Uslovno-bezvodni delovi terena:** 11 – Aktinolitiski, albit-hloritski i epidot-aktinolitiski škriljci; 12 – Kvarciti; 13 – Liskun-kvarc-plagioklasni škriljci; 14 – Sitnozrni gnajsevi.

*Standardne i topografske oznake prikazane na hidrogeološkoj karti odgovaraju istim oznakama opisanim u sklopu Slike 1.53.

Mineralne vode Velike Vrbnice vezuju se za pukotinsku izdan (Filipović, 2003), pri čemu su zastupljeni tipovi izdani šireg područja Velike Vrbnice prikazani na Slici 1.56. Mineralne vode kaptiraju se bunarom dubine od oko 20 m, nivo vode je na oko 7 m od površine terena, a sama pozicija bunara smeštena je na privatnom imanju (Leko et al., 1922). Prema usmenim navodima meštana, dubina kopanog bunara mineralnih voda Velike Vrbnice iznosi oko 9 m, čije korišćenje, prema Stričević (2015), je u svrhe pića od strane lokalnog stanovništva.

Lomničke kisele vode kaptiraju se kopanim bunarom dubine od 8,6 m (Stojadinović & Rašula, 1997), odnosno dubina bunara iznosi 6,5 m i nalazi se na udaljenosti oko 170 m od Lomničke reke (Stojadinović & Isaković, 1999). Ovaj bunar je nesavršen, bez filterske konstrukcije. Onemogućen je pravilan doticaj mineralne vode u bunar, u kome su maksimalni nivoi zabeleženi tokom jesenjeg i prolećnog perioda, kao i pri intezivnim padavinama tokom letnjih meseci. Tada nabuja planinski tok Lomničke reke, pri čemu se njegov talasni front reflektuje na podzemni, a podzemni direktno na nivo mineralne vode u sklopu bunara (Stojadinović & Rašula, 1997). Kisele mineralne vode Lomnice imaju višestruko lečilišno

dejstvo, čije flaširanje je vršeno u promjenljivom obimu neprekidno od 1980. godine. Lomnička kisela voda je dobitnica zlatnih medalja u Londonu – 1907. godine, a potom i u Liježu (Protić, 1995). Stojadinović & Rašula (1997) ukazuju da je Lomnička kisela voda dobitnica diplome „Grand prix“ u Londonu, pri čemu je organizavana eksploatacija iz bunara dubine 8,6 m bila tokom 1968. godine od strane radne organizacije iz Kruševca „Ugop-Župa“.



Slika 1.56 Shematizovana hidrogeološka karta šireg područja Velike Vrbnice (Geološka podloga: Rakić et al., 1976; Hidrogeološka podloga: Marinković, 2014; modifikovano)*

Legenda hidrogeoloških jedinica: **Zbijeni tip izdani velikog potencijala:** 1 – Aluvijum; 3 – Rečna terasa; 4 – Šljunkovi i peskovi (panon i pont); **Zbijeni tip izdani malog potencijala:** 2 – Proluvijum – plavinski konusi; **Složeni tip izdani:** 5 – Gline, peskovi, šljunkovi i krečnjaci (panon i pont); 6 – Peščari, konglomerati, gline i tufovi (baden – donji sarmat); **Uslovno-bezvodni delovi terena:** 7 – Kvarciti; 8 – Amfiboliti i amfibolitski škriljci; 9 – Liskun-kvarc-plagioklasni škriljci; 10 – Sitnozrni gnajsevi.

*Standardne i topografske oznake prikazane na hidrogeološkoj karti odgovaraju istim oznakama opisanim u sklopu Slike 1.54.

Na Slikama 1.57a i 1.57b prikazani su kopani bunari Lomnice i Velike Vrbnice, iz kojih su uzorkovane mineralne vode koje su bile analizirane u sklopu predmetne doktorske disertacije.



Slika 1.57 Kopani bunari mineralnih voda Lomnice (a) i Velike Vrbnice (b)

2. PREDMET I CILJEVI ISTRAŽIVANJA

S obzirom na to da su mineralne vode u okviru geološkog inženjerstva, odnosno hidrogeologije u Srbiji, u proteklim decenijama 21. veka bile predmet istraživanja sa aspekta njihovog specifičnog hemijskog sastava, te mogućnosti korišćenja hidrogeotermalne energije, realizovanim istraživanjima u okviru predmetne doktorske disertacije nastojalo se ukazati na ulogu i značaj mikrobiološkog diverziteta⁷ mineralnih voda. Sastavni deo istraživanja podrazumevao je i proučavanje biofilmova koji se razvijaju u matriksu sa naslagama inkrustacije u zonama isticanja mineralnih voda i na gornjim delovima konstrukcija vodozahvatnih objekata, odnosno sagledavanje mogućeg uticaja biofilmova na nastanak i tok procesa inkrustacije. S toga, u okviru predmetne doktorske disertacije nastojale su se odabrati i ispitati pojave mineralnih voda formirane u geološkim sredinama različite strukturne poroznosti, sa jedinstvenim hidrogeološkim, strukturno-geološkim, petrografsko-mineraloškim i drugim karakteristikama, budući da mikroorganizmi ispoljavaju višestruk uticaj na mogućnost korišćenja ovog resursa. Konkretno, predmetnom disertacijom obuhvaćene su sledeće pojave mineralnih voda: Torda (kopani bunar „Sveti Đorđe“), Slankamen Banja (kopani bunar „B-1“ - Slanjača), Obrenovačka Banja (bunari: „OB-1“ i „OB-2“ - izvorište „Nova Banja - Cevka“), Selters Banja, Bogatić (bunar „BB-1“), Metković (bunar „BMe-1“), Radaljska Banja, Brestovačka Banja (kaptažni objekat „Česma za živce“), Lukovska Banja, Vranjska Banja, Vrnjačka Banja (izvorište „Jezero“), Lomnički kiseljak i Velika Vrbnica.

Shodno predmetu, osnovni ciljevi istraživanja obuhvaćeni predmetnom disertacijom bili su:

- Skenirajuća elektronska mikroskopija biofilmova, kao i makroskopska, optička i difrakciona ispitivanja naslaga inkrustacije, uz sagledavanje mogućeg uticaja mikroorganizama na nastanak i tok procesa inkrustacije, odnosno utvrđivanje uticaja fizičko-hemijskog sastava mineralnih voda na razvoj istoimenog procesa, hidrogeohemijskim modeliranjem;
- Utvrđivanje prisustva ciljanih fizioloških grupa mikroorganizama (gvožđevitih, sulfato-redukujućih, sluz-produkujućih, heterotrofnih aerobnih, denitrifikacionih i *Pseudomonas* bakterija), te stepena njihove biohemijske aktivnosti BART analizama odabranih pojava, uz procenu rizika od razvoja procesa biokorozije i biohemijske inkrustacije na vodozahvatnim objektima, kao i sanitarno-higijenske ispravnosti mineralnih voda korišćenjem aplikativnih softvera;
- Fizičko-hemijske analize odabranih pojava mineralnih voda;
- Metabarkoding analize mikrobioma⁸ odabranih pojava tehnikama sekvenciranja naredne generacije na osnovu 16S rDNK gena;
- Utvrđivanje taksonomskih kategorija mikroorganizama i njihove relativne zastupljenosti odabranih pojava, uz prikaz alfa- i beta-diverziteta u okviru pojedinačnih i međusobno uporedivih tipova mineralnih voda;
- Izvođenje statističkih klaster i analiza glavnih komponenti sa ciljem grupisanja mikroorganizama u grupe predstavnika sličnih karakteristika odabranih pojava, odnosno detaljna vizualizacija za svaki pojedinačni uzorak u skladu sa višestrukim međusobno koreliranim kvantitativnim varijablama;
- Sagledavanje biohidrogeološke uloge i značaja identifikovanih predstavnika mikrobiološkog diverziteta u inženjerstvu podzemnih (mineralnih) voda, odnosno kreiranje baze podataka čime se formira osnova za utemeljenje naučne discipline biohidrogeologije.

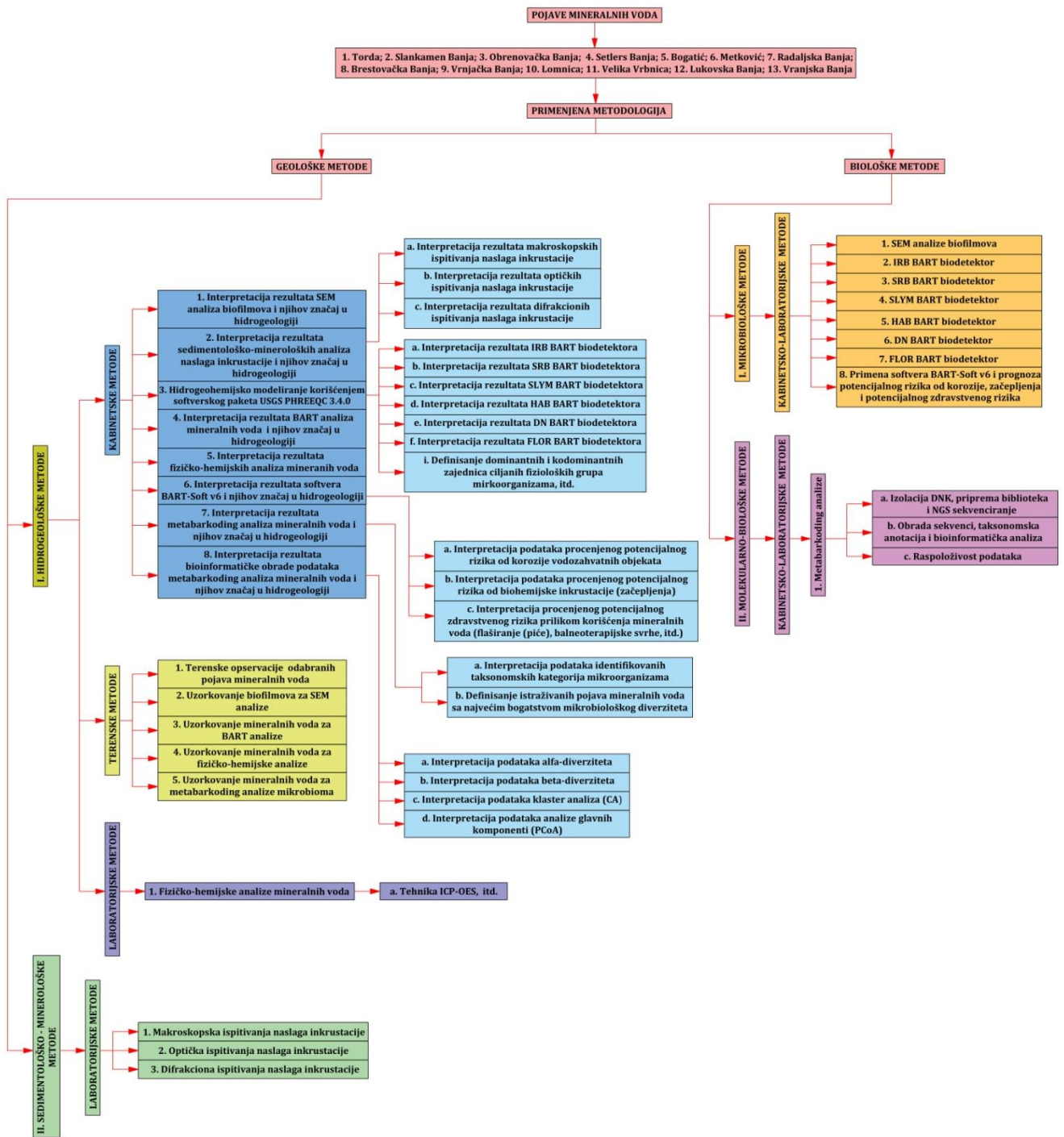
⁷U kontekstu mikrobiološkog diverziteta odabranih pojava istraživano je prisustvo bakterija, te karakteristike i morfologija biofilmova i njihovih različitih sastojaka.

⁸Pod pojmom mikrobiom podrazumeva se celokupno stanište, uključujući mikroorganizme (arheje, bakterije, viruse, niže i više eukariote), njihove genome (tj. gene) i uslove okruženja (Marchesi & Ravel, 2015). U kontekstu mikrobioma u okviru predmetne doktorske disertacije, istraživano je stanište mineralnih voda, uključujući prisustvo zajednica bakterija u datom staništu, njihove genome (tj. gene) i uslove okruženja.

3. EKSPERIMENTALNI DEO

3.1 MATERIJALI I METODE ISTRAŽIVANJA

U periodu od 2017. do 2020. godine, obavljena su istraživanja mikrobiološkog diverziteta mineralnih voda Torde, Slankamen Banje, Obrenovačke Banje, Velike Vrbnice, Selters Banje, Bogatića, Metkovića, Radaljske Banje, Brestovačke Banje, Vrnjačke Banje, Lomnice, Lukovske Banje i Vranjske Banje. Primenjeni naučno-istraživački postupci podrazumevali su obim istraživanja koji je prikazan na Slici 3.1, sa namerom definisanja hidrogeološke uloge i značaja mikrobiološkog diverziteta u uslovima višenamenskog korišćenja (flaširanje, zdravstveno-rekreativne svrhe, itd.) i održive eksploatacije podzemnih (mineralnih) voda.

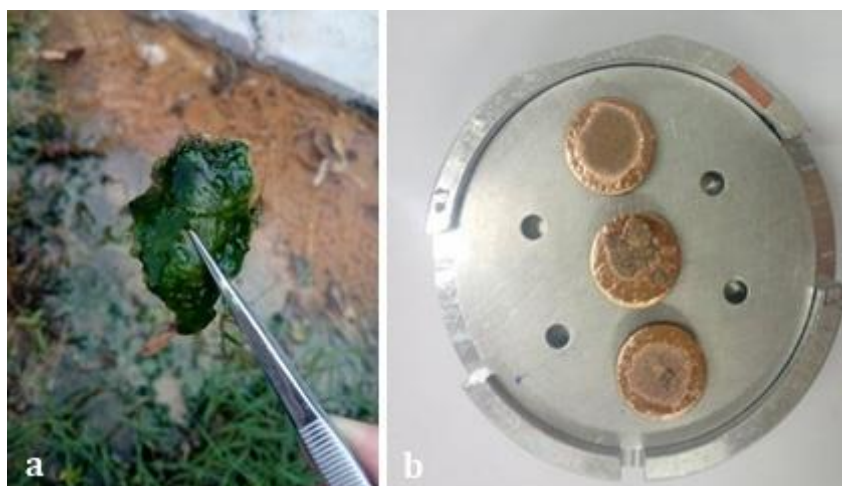


Slika 3.1 Algoritam primenjene metodologije istraživanja

3.1.1 Uzorkovanje i SEM analize biofilmova

Uzorci biofilmova uzeti su sa gornjih delova konstrukcija vodozahvatnih objekta i njihovih zona isticanja na odabranim pojavama mineralnih voda Lukovske Banje i Vranjske Banje, uz prethodno uzorkovane biofilme sa lokaliteta Bogatića (bunar „BB-1“)⁹.

SEM analize izvedene su korišćenjem JEOL JSM-6610LV skenirajućeg elektronskog mikroskopa u Laboratoriji za skenirajuću elektronsku mikroskopiju Rudarsko-geološkog fakulteta Univerziteta u Beogradu, sa namerom snimanja biofilmova i mikroorganizama u njima (Šaraba et al., 2019a). Ovaj mikroskop je opremljen i savremenim energetsko-disperzivnim spektrometrom (EDS detektor) (model: X-Max Large Area Analytical Silicon Drift koji je povezan sa INCA Energy 350 Microanalysis System). Mikroskop postiže uvećanja od 5-300.000 puta, izvor elektrona je W žica, LaB₆, odnosno napon mikroskopa je od 0,3-30 kV. Uzorci biofilmova su prekriveni zlatom (SEMLAB, Laboratorija za skenirajuću elektronsku mikroskopiju, 6. oktobar 2020). Na Slici 3.2a prikazani su biofilmovi uzorkovani u okviru zona isticanja pregrejanih mineralnih voda Vranjske Banje, odnosno na Slici 3.2b prikazani su uzorci biofilmova prekriveni zlatom nakon čega je sledilo njihovo ispitivanje primenom JEOL JSM-6610LV skenirajućeg elektronskog mikroskopa.



Slika 3.2 Uzorci biofilmova sa lokaliteta Vranjske Banje (a) i priprema uzoraka biofilmova sa lokaliteta Bogatića, Lukovske Banje i Vranjske Banje za ispitivanje skenirajućom elektronskom mikroskopijom (b)

3.1.2 Uzorkovanje i sedimentološko-mineraloške analize naslaga inkrustacije

Uzorci naslaga inkrustacije uzeti su pojedinačno sa svakog bunara, i označeni su u skladu sa njihovim nazivima: BB-1, VG-2, VG-2* i VG-3. Uzorak VG-2* predstavlja deo uzorka VG-2. Uzorci sa bunara LB-4 i LB-5 (Lukovska Banja) su istovremeno sprašeni prilikom ispitivanja metodom rendgenske difrakcije praha. Uzorci su označeni kao LB. Dakle, ukupno 5 uzoraka naslaga inkrustacije je ispitano (Šaraba et al., 2019a)¹⁰.

⁹Uzorkovanje biofilmova sa lokaliteta Bogatića (bunar „BB-1“) obavljeno je od strane dr Milojka Lazića, dr Olivera Krunić i dr Gordane Subakov Simić.

¹⁰Uzorci naslaga inkrustacije sa lokaliteta Bogatića, Lukovske Banje i Vranjske Banje dobijeni su od strane dr Olivera Krunić tokom 2017. godine, nakon čega je sledilo njihovo ispitivanje primenom odgovarajućih metodskih postupaka na Univerzitetu u Beogradu, Rudarsko-geološkom fakultetu, na Departmanu za mineralogiju, kristalografiju, petrologiju i geochemiju.

3.1.2.1 Makroskopska ispitivanja naslaga inkrustacije

U postupku makroskopskog pregledanja uzorci su testirani sa razblaženom hlorovodoničnom kiselinom (HCl). Testiranje je vršeno u staklenoj čaši sa dodavanjem 10 mL kiseline (Šaraba et al., 2019a).

3.1.2.2 Optička ispitivanja naslaga inkrustacije

Napravljena su tri petrografska preparata naslaga inkrustacije koja su pregledana u polarizacionom mikroskopu. Korišćena je kompleksna konfiguracija nekoliko uređaja koji su međusobno softverski povezani. Njih čine polarizacioni mikroskop za propuštenu svetlost marke Leica (tip DMLSP) na kome se nalazi digitalna kamera Leica (tip DC300) (Šaraba et al., 2019a).

3.1.2.3 Difrakciona ispitivanja naslaga inkrustacije

Uzorci naslaga inkrustacije su ispitani na automatskom difraktometru za prah, Rigaku Smart Lab, pod sledećim uslovima: upotrebljeno je zračenje sa antikatode bakra talasne dužine $\text{CuK}\alpha = 1,54178 \text{ \AA}$. Radni napon na cevi bio je $U = 40 \text{ kV}$, jačina struje $I = 30 \text{ mA}$. Uzorci su ispitani u opsegu $3 - 70^\circ 2\theta$ sa korakom $0,01^\circ$ i brzinom prikupljanja podataka od $5,0^\circ/\text{min}$. Dobijeni podaci položaja difrakcionih maksimuma $2\theta(^\circ)$, kao i odgovarajući intenziteti (I) za svaki identifikovani mineral prikazani su grafički. Na osnovu dobijenih vrednosti intenziteta (I/I_{max}) i međupljosnih rastojanja (d_i), upoređivanjem sa literaturnim podacima i ICDD PDF-2 (2016) standardima, identifikovane su prisutne kristalne faze (minerali) (Šaraba et al., 2019a).

3.1.3 Hidrogeohemijsko modeliranje

Hidrogeohemijsko modeliranje (za koje je korišćen softverski paket USGS PHREEQC 3.4.0), uz korišćenje baze podataka phreeqc.dat (Parkhurst & Appelo, 1999; Šaraba et al., 2019a), primenjeno je na fizičko-hemijske karakteristike mineralnih voda Bogatića, Lukovske Banje i Vranjske Banje, u cilju određivanja indeksa zasićenja (eng. "*Saturation Index - SI*") za osnovne minerale iz grupe karbonata (kalcit, dolomit, aragonit), oksida i hidroksida (gibsit, getit, hematit) i silikata (kvarc, glinoviti minerali, liskuni, itd.), kao najverovatnijim sastojcima analiziranih naslaga inkrustacije (Šaraba et al., 2019a).

3.1.4 Uzorkovanje i BART analize mineralnih voda

Uzorkovanje mineralnih voda Torde, Slankamen Banje, Obrenovačke Banje, Metkovića, Selters Banje, Radaljske Banje, Brestovačke Banje, Vrnjačke Banje, Lomnice i Velike Vrbnice za BART (eng. "*Biological Activity Reaction Test*") analize obavljeno je pomoću posebne opreme (boce za dubinsko uzimanje uzoraka), pri čemu je pre uzorkovanja bilo neophodno termički obraditi bocu za dubinsko uzimanje uzoraka. Kod kaptažnih objekata (česmi), pre uzorkovanja bilo je neophodno slavinu termički obraditi, nakon čega se pusti da mineralna voda teče tri do pet minuta, a potom sledi punjenje adekvatne ambalaže do $3/4$ njene zapremine. Na Slici 3.3a prikazano je uzorkovanje mineralnih voda iz kopanog bunara pomoću boce za dubinsko uzimanje uzoraka na lokalitetu Lomnice, dok je na Slici 3.3b prikazano uzorkovanje mineralnih voda koje se pojavljuju u vidu samoizliva na bunaru „BMe-1“ u Metkoviću.



Slika 3.3 Uzorkovanje mineralnih voda na lokalitetu Lomnice (kopani bunar) (a) i Metkovića (bunar "BMe-1") (b)

Nakon uzorkovanja, uzorci su kolektovani i transportovani u akreditovanu Hemijsko-biološku laboratoriju Instituta za vodoprivredu „Jaroslav Černi“, gde je izvršena analiza ciljanih fizioloških grupa mikroorganizama. Određivano je prisustvo gvožđevitih, sulfato-redukujućih, sluz-produkujućih, heterotrofnih aerobnih, denitrifikacionih i *Pseudomonas* (*P. aeruginosa* i *P. fluorescens*) bakterija primenom IRB (eng. "Iron Related Bacteria"), SRB (eng. "Sulfate Reducing Bacteria"), SLYM (eng. "Slime Forming Bacteria"), HAB (eng. "Heterotrophic Aerobic Bacteria"), DN (eng. "Denitrifying Bacteria") i FLOR (eng. "Fluorescent Pseudomonas") BART biotektora. Na Slici 3.4 prikazan je set primenjenih BART biotektora.



Slika 3.4 Set primenjenih BART biotektora na primeru mineralnih voda Vranjačke Banje – izvorište „Jezero“*

*Crveni čep – IRB BART biotektor, Plavi čep – HAB BART biotektor, Crni čep – SRB BART biotektor, Zeleni čep – SLYM BART biotektor, Sivi čep – DN BART biotektor, Žuti čep – FLOR BART biotektor (DBI, 2004).

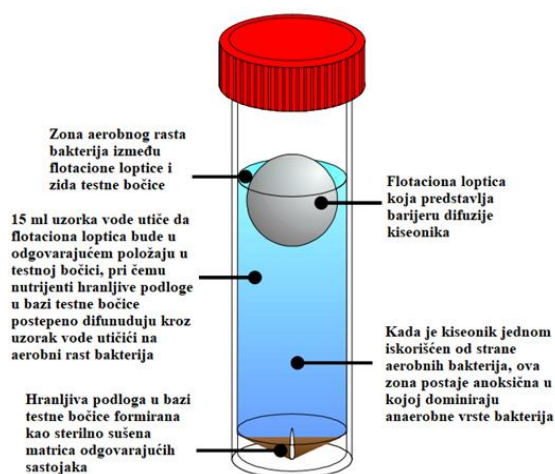
U standardnom propisanom vremenskom roku za svaki tip BART biotektora, uzorci mineralnih voda su inkubirani na temperaturi od 22°C. Tokom perioda inkubacije uzoraka (5, 10 do 15 dana) signature reakcije mikrobiološke aktivnosti i njihovih metaboličkih

proizvoda praćene su dnevno (lag period), u zavisnosti od vrste primenjenog BART biodetektora, i fotografisane za proveru pojave vremena i tipa reakcija prateći proceduru datu u priloženoj literaturi i za foto dokumentaciju. U ispitivanim uzorcima, metabolička aktivnost-agresivnost i aproksimativna brojnost potencijalno aktivnih ćelija (CFU/mL), procenjivana je i izračunata primenom namenskog softvera BART-Soft v6, na osnovu vremena pojave prve reakcije u BART biodetektoru – pojava mutnoće, pene, sluzi i sl. Na osnovu dana pojave i vrste signaturnih reakcija koje su bile detektovane u okviru BART sistema tokom standardnog predviđenog vremenskog perioda kultivacije uzorka mineralnih voda, korišćenjem aplikativnog softvera BART-Soft v6, proračunati su i prognozirani rizici od razvoja procesa biokorozije i biohemijske inkrustacije vodozahvatnih objekata mineralnih voda i pratećih tehničkih elemenata (filterskih konstrukcija, potisnih vodova, termotehničke opreme, distributivne vodne mreže, itd.), kao i potencijalni zdravstveni rizici prilikom višenamenskog korišćenja mineralnih vodnih resursa (flaširanje (piće), balneoterapijska profilaksa, itd.), pri čemu su prognozirani i proračunati rizici bili predstavljeni numeričkom vrednošću na brojčano izraženoj skali rizika od 0-9 (Šaraba et al., 2018b, 2018c, 2018d, 2018e; Šaraba & Obradović, 2019a, 2019b; Šaraba & Dimkić, 2019b). U Tabeli 3.1 prikazane su hranljive podloge koje se koriste u različitim tipovima BART testova.

Tabela 3.1 Prikaz hranljivih podloga za rast ciljanih fizioloških grupa mikroorganizama koje se koriste u različitim tipova BART testova

Zajednica bakterija	Tip BART biodetektora	Hranljiva podloga	Reference
Fluorescentne bakterije	FLOR	Podloga pepton	DBI (2004)
Denitrifikacione bakterije	DN	Podloga nitrat-pepton	
Sulfato-redukujuće bakterije	SRB	Podloga Postgate-a	DBI (2004), Majkić, (2013)
Sluz-produkujuće bakterije	SLYM	Podloga glukoza-pepton	
Heterotrofne aerobne bakterije	HAB	Podloga šećer-pepton	
Gvožđevite bakterije	IRB	Podloga Winogradsky-og	

Standardni protokoli za primenjene BART biodetektore, prema protokolima proizvođača (kompanija DBI u Saskačevanu, Kanada), su: (1) IRB BART protokol DBISOP06, (2) SLYM BART protokol DBLSOP06, (3) SRB BART protokl DBSSOP06, (4) HAB BART protokol DBHSOP06, (5) DN BART protokol DBDNSOP06 i (6) FLOR BART protokol DBIMANG06. Na Slici 3.5 prikazani su sastavni delovi BART biodetektora zapremine 15 mL (DBI, 2004).



Slika 3.5 Shematski prikaz sastavnih delova BART biodetektora (Preuzeto i modifikovano prema DBI, 2004)

Ukupan broj BART analiza koji je izveden na uzorcima istraživanih pojava mineralnih voda iznosi 60 BART analiza, odnosno primenjeno je 6 BART biodetektora za 10 pojava mineralnih voda (Tabela 3.2).

Tabela 3.2 Ukupan broj BART analiza istraživanih pojava mineralnih voda

Red. broj	Pojava mineralnih voda	Broj BART analiza						Ukupan broj analiza
		IRB	SRB	SLYM	HAB	DN	FLOR	
1.	Torda	1	1	1	1	1	1	6
2.	Slankamen Banja	1	1	1	1	1	1	6
3.	Selters Banja	1	1	1	1	1	1	6
4.	Metković	1	1	1	1	1	1	6
5.	Obrenovačka Banja	1	1	1	1	1	1	6
6.	Radaljska banja	1	1	1	1	1	1	6
7.	Brestovačka banja	1	1	1	1	1	1	6
8.	Vrnjačka banja	1	1	1	1	1	1	6
9.	Lomnica	1	1	1	1	1	1	6
10.	Velika Vrbnica	1	1	1	1	1	1	6
UKUPNO		10	10	10	10	10	10	60

3.1.4.1 IRB BART biodetektor

Korišćenjem IRB BART biodetektora moguće je utvrditi prisustvo aerobnih gvožđe-oksidujućih bakterija sposobnih za produkciju EPS-a (na primer, *Gallionella feruginea*), anaerobnih fermentacionih bakterija, bakterija enteričnog tipa, *Pseudomonas* vrsta (*P. aeruginosa* i *P. fluorescences*), itd. Zapravo, primenom IRB BART testa moguće je utvrditi prisustvo bakterijske flore koja učestvuje u reakcijama oksidacije i redukcije jedinjenja gvožđa, transformišući ga kroz oksidativne (feri) i reduktivne (fero) oblike (DBI, 2004).

➤ Signaturne reakcije

U IRB BART biodetektoru moguć je razvoj niza signaturnih reakcija kao posledica složenog konzorcijuma bakterijskog diverziteta. Kako bi se verodostojno opisale signaturne reakcije, potrebno je bočicu za testiranje postaviti u zonu difuznog svetla, budući da ih je veoma teško uočiti na tamnoj pozadini. Svaka od signaturnih reakcija proizvedena je na jedinstven način od strane različitih vrsta bakterija koje postaju aktivne tokom testiranja u IRB BART biodetektoru (DBI, 2004). Signaturne reakcije opisane su Tabeli 3.3.

Tabela 3.3 Signaturne reakcije u IRB BART biodetektoru (Preuzeto i modifikovano prema DBI, 2004)

Fiziološka grupa bakterija	Signaturne reakcije
Gvoževite bakterije	BC (eng. "Brown Cloudy") - Braon mutnoća
	BG (eng. "Brown Gel") - Braon gel
	BL (eng. "Blackened Liquid") - Crna tečnost
	BR (eng. "Brown Ring") - Braon prsten
	CL (eng. "Cloudy Growth") - Mutnoća
	FO (eng. "Foam") - Pena
	GC (eng. "Green Cloudy") - Zelena mutnoća
RC (eng. "Red Cloudy") - Crvena mutnoća	

Signaturne reakcije prepoznaju se sledećim simptomima u testnoj bočici:

- CL: Kada postoje zajednice aerobnih gvoždevitih bakterija, njihov početni razvoj može biti na redoks frontu koji se najčešće formira iznad srednjeg difuznog fronta, a manifestacije bakterijske aktivnosti zapažaju se pojavom mutnoće u uzorku vode ispod koje se uočava tamnija zona u testnoj bočici, dok zona iznad ostaje prozračna;
- BG: Pojava braon gela se uglavnom razvija na konusu unutrašnje testne bočice, ali je moguće proširenje ove reakcije na bočnim stranama testne bočice do visine od 15 mm. Uzorak vode iznad braon gela ostaje prozračna i bezbojna tečnost. U toku posmatranja, moguće je uočiti promene u obliku braon gelaste mase koja prvobitno raste, a potom se smanjuje. Određivanje ovog tipa reakcije se može vršiti i uočavanjem braon gelaste mase koja pluta u uzorku vode u testnoj bočici;
- BC: Ukoliko nije izražena velika gustina zajednice gvoždevitih bakterija, ova reakcija je sekundarna (često sledi nakon reakcije CL, FO ili RC) i prepoznaje se kao „prljava” braon boja koja formira braon prsten oko flotacione lopte;
- FO: Reakcija se veoma lako uočava i prepoznaje se po generisanju pene u obliku prstena ili se pena formira na donjoj strani flotacione lopte, zauzimajući više od 50% uzorka u testnoj bočici. Veoma često, pojava pene se uočava i na zidovima unutrašnje testne bočice, ali prisustvo pene u ovom slučaju ne ukazuje na veliku gustinu zajednice gvoždevitih bakterija. Boja pene je obično sa nijansama žute i zelene boje, i često se javlja u kombinaciji sa talogom, što utiče da boja pene postepeno postaje smeđa, narandžasta ili siva. Takođe, formiranje pene može da bude rezultat prezasićenosti uzorka vode kiseonikom, pogotovo u slučajevima kada je temperatura vode na mestu isticanja niža u odnosu na temperaturu inkubacije uzorka. U tom slučaju, pojava pene ne ukazuje na prisustvo zajednice gvoždevitih bakterija i manifestuje se mjehurućima koji su reflektivni, nisu kompaktni i nalaze se u dispergovanom stanju u unutrašnjosti testne bočice. Uglavnom se formiraju u vremenskom intervalu dan-dva nakon posmatranja uzorka. Pojava pene koja ukazuje na zajednicu gvoždevitih bakterija uglavnom je karakteristična za anaerobne vrste i može se usaglastiti sa reakcijama BB, BT ili BA u SRB BART biodetektoru, odnosno pojava FO može biti praćena pozitivnim otkrivanjem sulfato-redukujućih bakterija u uzorku vode;
- RC: Prisustvo RC reakcije, koja se može uočiti u veoma kratkom vremenskom intervalu inkubacije uzorka, utiče da uzorak poprima tamnu boju sa nijansama crvene, koja postepeno prelazi u BC reakciju, nakon što se formira braon prsten (reakcija BR) oko flotacione lopte;
- BR: Reakcija se uočava kao pojava crveno-smeđeg do tamno-smeđeg prstena oko flotacione lopte, koji je kompaktna, čvrst i uglavnom širine manje od 3 mm;
- GC: Reakcija se uočava pojavom mutnoće zelenih ili tamno zelenih nijansi, uglavnom bez jasno izraženih gelnih oblika. Usled izraženog inteziteta ove reakcije, često sledi i razvoj BR reakcije;
- BL: Ovo je obično sekundarna ili tercijarna reakcija. Uočava se pojavom tamnijih nijansi u bazalnom konusu i iznad zidova unutrašnjosti testne bočice u odnosu na preostali deo uzorka koji je prozračan.

Razvoj signaturnih reakcija može razviti specifične sekvence, koje ukazuju na sledeće vrste bakterija:

- BC - WB – BR: Konzorcijum gvoždevitih bakterija sa talozima karbonata i prisustvom sluz-produkujućih bakterija;
- CL – GC: Mešani konzorcijum heterotrofnih gvoždevitih bakterija sa dominantnim prisustvom *Pseudomonas* vrsta;

- CL – BG: Mešani konzorcijum heterotrofnih gvoždevitih bakterija sa mogućim prisustvom bakterija enteričnog tipa (*Enterobacter*);
- CL – BC: Mešani konzorcijum heterotrofnih gvoždevitih bakterija;
- CL – BC – BR: Mešani konzorcijum heterotrofnih gvoždevitih bakterija sa prisustvom sluz-produkujućih bakterija;
- CL – FO: Mešani konzorcijum aerobnih i anaerobnih gvoždevitih bakterija;
- CL – BC: Pojava belog taloga u testnoj bočici. Konzorcijum aerobnih gvoždevitih bakterija sa talozima karbonata;
- FO – CL: Konzorcijum anaerobnih vrsta sa mogućim prisustvom aerobnih heterotrofnih bakterija;
- FO – CL – RC: Konzorcijum anaerobnih bakterija sa mogućim prisustvom aerobnih heterotrofnih bakterija i bakterija enteričnog tipa (*Enterobacter*, *Citrobacter* ili *Serratia*);
- FO – CL – BC – BR: Mešani konzorcijum anaerobnih bakterija i bakterija enteričnog tipa sa mogućim prisustvom sluz-produkujućih bakterija;
- FO – BR – BC: Mešani konzorcijum anaerobnih i aerobnih gvoždevitih bakterija sposobnih za produkciju EPS-a;
- FO – GC: Mešani konzorcijum anaerobnih i aerobnih vrsta sa dominantnim prisustvom *Pseudomonas* bakterija;
- FO – GC – BL: Mešani konzorcijum anaerobnih bakterija, *Pseudomonas* vrsta i bakterija enteričnog tipa;
- GC: Konzorcijum bakterija koje uglavnom čine *Pseudomonas* vrste;
- GC – BL: Dominantno prisustvo *Pseudomonas* vrsta sa prisustvom nekih gvoždevitih bakterija i bakterija enteričnog tipa;
- RC – CL – BR: Dominantno prisustvo bakterija enteričnog tipa.

3.1.4.2 SRB BART biodetektor

Za utvrđivanje prisustva sulfato-redukujućih bakterija, kao što su vrste roda *Desulfovibrio* ili *Desulfotomaculum*, korišćen je SRB BART biodetektor. Njihova aktivnost se veoma lako zapaža, budući da usled redukcije sulfata nastaje H₂S koji u reakciji sa gvoždem formira jedinjenje gvožđe-sulfida u obliku crnih taloga u bazi testne bočice ili kao nepravilni crni prsten oko flotacione lopte. Detekcija ovih bakterija se može zapaziti i kao deo aerobnog konzorcijuma na i oko flotacione lopte (DBI, 2004).

Takođe, u SRB BART biodetektoru moguće je detektovati i anaerobne heterotrofne bakterije, koje se često razvijaju brže od sulfato-redukujućih bakterija, što se uočava pojavom gelnih oblika u donjoj trećini testne bočice čime se potvrđuje njihovo prisustvo. Osim toga, moguće je otkrivanje sulfato-redukujućih bakterija i u SLYM BART biodetektoru (DBI, 2004).

U izuzetnim okolnostima, u SRB BART biodetektoru se može veoma lako uočiti pojava tamnijih nijansi u uzorku (na primer, za manje od pola sata), što je indikator da uzorak sadrži rezidualni H₂S koji je veoma brzo izreagovao sa gvoždem u testnoj bočici. U tom slučaju, neophodno je osloboditi H₂S kako bi se pristupilo detekciji sulfato-redukujućih bakterija (DBI, 2004).

➤ Signaturne reakcije

U SRB BART biodetektoru moguć je razvoj dve signaturne reakcije: (a) BB (eng. *Blancked Base*) – pojava crne boje u konusu testne bočice, i (ii) BT (eng. *Blackening around the Ball*) – pojava crne boje oko flotacione lopte (DBI, 2004).

Ove dve signaturne reakcije se zapažaju sledećim simptomima:

- BB: Reakcija se prepoznaje formiranjem crnog taolga u konusu testne bočice, koji se formira kao prsten prečnika od 2 do 3 mm. Takođe, moguća je pojava crnog taloga na zidovima testne bočice neposredno iznad konusa do visine od 15 mm;
- BT: Pojava tamnih nijansi se može razviti oko flotacione lopte i detektuje se prisustvom granularnih struktura u prstenu koji nije skroz crn.

Kombinacija reakcija BB i BT predstavlja reakciju BA i može se razviti bez prethodne pojave BB ili BT reakcije u testnoj bočici, dok pojava CG (eng. *Cloudy Gel*) reakcije je negativna indikacija prisustva sulfato-redukujućih bakterija u uzorku, ali često prethodi reakcijama BB, BT ili BA koje ukazuju na pozitivan test. Reakcija CG potvrđuje prisustvo anaerobnih bakterija i prepoznaje se kao oblak mutnoće koji se razvija sa dna ka vrhu na visini od 20 do 25 mm, na bočnoj strani unutrašnjosti testne bočice sa tendencijom širenja (DBI, 2004).

Prisustvo karakterističnih reakcija ukazuje na sledeće vrste bakterija:

- BB: Konzorcijum anaerobnih bakterija u kome dominiraju vrste roda *Desulfovibrio* koje se razvijaju duboko u biofilmu;
- BT: Mešani konzorcijum u kome je dominantno prisustvo sulfato-redukujućih bakterija i aerobnih heterotrofnih bakterija producera EPS-a;
- BB – BA: Dominantan anaerobni konzorcijum, koji podrazumeva sulfato-redukujuće bakterije i bakterije sposobne da se razvijaju u aerobnim uslovima kao što su sluz-produkujuće bakterije;
- BT – BA: Konzorcijum aerobnih sluz-produkujućih bakterija i sulfato-redukujućih bakterija.

Sulfato-redukujuće bakterije u SRB BART biodetektoru imaju tendenciju da budu dominantne u odnosu na konzorcijum fakultativnih ili strogih anaerobnih heterotrofnih bakterija (BB), ili se integrišu u aerobnu membranu koja stvara heterotrofnu bakterijsku zajednicu koja se razvija oko flotacione lopte (BT). U slučaju razvoja signaturne reakcije BA, sulfato-redukujuće bakterije su veoma agresivne (DBI, 2004).

3.1.4.3 SLYM BART biodetektor

Primenom SLYM BART biodetektora detektuju se sluz-produkujuće bakterije, čije prisustvo se uočava pojavom pojavi sluzi (biofilma) oko flotacione lopte, zatim u konusu testne bočice, te formiranjem sluzastih formi kroz uzorak vode, itd. Bakterije koje generešu EPS imaju tendenciju da budu aerobne i da formiraju sluz (biofilm) na redoks frontu u testnoj bočici. Uz to, ova grupa bakterija uglavnom proizvodi pigmente usled čega sluz poprima belu, sivu, žutu ili bež boju. Veoma često, moguća je pojava sluzi crvene boje (što je indikator vrsta *Serratia marcescens*) ili ljubičaste boje (što je indikator vrsta iz rodova *Chromobacterium* ili *Janthinobacterium*) (DBI, 2004).

Takođe, moguća je pojava crne boje sluzi što je indikator sulfato-redukujućih bakterija i jedinjenja gvožđe-sulfida u matrici biofilma. Crna boja sluzi može biti i indikator prisustva karbonata u matrici biofilma, što ukazuje na prisustvo mešanog konzorcijuma uključujući i bakterije enteričnog tipa (DBI, 2004).

➤ Signaturne reakcije

Usled prisustva sluz-produkujućih bakterija u ispitivanom uzorku, dolazi do razvoja signaturnih reakcija opisanih u Tabeli 3.4.

Tabela 3.4 Signaturne reakcije u SLYM BART biodetektoru (Preuzeto i modifikovano prema DBI, 2004)

Fiziološka grupa bakterija	Signaturne reakcije
Sluz-produkujuće bakterije	DS (eng. "Dense Slime") – Gusta sluz
	SR (eng. "Slime Ring around the Ball") – Sluz u obliku prstena oko flotacione lopte
	CP (eng. "Cloudy Plates layering") – Mutnoća u formi slojnih (pločastih) oblika
	CL (eng. "Cloudy Growth") – Mutnoća
	BL (eng. "Blanckened Liquid") – Pojava crne tečnosti u testnoj bočici
	TH (eng. "Thread-Like Strands") – Filamentozne (končaste, nitaste) forme
	PB (eng. "Pale-Blue Glow in U. V. Light") - Pojava svetlo-plave boje pod UV lampom
	GY (eng. "Greenish-Yellow Glow in U. V.") - Pojava zeleno-žute boje pod UV lampom

Najčešća reakcija koja se razvija u SLYM BART biodetektoru je reakcija CL, kojoj često prethodi reakcija CP koja uglavnom traje kraće od 24 h (DBI, 2004).

Signaturne reakcije zapažaju se sledećim simptomima:

- DS: Uočavanje ove reakcije zahteva od posmatrača da nežno okreće testnu bočicu, kada se može uočiti pojava sluzi bele, žute ili bež boje, koja može da dostigne visinu od 40 mm u koloni testne bočice;
- CP: Kada postoje zajednice aerobnih bakterija u uzorku, početni razvoj sluzi je uglavnom na redoks frontu, najčešće je sive boje, razvijajući se 15 do 30 mm ispod linije punjenja testne bočice;
- SR: Pojava prstena sluzi se uglavnom razvija na gornjoj strani flotacione lopte, prečnika od 2 do 5 mm i može biti bele, žute, bež, narandžaste ili ljubičaste boje koja tokom vremena postaje intenzivna na gornjoj ivici prstena;
- CL: Reakcija se uočava kao pojava mutnoće u uzorku vode, a ponekad je moguć i razvoj sluzi oko flotacione lopte koji može karakterisati bledo-plavi i žuto-zeleni sjaj pod UV lampom, zbog mogućeg prisustva patogenih vrsta *Pseudomonas* bakterija;
- BL: Ovo je uglavnom sekundarna ili tercijarna reakcija. Prepoznaje se razvojem tamnijih zona u bazalnom konusu i iznad zidova testne bočice;
- TH: U nekim slučajevima sluz formira nitaste mrežaste forme u testnoj bočici, veoma često između bazalnog konusa i flotacione lopte.

Razvoj signaturnih reakcija ukazuje na prisustvo sledećih vrsta sluz-produkujućih bakterija:

- DS – CL: Dominantno prisustvo fakultativnih anaerobnih bakterija sposobnih da generišu gustu sluz;
- SR – CL: Dominantno prisustvo aerobnih bakterija (na primer, *Micrococcus* spp.) u odnosu na fakultativne anaerobne vrste;
- CP – CL: Dominantno prisustvo fakultativnih anaerobnih bakterija (na primer, *Proteus* spp.);
- CL – SR: Mešani konzorcijum bakterijskih vrsta koji podrazumeva i aerobne bakterije;
- CL – BL: Dominantno prisustvo *Pseudomonas* vrsta i bakterija enteričnog tipa;
- CL – PB: Dominantno prisustvo vrste *P. aeruginosa*;
- CL – GY: Vrsta *P. fluorescens* je prisutna u mikroflori ispitivanog uzorka;
- TH – CL: Dominantno prisustvo aerobnih bakterija sposobnih za produkciju nitastih formi sluzi (na primer, *Zoogloea* spp.).

3.1.4.4 HAB BART biodetektor

Jedinstvena karakteristika HAB BART testa jeste dodavanje metilen plave boje koja deluje kao indikator respiratorne aktivnosti heterotrofnih aerobnih bakterija. Metilen plava boja se dodaje u ispitivani uzorak u testnoj bočici koja je postavljena u prevrnutom položaju tokom 30 sekundi ili 5 minuta, kako bi se omogućilo razvijanje plave boje u uzorku. Usled korišćenja metilen plave boje od strane heterotrofnih aerobnih bakterija, dolazi do postepene dekolorizacije metilen plave boje, od dna ili od vrha testne bočice. Dekolorizacija metilen plave boje je indikator pozitivne reakcije na prisustvo heterotrofnih aerobnih bakterija, čija detekcija je zasnovana na metilen plavoj reduktazi, koja deluje kao zamena za kiseonik. Ovaj postupak se koristi decenijama u mlecarskoj industriji kako bi se utvrdio stepen bakteriološke ispravnosti mleka (DBI, 2004).

➤ Signaturne reakcije

U HAB BART biodetektoru moguć je razvoj dve signaturne reakcije: i) UP (eng. *“Bleaching moves upward from base”*) – dekolorizacija metilen plave boje koja se razvija od bazalnog konusa testne bočice, i b) DO (eng. *“Bleaching moves downward from ball”*) – dekolorizacija metilen plave boje koja se razvija od vrha testne bočice prema dnu. Kao signaturna reakcija može se razviti samo reakcija UP ili DO, odnosno ne dolazi do istovremenog razvoja obe reakcije (DBI, 2004).

Signaturne reakcije prepoznaju se sledećim simptomima:

- UP: Dekolorizacija metilen plave boje se razvija od dna do vrha testne bočice. Usled reduktaze metilen plave boje, moguća je pojava mutnoće, žute boje ili uzorak ostaje prozračan, kao i pojava zaostajanja plavog prstena oko flotacione lopte prečnika od 1 do 5 mm;
- DO: Dekolorizacija plave boje se razvija od vrha do dna testne bočice, pri čemu je moguća pojava žute boje u uzorku, zaostajanje veoma tankog plavog prstena oko flotacione lopte širine od 0,5 do 2 mm, dok prozračni deo uzorka je neznatan.

Razvoj signaturnih reakcija UP ili DO ukazuje na sledeće vrste bakterija:

- UP: Dominantna brojnost obligatnih (strogih) aerobnih bakterija u odnosu na prisustvo fakultativnih anaerobnih vrsta;
- DO: Fakultativni anaerobni heterotrofi su dominantni u ispitivanom uzorku.

3.1.4.5 DN BART biodetektor

Primenom DN BART testa utvrđuje se prisustvo denitrifikacionih bakterija kao potencijalnih indikatora organske ili septičke kontaminacije vodnih resursa (DBI, 2004).

➤ Signaturne reakcije

U DN BART biodetektoru, usled potpune denitrifikacije nitrata (NO_3^-) do gasovitog N_2 , dolazi do razvoja samo jedne signaturne reakcije predstavljene u vidu pene, pri čemu se više od 50% pene pojavljuje u zoni oko flotacione lopte, dok je preostali deo pene moguć u ostatku uzorka vode u testnoj bočici (DBI, 2004).

3.1.4.6 FLOR BART biodetektor

Specifičnost FLOR BART biodetektora jeste mogućnost detekcije fluorescentnih pigmeneta koje generišu *Pseudomonas* bakterije. Fluorescentni pigmenti se detektuju oko flotacione lopte u testnoj bočici, primenom ultraljubičaste lampe (UV) usmerene na vrh jedne

trećine tečnosti. Maksimalna ekscitacija fluorescentnih molekula je 400 nm. Postoje dva glavna tipa pigmenata koje generišu *Pseudomonas* bakterije: piocijanin i pioverdin (DBI, 2004).

Piocijanin je pigment koji fluorescira bledo plavom do plavom bojom i najčešće ovaj pigment generišu bakterijske vrste *P. aeruginosa*. Traje kratko, jedan od četiri dana, a zatim postepeno bleedi. Sjaj je prilično slab i treba ga posmatrati na mračnoj pozadini, jer direktno svetlo može otežati detekciju ovog pigmenta. S druge strane, pioverdinu su grupa fluorescentnih pigmenata koje generišu različite vrste *Pseudomonas* bakterija i za razliku od piocijanina ovi pigmenti imaju zelenkasto-žuti sjaj. Zelenkasto-žuti sjaj u testnoj bočici traje dva do deset dana, a zatim postepeno nestaje. Veoma se lako uočava i često je vidljiv i bez upotrebe UV lampe. Takođe, moguće je generisanje i drugih pigmenata u FLOR BART biodetektoru, kao što je braon crvenkasti pigment koji je lako uočljiv i koncentriše se u prstenu sluzi oko flotacione lopte ili u konusu testne bočice. Svi ovi pigmenti proizvode se u aerobnim uslovima i uglavnom se generišu nakon razvijanja sluzi u testnoj bočici. Fluorescentne pigmente teško je uočiti prirodnim i veštačkim svetlima, ali sa primenom UV lampe veoma lako detektuju, nakon čega pigmenti sijaju (fluoresciraju) (DBI, 2004).

➤ **Signaturne reakcije**

U FLOR BART biodetektoru moguć je razvoj dve signaturne reakcije: a) PB (eng. "*Pale Blue Glow*") – bledo-plavi sjaj i b) GY (eng. "*Greenish-Yellow Glow*") – zeleno-žuti sjaj, obe detektovane primenom UV lampe (DBI, 2004).

Razvoj signaturnih reakcija se manifestuje sledećim simptomima:

- PB: Pojava mutnoće prethodi detekciji fluorescencije, koja se stvara oko flotacione lopte kada se snop ultraljubičaste svetlosti usmeri na bočne zidove unutrašnje testne bočice. Pojava fluorescencije se razvija od 15 do 20 mm oko flotacione lopte u u vidu bledo-plavog sjaja i reakcija obično traje 2 do 3 dana;
- GY: Pojava mutnoće prethodi pojavi zelenkasto-žute fluorescencije koja se detektuje kada se ultraljubičasta svetlost usmeri na bočne zidove unutrašnje testne bočice razvijajući se 15 do 20 mm oko flotacione lopte. Traje najčešće 4 do 8 dana.

Razvoj signaturnih reakcija PB i GI ukazuje na sledeće bakterijske vrste:

- PB – *P. aeruginosa* je dominantna vrsta;
- GY – *P. fluorescens* je dominantna vrsta.

3.1.4.7 Procena gustine i stepena biohemijske aktivnosti ciljanih fizioloških grupa mikroorganizama

Gvožđevite bakterije se uglavnom sporo razvijaju, dok sulfato-redukujuće bakterije postaju biohemijski aktivne kao deo konzorcijuma različitih bakterijskih vrsta, zbog čega je tačnu brojnost zajednice veoma teško precizno odrediti. S druge strane, razvoj signaturnih reakcija u SLYM BART biodetektoru u vremenskom zastoju od 3 do 6 dana ukazuje na veoma nisku gustinu zajednice sluz-produkujućih bakterija. Heterotrofne aerobne bakterije se veoma brzo razvijaju u HAB BART biodetektoru i veoma jednostavno detektuju zbog redukcije metilen plave boje od plavog (oksidativnog) do bezbojnog (reduktivnog) stanja. U suštini, metilen plava boja deluje kao redoks indikator i veoma brzo pokazuje respiratornu aktivnost bakterija, budući da uzorak vode postaje reduktivan i metilen plava boja postepeno dekolira. Ovaj test je jedan od najbržih BART testova, kao i najjednostavniji za interpretaciju. Denitrifikacione bakterije imaju tendenciju da budu agresivne, izazivajući denitrifikaciju u veoma kratkom vremenskom roku ili se njihovo prisustvo manifestuje kroz umerenu biohemijsku aktivnost. Odsustvo pene kao karakteristične reakcije nakon vremenskog zastoja

od dva dana, ukazuje na negativan test ili na zajednicu denitrifikacionih bakterija sa veoma malim stepenom biohemijske aktivnosti. *Pseudomonas* bakterije kao sastavni delovi konzorcijuma drugih bakterijskih vrsta moraju biti izuzetno agresivni kako bi započeli generisanje fluorescentnih pigmenata, što je tipično za sve vrste *Pseudomonas* bakterija. Razvoj signaturnih reakcija u vremenskom zastoju od 5 dana ukazuje na nisku populaciju *Pseudomonas* bakterija, ali samo ukoliko je proizveden bledo plavi sjaj, što nije slučaj ukoliko je detektovana zelenkasto-žuta fluorescencija (DBI, 2004).

Na osnovu vremenskog zastoja pojave inicijalne reakcije u primenjenom tipu BART biodetektora, moguće je proceniti gustinu zajednice ciljanih fizioloških grupa bakterija u ispitivanom uzorku (Tabela 3.5).

Tabela 3.5 Zavisnost između lag perioda i detektovane gustine zajednica bakterija (Preuzeto i modifikovano prema DBI, 2004)

Lag period (dani)	Zajednice bakterija (CFU/mL)					
	IRB	SRB	SLYM	HAB	DN	FLOR
1	540.000	6.800.000	1.800.000	7.000.000	1.000.000	1.000.000
2	140.000	700.000	350.000	500.000	200.000	100.000
3	35.000	100.000	66.500	55.000	50.000	10.000
4	9.000	18.000	12.500	7.000	10.000	5.000
5	2.300	5.000	2.500			1.000
6	500	1.200	500			100
7	150	500	100			100
8	25	200	10			100

IRB – Gvoždevite bakterije; SRB – Sulfato-redukujuće bakterije; SLYM – Sluz-produkujuće bakterije; HAB – Heterotrofne aerobne bakterije; DN – Denitrifikacione bakterije; FLOR – Fluorescentne *Pseudomonas* bakterije.

U odnosu na vreme razvoja signaturnih reakcija u primenjenom BART biodetektoru, moguće je ustanoviti stepen biohemijske aktivnosti (agresivnosti) zajednice ciljanih fizioloških grupa bakterija (DBI, 2004):

- Veoma agresivna zajednica gvoždevitih, sulfato-redukujućih, sluz-produkujućih i heterotrofnih aerobnih bakterija (neophodno je primeniti odgovarajući tretman u što kraćem vremenskom periodu);
- Agresivna zajednica gvoždevitih, sulfato-redukujućih, sluz-produkujućih i heterotrofnih aerobnih bakterija (neophodno je primeniti odgovarajući tretman u skorijoj budućnosti, kako bi se sprečilo dalje pogoršavanje stanja);
- Umereno agresivna zajednica gvoždevitih, sulfato-redukujućih, sluz-produkujućih i heterotrofnih aerobnih bakterija (moguće je odsustvo primene odgovarajućeg tretmana, ali je preporučljivo testiranje uzorka u budućnosti);
- Nije izražena agresivnost gvoždevitih, sulfato-redukujućih, sluz-produkujućih i heterotrofnih aerobnih bakterija, zbog čega se preporučuje uobičajeno testiranje uzorka na prisustvo ciljane fiziološke grupe bakterija.

U Tabeli 3.6 prikazan je definisani stepen biohemijske aktivnosti (agresivnosti) zajednica bakterija u odnosu na zavisnost između lag perioda i pojave prve karakteristične reakcije u primenjenom tipu BART biodetektora.

Tabela 3.6 Zavisnost između lag perioda i pojave prve karakteristične reakcije u BART biodetektoru i stepena biohemijske aktivnosti zajednica bakterija (Preuzeto i modifikovano prema DBI, 2004)

Karakteristične reakcije	Biohemijska aktivnost (agresivnost)			Nije izražena biohemijska aktivnost (agresivnost)
	Velika	Značajna	Umerena	
Gvožđevite bakterije				
BC	<2	3	4 – 8	>8
BG	<1	2 – 6	7 – 8	>8
BL	<2	3 – 6	7 – 8	>8
BR	<1	2	3 – 6	>6
CL	<0,5	0,5 – 2	3 – 4	>4
FO	<0,5	0,5 – 1	2 – 4	>4
GC	<1	2 – 4	5 – 8	>8
RC	<1	2 – 3	4 – 8	>8
Sulfato-redukujuće bakterije				
BB	<1	2-3	4-8	>8
BT	<1	2-4	5-8	>8
BA	<2	2-5	6-8	>8
Anaerobne bakterije*				
CG	<0.5	0.5-2	3-4	>4
Sluz produkujuće bakterije				
DS	<1	2	3-7	>7
SR	<1	2-3	4-6	>6
CP	<0.5	1-2	3-6	>6
CL	<1	2	3-6	>6
BL	<1	2-4	5-8	>8
TH	<2	3-4	5	>6
PB	<1	2-4	5-8	>8
GY	<1	2-3	4-8	>8
Heterotrofne aerobne bakterije				
UP	<0.5	1-2	3-4	>4
DO	<1	2-3	4-6	>6

*Reakcije koje nisu karakteristične za sulfato-redukujuće bakterije se takođe mogu razviti u SRB BART biodetektoru i mogu da ukazuju na agresivnu populaciju anaerobnih bakterija.

3.1.5 Uzorkovanje i fizičko-hemijske analize mineralnih voda

Za fizičko-hemijske analize mineralne vode Torde, Slankamen Banje, Obrenovačke Banje, Lomnice i Velike Vrbnice uzorkovane su u plastične boce u količini od 5 L iz bunara pomoću posebne opreme, pri čemu su nakon uzorkovanja u standardnom predviđenom vremenskom roku uzorci dostavljeni u akreditovanu laboratoriju Gradskog zavoda za javno zdravlje u Beogradu, gde je izvršena analiza svih neophodnih parametara koji definišu fizičko-hemijski sastav mineralnih voda (suvi ostatak, elektroprovodljivost, boja, miris, oksidabilnost, Na⁺, K⁺, Ca²⁺, Cl⁻, SO₄²⁻, NO₂⁻, NO₃⁻, NH₃, CO₂, itd.). U Tabeli 3.7 prikazani su standardi i metode koji su korišćeni za određivanje vrednosti ispitivanih fizičko-hemijskih parametara mineralnih voda.

Tabela 3.7 Korišćeni standardi i metode za određivanje vrednosti sadržaja ispitivanih fizičko-hemijskih parametara mineralnih voda (Gradski zavod za javno zdravlje, Beograd, 2019/2020)

Parametar	Standard	Metod
Fizičke i fizičko-hemijske karakteristike		
Boja (°Co-Pt skala)	US EPA	110.2:71
Boja prividna (°Co-Pt skala)	US EPA	110.2:71
Miris	US EPA*	140.1:71
pH vrednost	SRPS ENISO	10523:16
Oksidabilnost (mg/L)	PRI**	P-IV-9a
Suvi ostatak na 105°C	SMEWW 19th***	m 2540 B.
Elektrolitička provodljivost na 20°C (µS/cm)	SRPS EN	27888:09
Vodonik sulfid rastvorni kao S ²⁻ (mg/L)	ISO	10530:92
Vodonik-sulfid rastvorni kao H ₂ S (mg/L)	ISO	10530:92
Ugljen-dioksid slobodan (mg/L)	SMEWW 19th***	m 4500 C
Bikarbonati HCO ₃ ⁻ (mg/L)	SRPS ENISO	9963-1:07
Amonijak NH ₃ (mg/L)	PRI**	P-V-2/B
Nitriti NO ₂ ⁻ (mg/L)	SRPS EN	26777:09
Nitrati NO ₃ ⁻ (mg/L)	SMEWW 19th***	M 4500NO
Hloridi Cl ⁻ (mg/L)	US EPA	300.1:99
Sulfati SO ₄ ²⁻ (mg/L)	US EPA	300.1:99
Fluoridi F ⁻ (mg/L)	US EPA	300.1:99
Jodidi J ⁻ (mg/L)	WA 1988****	m 3.2.3.
Metali, tehnika ICP-OES		
Gvožđe Fe (mg/L)	VDM 0254	.
Kalcijum Ca (mg/L)	VDM 0254	.
Kalijum K (mg/L)	VDM 0254	.
Magnezijum Mg (mg/L)	VDM 0254	.
Mangan Mn (mg/L)	VDM 0254	.
Natrijum Na (mg/L)	VDM 0254	.
Bor B (mg/L)	VDM 0254	.
Stroncijum Sr (mg/L)	VDM 0254	.
Litijum Li (mg/L)	VDM 0254	.
Selen Se (mg/L)	VDM 0255	.

Legenda primenjenih pravilnika i standarda:

*US EPA – Metoda van obima akreditacije

** Škunca-Milovanović, S., Feliks, R., & Đurović, B. (Ed.) - PRI – Voda za piće, Standardne metode za ispitivanje higijenske ispravnosti, SZZZ, Beograd, 1990.

*** APHA-AWWA-WPCF - SMEWW 19th – Standard methods for Examination of Water and Wastewater 19th Edition, 1995

****Fresenius, W., Quentin, K. E., & Schneider, W. (Ed.) – Water Analysis 1998, A practical Guide to Physico-Chemical, Chemical and Microbiological Water Examination and Quality Assurance, Verlag Berlin Heidelberg 1988

3.1.5.1 ICP-OES analize

Kod optičke emisione spektrometrije sa indukovano spregnutom plazmom (eng. “*Inductively coupled plasma - optical emission spectrometry - ICP-OES*”) pobuđivanje uzorka odvija se u plazmi argona. Emituje se zračenje specifičnih talasnih dužina. Dobijanje kvantitativnih i kvalitativnih podataka je omogućeno veoma izraženim intezitetom i specifičnosti emitovanog zračenja. Aspiracijom je omogućeno unošenje uzorka u ICP-OES instrument. Omogućeno je istovremeno određivanje elemenata, pri čemu se sama tehnika odlikuje izuzetnim stepenom osetljivosti za veliki broj elemenata (Onjia, 2007).

3.1.6 Metabarkoding analize

Metabarkoding analize mikrobioma izvedene su tehnikama sekvenciranja naredne generacije (eng. "Next Generation Sequencing – NGS") molekularnom identifikacijom na osnovu 16S rDNK. Omogućena je klasifikacija mikroorganizama mineralnih voda prema različitim taksonomskim kategorijama. Ove analize su urađene kako između pojedinačnih uzoraka ponaosob, tako i u smislu međusobnog poređenja različitih tipova mineralnih voda. Uz prethodno poznavanje fizičko-hemijskih karakteristika mineralnih voda, definisani su tipovi mineralnih voda koje je karakterisalo najveće bogatstvo mikrobiološkog diverziteta.

3.1.6.1 Uzorkovanje mineralnih voda, izolacija DNK, priprema biblioteka i NGS sekvenciranje

Uzorkovanje mineralnih voda Torde, Slankamen Banje, Obrenovačke Banje, Lomnice i Velike Vrbnice je obavljeno pomoću posebne opreme (boce za dubinsko uzimanje uzoraka). Potom su uzorci kolektovani i transportovani u skladu sa standardima SRPS EN ISO - 19458:2009, u sterilnim staklenim bocama. Uzorci sa svih pojava su prikupljeni u tri primerka i izolacija DNK je obavljena zasebno iz svakog od njih. Za svaki uzorak, 1.000 mL vode je filtrirano pomoću 0,22 µm polikarbonatna filtera Isopore™ membrane (Merck Millipore Ltd., Irska). Izolacija DNK je izvršena sa filtera koristeći PowerSoil® DNK kit za izolaciju (MO BIO Laboratorija, Inc. Carlsbad, SAD) sledeći uputstva proizvođača. Ukupna DNK iz svakog uzorka je objedinjena u jedan uzorak za svako mesto uzorkovanja i njena koncentracija je izmerena koristeći Qubit fluorometrijski uređaj (Qubit 4 Fluorometer, Invitrogen™, SAD). Biblioteke amplikona su pripremljene prema Illumina protokolu (Cod. 15044223 Rev. A). Umnožavanje 16S rDNK gena sa V3 i V4 regionom postignuto je sa definisanim „forward” (5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3') i reverznim (5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3') prajmerima kojima su pridodate barkod adapterne sekvence (Klindworth et al., 2013). Amplifikacija 16S rDNK je obavljena pomoću Nextera XT Indeks kita (FC-131-1.096). 1 µL PCR proizvoda je analiziran na Bioanalizatoru DNK 1.000 čipu za verifikaciju veličine (~550 bp) i nakon analize svakog od uzorka, biblioteke su sekvencirane korišćenjem 2 ×300 bp slobodne reakcije (MiSeq Reagent kit v3 (MS-102-3.001)) na MiSeq sekvenceru sledeći uputstva proizvođača (Illumina).

3.1.6.2 Obrada sekvenci, taksonomska anotacija i bioinformatička analiza

Ocena kvaliteta je obavljena koristeći "prinseq-lite" program (Schmieder & Edwards, 2011), primenjujući sledeće parametre: min_length (50); trim_qual_right (30); trim_qual_type (mean) i trim_qual_window (20). R1 i R2 sekvence iz Illumina sekvenciranja su spojene koristeći "flash" program (Magoč & Salzberg, 2011). Podaci su dobijeni koristeći protokol napisan u „Rstatistics" okruženju (R Core Team, 2012). Utišavanje, povezivanje uparenih krajeva i uklanjanje himera je dobijeno DADA2 protokolom (Callahan et al., 2016). Za taksonomsku anotaciju korišćen je "Naive Bayesian" klasifikator koji je integrisan u qiime2 dodacima povezanih sa "SILVA_release_132" bazom podataka (Quast et al., 2013). Taksonomske tabele su sumirane koristeći Krona alatku kao interaktivni prikaz raspodela taksona po uzorcima (Ondov et al., 2011). Sve kalkulacije i statističke analize su sprovedene u okviru R statistike pomoću sledeće navedenih paketa i protokola: knitr, knitcitations, markdown: izveštaj i referentno okruženje; paketi biokonduktora za genomske podatke (Biostrings); paket ekološke zajednice – Vegan. Svi statistički pristupi prikazuju sve one taksone koji nisu bili zastupljeni sa manje od tri sekvence po uzorku. Bakterijska raznolikost unutar zajednica (alfa diverzitet) je određena analizom koja se zasniva na uzorkovanju OUT-a (engl. "Operational Taxonomic Unit – OUT") i prikazana je kroz populacione indikatore poput Shannon, Simpson, invSimpson i FisherAlpha indeksa. Uočeno i procenjeno bogatstvo taksona

određeno je na osnovu sledećih procenjivača: broj posmatranja (OBS), Chao 1, Chao1 standard error, ACE i ACE standard error. Pored toga, rarefakciona analiza je obavljena da se omogući ocena ukupne raznolikosti pokrivena dobijenim sekvencama. Beta diverzitet ili raznolikost koju dele zajednice uzoraka je određen koristeći analizu glavnih komponenti (eng. "*Principal Component Analysis – PCoA*") što omogućava vizuelizaciju informacija u setu podataka koji sadrže pojedinačne/opservacije opisane višestrukim međusobno povezanim kvantitativnim varijablama (Lê et al., 2008), kao i kroz analize grupisanja (eng. "*Cluster Analysis – CA*"). Alfa i beta diverziteti bakterijskih zajednica utvrđene su upoređivanjem razlika na taksonomskom nivou, uključujući razdeo, familiju i rod.

3.1.6.3 Raspoloživost podataka

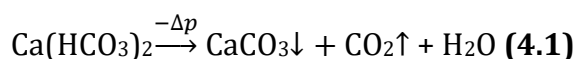
Podaci su pohranjeni u u NCBI bazu (engl. "*National Center for Biotechnology Information*") kao PRJNA627735 BioProject pod sledećim pristupnim brojevima: [Torda mineralna voda - uzorak B1 (SAMN14682966), Slankamen Banja mineralna voda - uzorak B2 (SAMN14682967), Lomnički kiseljak mineralna voda - uzorak B3 (SAMN14682968), Velika Vrbnica mineralna voda - uzorak B4 (SAMN14682969), Obrenovačka Banja mineralna voda - uzorak B5 (SAMN14682970)]. Dodatno, tabela procentualne zastupljenosti bakterijskih zajednica prikazana je u prilogu naniovu razdela (Prilog 1), familije (Prilog 2) i roda (Prilog 3).

4. REZULTATI I DISKUSIJA

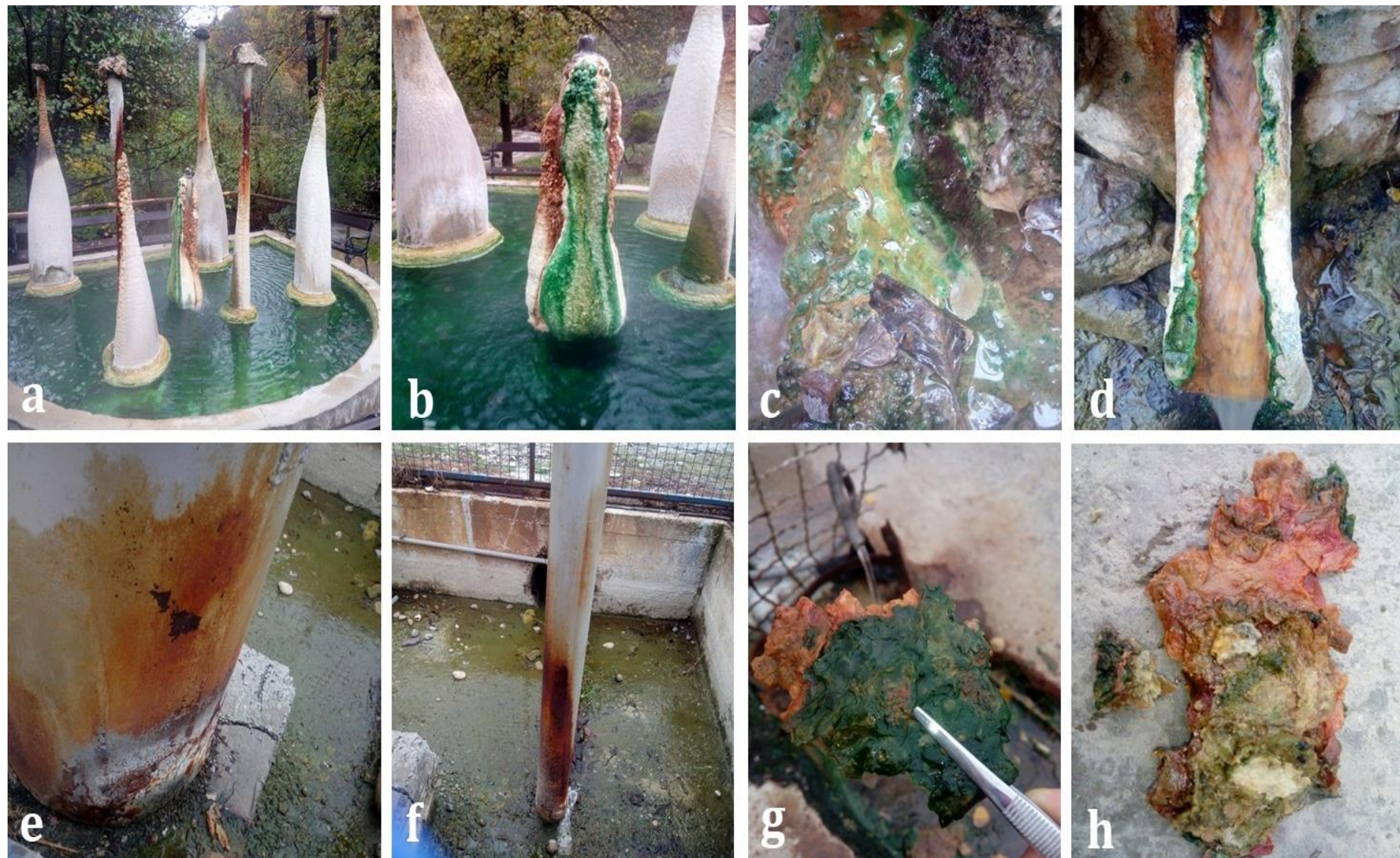
4.1 TERENSKE OPSERVACIJE

Tokom posmatranja odabranih pojava, uočen je razvoj procesa korozije, (bio)hemijske inkrustacije i biozarastanja na gornjim delovima konstrukcija vodozahvatnih objekata nekih od istraživanih mineralnih voda. Tako je na Slikama 4.1a i 4.1b prikazan razvoj naslaga inkrustacije krupnijih razmera u matriksu sa biofilmovima koji se razvijaju u zonama isticanja mineralnih voda Lukovske Banje, dok je na Slici 4.1c prikazan razvoj biofilмова bez primetnih naslaga inkrustacije, odnosno pojava mineralnih depozita i sluzi prikazana je na Slici 4.1d. Na Slikama 4.1e i 4.1f prikazan je razvoj procesa korozije na gornjim delovima konstrukcije bunara „BB-1” u Bogatiću, dok se na delovima terena neposredno uz gornje delove konstrukcije istog objekta uočava razvoj sluzi. Na Slikama 4.1g i 4.1h prikazani su različito obojeni biofilmovi uzorkovani u okviru zona isticanja bunara „BMe-1” u Metkoviću. Zapaženo je taloženje čestica različitog porekla u okviru naslaga biofilмова. Na Slici 4.2a prikazan je razvoj procesa korozije gornjih delova konstrukcije bunara „BMe-1” u Metkoviću, u čijim zonama isticanja je bio zapažen intenzivan razvoj biofilмова i biomata (Slika 4.2b). Na Slici 4.2c se uočava razvoj sluzi na delovima česme za pijenje lekovitih mineralnih voda Selters Banje, dok Slike 4.2d i 4.2e prikazuju razvoj biofilмова i taloga na mestima isticanja mineralnih voda Vrnjačke Banje. Osim prethodno navedenih pojava, razvoj biofilмова i taloženje naslaga inkrustacije uočeno je na mestima isticanja pregrejanih mineralnih voda Vranjske Banje (Slika 4.2f). Zapažen je i razvoj procesa korozije na gornjim delovima konstrukcije vodozahvatnog objekta nekih od istraživanih lokaliteta u sklopu Vranjske Banje (Slika 4.2g).

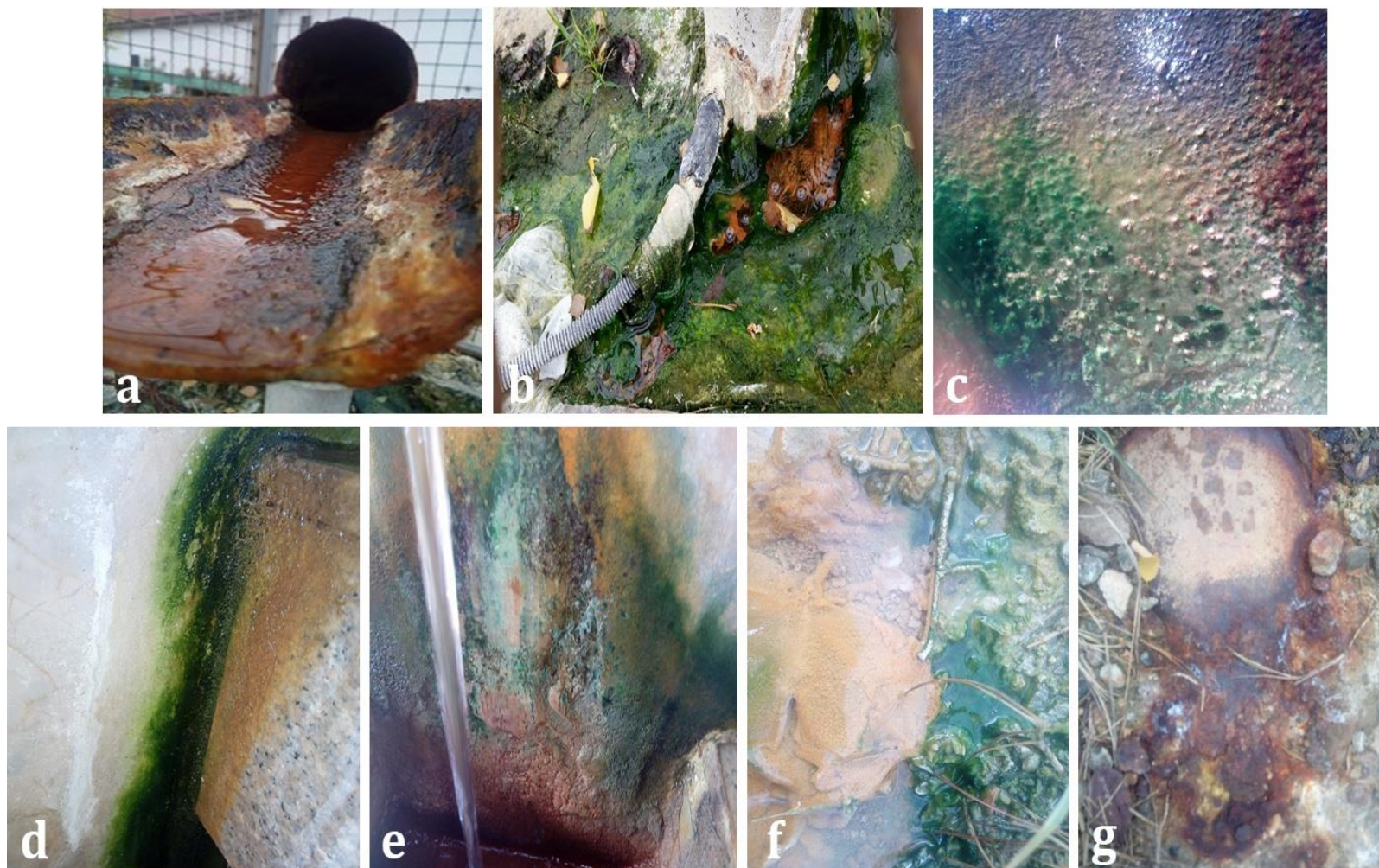
Kada je reč o mineralnim vodama Lukovske Banje, i drugi autori navode da je u zonama isticanja navedene pojave zapažena pojava taloženja naslaga bigra, gvožđa i mulja, zbog čega mesta isticanja zadobijaju karakterističnu mrku, žutu, oker, crvenu i zelenu boju. Takođe, mineralni izvori banje su relativno promenljivi u prostoru i vremenu, na šta ukazuju naslage inkrustacija krupnijih razmera, posebno uočene u Donjoj banji kod hotela „Kopaonik”, a promenljive su i njihove balneološke osobine i fizičko-hemijski sastav, a prvenstveno zavisi od godišnjeg doba (Maćejka, 2005). Generalno, mesta isticanja mineralnih voda Srbije karakteriše česta pojava precipitacije naslaga kalcijum-karbonata u vidu kalcitskih žica, travertina, kalcitskih interakcija, itd. (Protić, 1995; Šaraba et al., 2019a), pri čemu se CaCO_3 u vidu mermernog oniksa taloži na sledeći način (Dragišić & Živanović, 2014):



Zasigurno je da mesta isticanja mineralnih voda predstavljaju pogodne sredine za razvoj biofilмова, budući da mineralne vode u svom sastavu sadrže hemijske elemente u rastvorenom stanju neophodne mikroorganizmima za dalji razvoj i reprodukciju (Šaraba & Popović, 2018). Takođe, na prisustvo biofilмова, ukazuju primeri njihovog razvoja u brojnim pojavama mineralnih voda u svetu, što ukazuje na činjenicu da mineralne vode Srbije ne predstavljaju jedinstven slučaj sa aspekta razvoja biofilмова. Prema Roeselers et al. (2007), prisustvo fototrofnih biofilмова zabeleženo je u termalnim izvorima na istočnoj obali Grenlanda, pri čemu fototrofni biofilmovi, prema Roeselers et al. (2008), mogu imati primenu u tretmanu otpadnih voda, bioremedijaciji, proizvodnji biohidrogena, akvakulturi, itd.



Slika 4.1 Zatečeno stanje na nekim od istraživanih lokaliteta mineralnih voda: a, b, c, d – Razvoj procesa inkrustacije i biofilmova u zonama isticanja Lukovske Banje; e, f – Stanje gornjih delova konstrukcije bunara „BB-1“ u Bogatiću; g, h – Uzorci biofilmova iz zona isticanja mineralnih voda bunara „BMe-1“ u Metkoviću



Slika 4.2 Zatečeno stanje na nekim od istraživanih lokaliteta mineralnih voda: a – Stanje gornjih delova konstrukcije bunara „BMe-1 u Metkoviću“; b – Razvoj biofilмова u zonama isticanja mineralnih voda bunara „BMe-1“ u Metkoviću; c – Razvoj „sluzi“ (biofilмова) na delovima česme za pijenje lekovitih mineralnih voda Selters Banje; d, e – Razvoj biofilмова i pojava taloga u zonama isticanja mineralnih voda izvorišta „Jezero“ – Vrnjačka Banja (bivete za točenje mineralnih voda); f – Razvoj biofilмова i taloženje naslaga inkrustacije u zonama isticanja mineralnih voda Vranjske Banje; g – Stanje gornjih delova konstrukcije vodozahvatnih objekata nekih od istraživanih lokaliteta u Vranjskoj Banji

4.2 ANALIZE NASLAGA INKRUSTACIJE I BIOFILMOVA

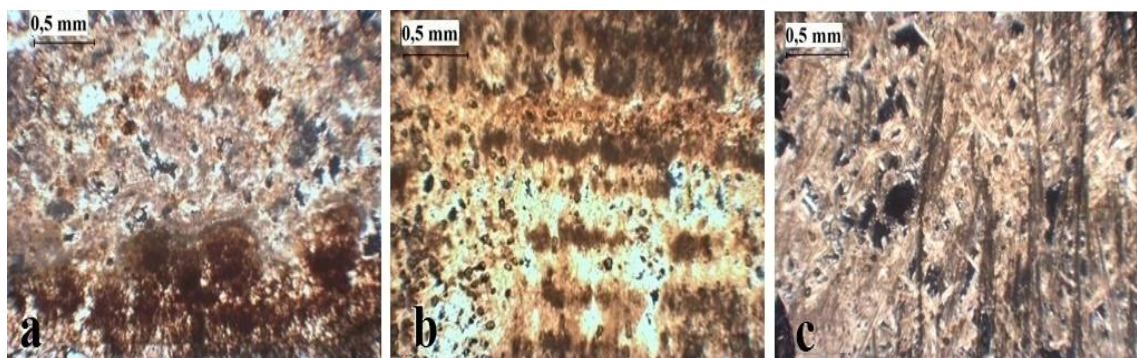
Na primerima odabranih pojava mineralnih voda Srbije (Bogatić, Lukovska Banja i Vranjska Banja), zapažen je razvoj procesa inkrustacije u matriksu sa biofilmovima koji su analizirani koristeći skenirajuću elektronsku mikroskopiju, uz prognozu mogućeg uticaja biofilмова na nastanak i tok procesa inkrustacije. Uz to, izvršeno je utvrđivanje mineralnog sastava naslaga inkrustacije makroskopskim pregledom, optičkim ispitivanjem i rendgenskom difrakcijom praha. Takođe, cilj je bio i da se ukaže na povezanost hemijskog sastava mineralnih voda i mineralnog sastava ovih naslaga primenom hidrogeohemijskog modeliranja (Šaraba et al., 2019a).

4.2.1 Makroskopska, optička i difrakciona ispitivanja naslaga inkrustacije

Uzorci naslaga inkrustacije su ispitani primenom različitih metodskih postupaka (makroskopskih, optičkih i difrakcionih), čiji rezultati ispitivanja su prikazani u nastavku teksta (Šaraba et al., 2019a):

- Makroskopskim ispitivanjem svih uzoraka sa razblaženom hlorovodoničnom kiselinom (HCl) dobijene su snažne reakcije što je ukazalo na veliko prisustvo kalcita (CaCO_3). Rastvori su nakon testiranja imali tonove mrke boje, što je ukazivalo na moguće prisustvo gvožđevitih oksida i hidroksida u uzorcima. Takođe, Gunnlaugsson et al. (2014) navode podatke o naslagama inkrustacije karbonatnog porekla (kalcit i aragonit) izuzetno bele boje u bunarima termalnih voda, što nije bio slučaj sa ispitivanim naslagama inkrustacije, imajući u vidu prisustvo dodatnih primesa;
- Prilikom makroskopskog pregleda uzoraka BB-1 (Bogatić) i LB (Lukovska banja), zapažena je mikro-krupnokristalasta struktura, te da su teksturne karakteristike uzoraka relativno dobro sačuvane. Prepoznat je bio višefazni rast koji je uzorcima dao izvesnu talasastu laminiranost. Lamine su bile različito obojene, u nijansama smeđe/oker boje kod uzorka BB-1 (Bogatić), dok su kod uzorka LB (Lukovska banja) lamine bile svetlo smeđe, tamno smeđe ili tamno sive. Uzorci su imali tanku i nepravilnu laminaciju, i strukturno su izdvojene guste mikrotske i jako porozne lamine ili proslojci krupnije kristalaste strukture;
- Izmena takva dva tipa lamina može biti posledica taloženja kalcita iz toplije i hladne vode i načina rasta cijanobakterija usled sezonskih promena (Tišljarić, 2001). Takođe, i Pedley (1992), Perry (1999) i Riding (2000) ukazuju na veoma česte primere uticaja biofilмова u formiranju mineralnih depozita;
- Uzorci su imali određenu čvrstinu tako da se nisu mogli lako zdrobiti pod prstima u suvom stanju. Optičkim ispitivanjima takođe je potvrđeno da je uzorke BB-1 (Bogatić) i LB (Lukovska banja) karakterisla naglašena laminirana tekstura, čije lamine su bile veoma tanke, sa debljinama koje su bile u okviru 0.025 do 1 mm i međusobno su se razlikovale u boji. Sve lamine, bez obzira na debljinu, imale su manje ili više naglašenu zatalasanost. Zatalasanost je neki put bila veoma naglašena, tako da je prelazila u deformacione teksture – mikrokonvolucija;
- Analizom uzorka BB-1 (Bogatić), u toku optičkih ispitivanja, zaključeno je da je uzorak dominantno izgrađen od kalcita. Prisutan je bio u kristalnim zrnima različitih dimenzija, odnosno veličina kristala je bila od mikronskih dimenzija (veća do 10 mikrona) do delova milimetra. Najveći monokristali ili agregati monokristala su bili veličina do 0.5 mm. Kristalna kalcitska zrna su bila bistra i sa karakterističnom birefrakcijom (različit reljef u dva pravca). Ovakav kalcit je bio vezan za svetle, dominantno kalcitske lamine (Slika 4.3a). De Zwart (2007) navodi slične podatke o dimenzijama kristala kalcita u sastavu karbonatnih naslaga

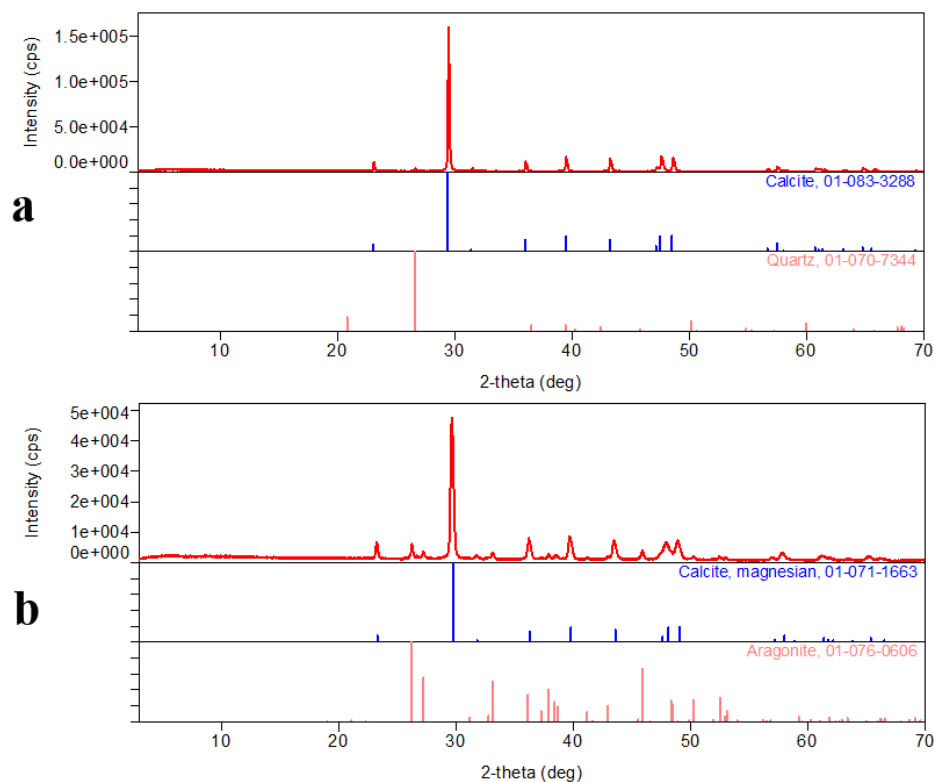
inkrustacije iz podzemnih voda i ukazuje na nepravilne oblike kristala kalcita dimenzija od 3 – 5 μm ;



Slika 4.3 Mikroskopski izgled naslaga inkrustacije: a. uzorak BB-1 sa bunara „BB-1“ (Bogatić); b. uzorak LB sa bunara „LB-4“ i „LB-5“ (Lukovska Banja); c. uzorak VG-2 sa bunara VG-2 (Vranjska Banja) (Preuzeto od: Šaraba et al., 2019a)*

*a. Osnova je izgrađena od sitnih kristala kalcita. Tamnija ili mrka lamina je izgrađena od zrna koji su agregati mikritskog kalcita pigmentiranog sa Fe hidroksidima; b. Osnova je od sitnih kristala kalcita. Tamna zrna/lamine su od mikritskog kalcita pigmentiranog sa Fe hidroksidima; c. Osnova je od sitnih kristala kalcita isprepletenih sa vlaknastim aragonitom. Tamnija ili mrka zrna su agregati kalcita i aragonita pigmentiranih sa Fe hidroksidima.

- Mrka, slabo prozračna zrna su bila drugi sastojak po zastupljenosti kod uzorka BB-1 (Bogatić). Ova zrna predstavljala su agregate mikrokristalastog kalcita jako pigmentiranih gvožđevitim hidroksidima (verovatno u amorfnom stanju). Ovaj sastojak je vodio poreklo od tanjih tamnomrkih lamina (Slika 4.3a). Nekarbonatni deo uzorka BB-1 (Bogatić) je bio terigena komponenta pelitskih dimenzija (minerali glina) intimno izmešana sa mikrokristalastim kalcitom, kao i veoma mala količina zrna kvarca i ljuspica filosilikata (sericit-sitnoljuspasti muskovit) alevritskih dimenzija. Organske supstance su bile fino dispergovane u uzorku. Prema optičkim pokazateljima, njihov sadržaj je bio manji od 2%. Uzorak BB-1 (Bogatić) je određen kao talasasto laminirana kalcitska naslaga. Rendgenskom difrakcijom praha uzorka BB-1 (Bogatić) potvrđeno je da je u uzorku bio najzastupljeniji mineral kalcit, koga je pratila znatno manja količina minerala kvarca (Slika 4.4a);
- Optičkim ispitivanjem uzorka LB (Lukovska Banja) zaključeno je da je uzorak bio dominantno izgrađen od kristalastog kalcita. Prisutni su bili i agregati mikrokristalastog kalcita intimno izmešani sa gvožđevitim hidroksidima. U ovom uzorku ističu se zrna sa radijalno zrakastim rastom karbonata (Slika 4.3b). Ovakav karbonat – aragonit, uglavnom kristališe u vodama sa povišenim temperaturama, što je bio i slučaj sa mineralnim vodama Lukovske Banje. Prema Guo & Riding (1992), iglasti agregati aragonita mogu u svom sastavu sadržati i mikroorganizme, koji, između ostalog, uzorkuju i njihovo taloženje;

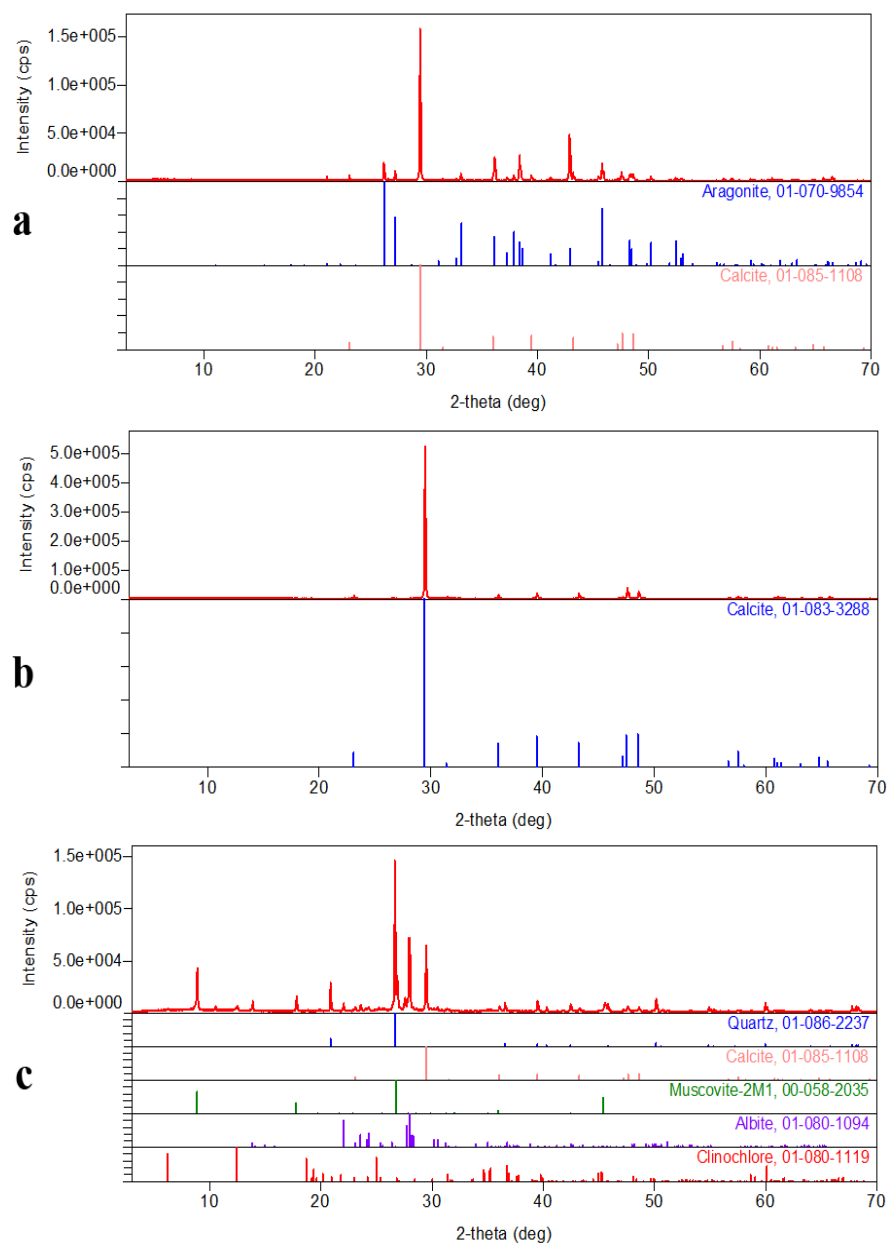


Slika 4.4 Rezultati rendgenske difrakcije praha naslaga inkrustacije: a. uzorak BB-1 sa bunara BB-1 (Bogatić); b. uzorak LB sa bunara LB-4 i LB-5 (Lukovska Banja) (Preuzeto od: Šaraba et al., 2019a)

- Takođe, u uzorku LB (Lukovska Banja) bili su prisutni i terigeni sastojci (sitnozrno peskovita frakcija) u veoma malim sadržajima. Moguće je da su sitna zrna kvarca bila posledica kontaminacije tokom uzorkovanja ili su bila nalepljena prilikom taloženja karbonatnih naslaga inkrustacije. Uzorak LB (Lukovska Banja), na osnovu optičkih pokazatelja, bio je određen kao laminirana kalcitska naslaga. Dominantno prisustvo minerala kalcita u uzorku LB (Lukovska Banja) je potvrđeno i rendgenskom difrakcijom praha uzorka, koga je pratio znatno manje zastupljen mineral aragonit (Slika 4.4b);
- Makroskopskim pregledom uzoraka VG-2, VG-2* i VG-3 (Vranjska Banja), zaključeno je da su tokom uzorkovanja narušene njihove teksturne karakteristike. Ovi uzorci su bili rastresiti, a činile su ih čestice, zrna i fragmenti od submilimetarskih do centimetarskih dimenzija. Krupni, centimetarski fragmenti su bili u tonovima svetlo sive i svetlo smeđe boje. Na osnovu uzorka VG-2* (Vranjska Banja), može se pretpostaviti i da su ostala dva uzorka (Vranjska Banja: VG-2 i VG-3) bila sa istim teksturnim karakteristikama. Odlikuju se nepravilnom laminacijom tankih mikritskih do srednje kristalastih lamina i lamina sastavljenih od agregata aragonitskih iglica u obliku snopova (Slika 4.3c). Primenom optičke mikroskopije, analiziran je uzorak VG-2 sa lokaliteta Vranjske Banje, dok su rendgenskom difrakcijom praha detaljno analizirana sva tri uzorka: VG-2, VG-2* i VG-3 (Vranjska Banja). Optičkim ispitivanjima uzorka VG-2 (Vranjska Banja) zaključeno je da je uzorak izgrađen od štapićastih i vlaknastih agregata aragonita i kalcita. Cepljivost u vlaknastim agregatima je bila slabo vidljiva. Step en kristaliniteta je bio od mikro do krupno kristalaste strukture. Krupni monokristali kalcita su se isticali visokom prozračnošću. Preostali delovi uzorka, optički teško odredljivi, su bili minerali glina i Fe oksidi i hidroksidi koji su uzorku dali tonove

mrke boje. Uzorak VG-2 (Vranjska Banja), na osnovu optičkih pokazatelja, je bio određen kao kalcitsko aragonitska naslaga. Rendgenskom difrakcijom praha ustanovljeno je da je u uzorku VG-2 (Vranjska Banja) bio dominantan mineral kalcit, koga je pratio manje zastupljen mineral aragonit. Druge mineralne faze u uzorku nisu bile prisutne (Slika 4.5a), dok je u uzorku VG-2* (Vranjska Banja) jedino bio zastupljen mineral kalcit (Slika 4.5b). U uzorku VG-3 je bio najzastupljeniji mineral kvarc, koga je po zastupljenosti pratio mineral kalcit i mineral iz grupe liskuna (muskovit). Manje zastupljene faze su bili minerali iz grupe plagioklasa i minerali iz grupe hlorita (Slika 4.5c).

Rezultati petrografsko-mineraloških ispitivanja pokazali su da se praktično radi o mineraloški i hemijski istovetnim naslagama inkrustacije. Njihova zajednička osobina je dominantno prisustvo minerala kalcijum-karbonatna u naslagama inkrustacije, neznatna debljina od nekoliko centimetara, kao i visok stepen poroznosti ispitivanih uzoraka. Teksturno uzorke karakteriše smena horizontalnih ili talasastih karbonatnih lamina izgrađenih od mikrita sa tankim smeđim tonovima oksida i hidrokksida gvožđa ili organske supstance, i onih izgrađenih od radijalno zrakastog ili srednje do krupnokristalastog kalcita i aragonita (Šaraba et al., 2019a). Vode sa povišenim temperaturama su zasićene silicijum-dioskidom i blizu su stepena zasićenosti kalcitom, kalcijum-sulfatom, kalcijum-fluoridom, silikatima magnezijuma, aluminujima, gvožđa, kao i sulfidima metala (Ölçenoğlu, 1986; Gunnlaugsson & Einarsson, 1989; Kristmannsdóttir, 1989; Honegger et al., 1989; Pátzay et al., 2003; Demir et al., 2014; Šaraba et al., 2019a). Na slične navode ukazuju i drugi autori koji sugerišu da su najčešći mineralni depoziti u geotermalnim uslovima predstavljeni karbonatima i silicijum-dioksidom, uz moguću precipitaciju i sulfida teških metala (Cu, Pb, Zn) (Brown, 2013), te hlorit, liskuni, itd. (De Zwart, 2007; Šaraba et al., 2019a), što je i slučaj sa pojavom u Vranjskoj Banji, gde je detektovan kvarc, albit, muskovit i klinohlor. Zapravo, hemijski sastav mineralnih voda je ključan za nastanak i tok procesa inkrustacije, s obzirom na to da taloženje naslaga inkrustacije zavisi, pre svega, od vrednosti ukupne mineralizacije mineralnih voda, a rezultat je geološke građe terena. Samim tim, geološka građa posredno utiče i na formiranje naslaga inkrustacije (Šaraba et al., 2019a), čija precipitacija, kada je reč o karbonatnim talozima, se može odvijati ne samo u krečnjačkim sredinama, već i kod bunara koji kaptiraju mineralne vode iz drugačijih litoloških sredina, sa sadržajem karbonata iznad nekoliko masenih procenata (Majkić, 2013; Šaraba et al., 2019a). Generalno, pojava precipitacije mineralnih depozita iz termalnih voda u okviru zona isticanja je česta pojava, a nastaje kao rezultat promene pritiska, temperature, pH vrednosti, itd. (Dragišić & Živanović, 2014), pri čemu na proces inkrustacije mogu uticati i različiti mikrobiološki procesi (Cullimore, 1999; De Zwart, 2007; Pušić, 2011; Obradović et al., 2012).



Slika 4.5 Rezultati rendgenske difrakcije praha naslaga inkrustacije: a. uzorak VG-2 sa bunara „VG-2“ (Vranjska Banja); b. uzorak VG-2* sa bunara „VG-2“ (Vranjska Banja); c. uzorak VG-3 sa bunara „VG-3“ (Vranjska Banja) (Preuzeto od: Šaraba et al., 2019a)

4.2.2 Hidrogeohemijsko modeliranje

Prema Šaraba et al. (2019a), za interpretaciju rezultata hidrogeohemijskog modeliranja izdvojene su samo pozitivne vrednosti indeksa zasićenja ($SI > 0$), s obzirom na to da ukazuju na prezasićenje vode u odnosu na dati mineral i, samim tim, na mogućnost njegovog taloženja (Appelo & Postma, 1994). Rezultati opisanog modeliranja prikazani su u Tabeli 4.1.

Tabela 4.1 Indeksi zasićenja (SI) za osnovne minerale iz grupe karbonata, oksida, hidroksida i silikata (Preuzeto od: Šaraba et al., 2019a)

Pojava/Bunar	SI	Mineral	Formula
Bogatić/BB-1	0.08	Kalcit	CaCO ₃
	7.03	Getit	FeOOH
	16.24	Hematit	Fe ₂ O ₃
	3.67	K-mika	KAl ₃ Si ₃ O ₁₀ (OH) ₂
	0.86	Kaolinit	Al ₂ Si ₂ O ₅ (OH) ₄
	0.15	Kvarc	SiO ₂
Lukovska banja/LB-4	0.93	Aragonit	CaCO ₃
	1.04	Kalcit	CaCO ₃
	2.92	Hlorit(14A)	Mg ₅ Al ₂ Si ₃ O ₁₀ (OH) ₈
	0.05	Hrizotil	Mg ₃ Si ₂ O ₅ (OH) ₄
	2.19	Dolomit	CaMg(CO ₃) ₂
	7.14	Getit	FeOOH
	16.46	Hematit	Fe ₂ O ₃
	2.09	K-mika	KAl ₃ Si ₃ O ₁₀ (OH) ₂
Lukovska banja/LB-5	0.01	Kvarc	SiO ₂
	0.31	Aragonit	CaCO ₃
	0.43	Kalcit	CaCO ₃
	0.96	Dolomit	CaMg(CO ₃) ₂
	6.63	Getit	FeOOH
	15.43	Hematit	Fe ₂ O ₃
	4.49	K-mika	KAl ₃ Si ₃ O ₁₀ (OH) ₂
	1.54	Kaolinit	Al ₂ Si ₂ O ₅ (OH) ₄
Vranjska Banja/VG-2	0.09	Kvarc	SiO ₂
	0.12	Anortit	CaAl ₂ Si ₂ O ₈
	0.72	Aragonit	CaCO ₃
	0.00	Ca-Montmorijonit	Ca _{0.165} Al _{2.33} Si _{3.67} O ₁₀ (OH) ₂
	0.83	Kalcit	CaCO ₃
	5.55	Hlorit(14A)	Mg ₅ Al ₂ Si ₃ O ₁₀ (OH) ₈
	0.34	Dolomit	CaMg(CO ₃) ₂
	0.30	Gibsit	Al(OH) ₃
	6.44	Getit	FeOOH
	15.14	Hematit	Fe ₂ O ₃
	0.00	Ilit	K _{0.6} Mg _{0.25} Al _{2.3} Si _{3.5} O ₁₀ (OH) ₂
	6.25	K-mika	KAl ₃ Si ₃ O ₁₀ (OH) ₂
Vranjska Banja/VG-3	1.61	Kaolinit	Al ₂ Si ₂ O ₅ (OH) ₄
	-0.02	Kvarc	SiO ₂
	0.26	Anortit	CaAl ₂ Si ₂ O ₈
	0.89	Aragonit	CaCO ₃
	0.06	Ca-Montmorijonit	Ca _{0.165} Al _{2.33} Si _{3.67} O ₁₀ (OH) ₂
	0.99	Kalcit	CaCO ₃
	6.19	Hlorit(14A)	Mg ₅ Al ₂ Si ₃ O ₁₀ (OH) ₈
	0.14	Hrizotil	Mg ₃ Si ₂ O ₅ (OH) ₄
	0.65	Dolomit	CaMg(CO ₃) ₂
	0.28	Gibsit	Al(OH) ₃
	5.85	Getit	FeOOH
	13.96	Hematit	Fe ₂ O ₃
	0.11	Ilit	K _{0.6} Mg _{0.25} Al _{2.3} Si _{3.5} O ₁₀ (OH) ₂
6.29	K-mika	KAl ₃ Si ₃ O ₁₀ (OH) ₂	
1.60	Kaolinit	Al ₂ Si ₂ O ₅ (OH) ₄	
0.00	Kvarc	SiO ₂	

S obzirom na to da prisustvo ili odsustvo nekog minerala u naslagama inkrustacije zavisi, između ostalog, i od kinetike (brzine) taloženja u datim uslovima (tj. SI>0 za neki mineral ne znači nužno i da je taj mineral zaista prisutan u naslagama inkrustacija), rezultati

hidrogeohemijskog modeliranja indeksa zasićenja minerala interpretirani su u skladu sa rezultatima makroskopskih, optičkih i difrakcionih ispitivanja naslaga inkrustacije (Šaraba et al., 2019a).

Vrednosti indeksa zasićenja za uzorak mineralne vode iz Bogatića (bunar „BB-1“) ukazuju na neznatno prezasićenje vode u odnosu na mineral kalcit, što ukazuje na mogućnost stvaranja manjih količina karbonatnih naslaga u toku procesa inkrustacije, potvrđenog i mineraloškim analizama naslaga sa ove lokacije (Šaraba et al., 2019a). Blago prezasićenje mineralne vode u odnosu na mineral kvarc ($SI = 0,15$) nije dovoljno za formiranje silikatnih naslaga (Brown, 2013; Šaraba et al., 2019a). Izdvajaju se još i pozitivne vrednosti SI za okside i hidrokside gvožđa, koji su takođe konstatovani u uzorku naslaga inkrustacije sa ove lokacije, kao i za minerale muskovit i kaolinit, koji čine nekarbonatni deo ispitivanih naslaga. Poređenje hidrogeohemijskog modela, za uzorak mineralne vode sa bunara „BB-1“, sa rezultatima optičkih i difrakcionih ispitivanja uzorka naslaga inkrustacije BB-1, ukazuje na činjenicu da su svi minerali konstatovani u naslagama inkrustacije zaista istaloženi iz mineralne vode, sa izuzetkom zrna kvarca, koja su najverovatnije rezultat kontaminacije prilikom uzorkovanja. Kod uzoraka mineralne vode iz Lukovske Banje (bunari: „LB-4“ i „LB-5“), hidrogeohemijsko modeliranje ukazuje na mogućnost taloženja kalcita i aragonita, kao i gvoždevitih oksida i hidroksida, a prisustvo ovih minerala potvrđeno je i rendgenskom difrakcijom praha ispitivanog uzorka. Model ukazuje i na mogućnost taloženja magnezijumskih i kalijumskih silikata, kao i kaolinita i dolomita, ali oni nisu detektovani u uzorku naslaga inkrustacije. Kvarc je, praktično, u stanju hemijske ravnoteže u odnosu na vodu (vrednosti SI pozitivne, ali bliske nuli), pa se može pretpostaviti da je njegovo prisustvo u naslagama inkrustacije rezultat kontaminacije prilikom uzorkovanja. Za uzorke mineralne vode iz Vranjske Banje (bunari: „VG-2“ i „VG-3“) proračunati su pozitivni indeksi zasićenja za sledeće minerale: kalcit i aragonit, oksidi i hidroksidi gvožđa i kaolinit. Nabrojani minerali konstatovani su i optičkim ispitivanjima uzoraka naslaga inkrustacije. Hidrogeohemijski model sugerše još i na mogućnost taloženja iz vode muskovita i hlorita, čije prisustvo u naslagama inkrustacije potvrđuje i rezultat rendgenske difrakcije praha uzorka sa bunara „VG-3“. Međutim, treba naglasiti da je petrografsko-mineraloškom analizom utvrđeno da pomenuti uzorak naslaga inkrustacije najverovatnije sadrži i deo matične stene. Blago prezasićenje u odnosu na minerale dolomit i gipsit nije potvrđeno analizom uzoraka. Kvarc je, i u ovom slučaju, praktično u ravnoteži sa vodom (vrednosti SI negativne, ali bliske nuli) (Šaraba et al., 2019a).

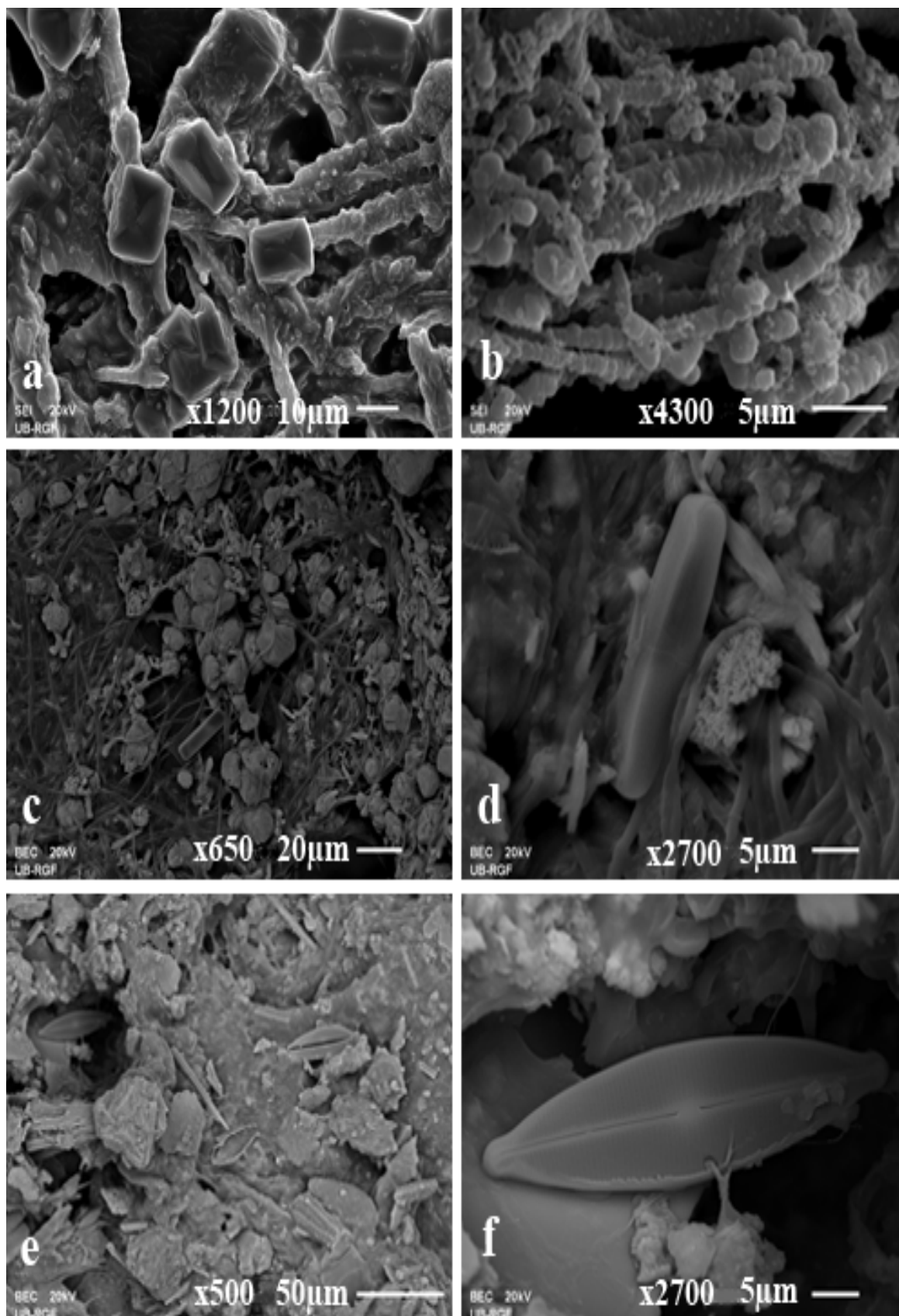
Na osnovu makroskopskih i optičkih ispitivanja naslaga inkrustacije sa sve tri lokacije, može se zaključiti da su ispitivane naslage u toku procesa inkrustacije nastale obaranjem iz vodenog rastvora, tj. precipitacijom kalcita sa laminarnim rastom i različitom pigmentacijom gvoždevitim hidroksidima. Silikatni minerali su mogli biti nalepljeni u toku procesa rasta skrama, što se posebno odnosi na filosilikate (minerali glina i sericit), ali ne treba isključiti ni mogućnost onečišćenja prilikom uzorkovanja. Međutim, pozitivni indeksi zasićenja pojedinih silikatnih minerala, u uzorcima mineralnih voda sa sve tri lokacije, ukazuju na mogućnost njihovog nalepljivanja tokom formiranja naslaga inkrustacije (Šaraba et al., 2019a).

4.2.3 SEM analize biofilmova

Mikroorganizmi mogu uticati na proces precipitacije karbonatnih sedimenata, što je uočeno u termalnim izvorima u okviru kojih je zapažena pojava taloženja naslaga travertina. U procesima precipitacije naročitu ulogu imaju cijanobakterije, koje veoma uspešno opstaju u aerobnim uslovima u kontaktnim zonama talog-voda (Riding, 2000). Upravo, takvi slučajevi su bili zapaženi u zonama isticanja mineralnih voda odabranih pojava, gde je uočeno prisustva biofilmova u matriksu sa naslagama inkrustacije.

Na slične navode ukazuju i drugi autori, koji navode da promene u metaboličkim aktivnostima unutar zajednica biofilmova i fizičko-hemijske promene u neposrednom okruženju mogu uzrokovati precipitaciju mineralnih taloga. Osim toga, cijanobakterije mogu generisati ekstracelularne polimerne supstance koje mogu poslužiti kao centri za nukleaciju karbonatnih taloga, pri čemu je unutrašnja precipitacija karbonatnih taloga češća kod cijanobakterija rasprostranjenih u lakustrinskim okruženjima i termalnim izvorima (Wilmeth et al., 2018). EPS ima naročitu ulogu u procesu precipitacije karbonatnih taloga, pri čemu se EPS akumulira izvan ćelije i formira lepljivu i zaštitnu matricu koja omogućava pričvršćivanje mikroorganizama za odgovarajuću podlogu, istovremeno obezbeđujući hemijsku i fizičku zaštitu, te ujedno doprinosi apsorpciji hranljivih supstanci (Riding, 2000).

Imajući u vidu prethodne navode, sa aspekta nastanka naslaga inkrustacije, važno je bilo izvršiti analizu biofilmova, što je izvedeno primenom skenirajuće elektronske mikroskopije. SEM mikrografije uzoraka biofilmova (Slike 4.6a, b, d, e) ukazale su na značajan razvoj EPS-a u matriksu biofilmova, u kojima se nalaze mineralni talozi vidljivi u obliku malih čestica, kao i u obliku većih fragmenata (na primer, Slika 4.6a). Na osnovu SEM mikrografija uzoraka biofilmova Bogatića, zapaženo je dominantno prisustvo trihalnih Cyanobacteria koje su bile gusto isprepletene i ugrađene u ekstracelularni matriks prekriven različitim mineralnim česticama (Slike 4.6a i 4.6b). U uzorcima biofilmova Lukovske Banje takođe su zapažene trihalne Cyanobacteria (Slika 4.6c), ali su bili prisutni i predstavnici razdela Bacillariophyta. EPS u ovom uzorku nije bio razvijen kao u uzorcima biofilmova iz Bogatića, ali je takođe bio prisutan. Čestice različitog porekla primećene su u EPS-u uzoraka iz Vranjske Banje (Slika 4.6e), zajedno sa predstavnicima razdela Bacillariophyta. Imajući u vidu priložene mikrografije, može se zaključiti da su biofilmovi na gornjim delovima konstrukcija vodozahvatnih objekata i u blizini mesta isticanja mineralnih voda bili veoma razvijeni, kao i da su Cyanobacteria bile dominantne u uzorcima biofilmova Bogatića i Lukovske Banje, odnosno mnogo manje dominantne u uzorcima biofilmova iz Vranjske Banje (Šaraba et al., 2019a).



Slika 4.6 SEM mikrografije cijanobakterija i algi biofilmova (a, b, c, d – O. Krunić; e, f – V. Šaraba) (Preuzeto od: Šaraba et al., 2019a)

Legenda: a, b. Bogatić (trihalne Cyanobacteria ugrađene u EPS koji je pokriven česticama različitog porekla); c, d. Lukovska Banja (trihalne Cyanobacteria i Bacillariophyta); e, f. Vranjska Banja (predstavnici Bacillariophyta vidljivi na obe mikrografije).

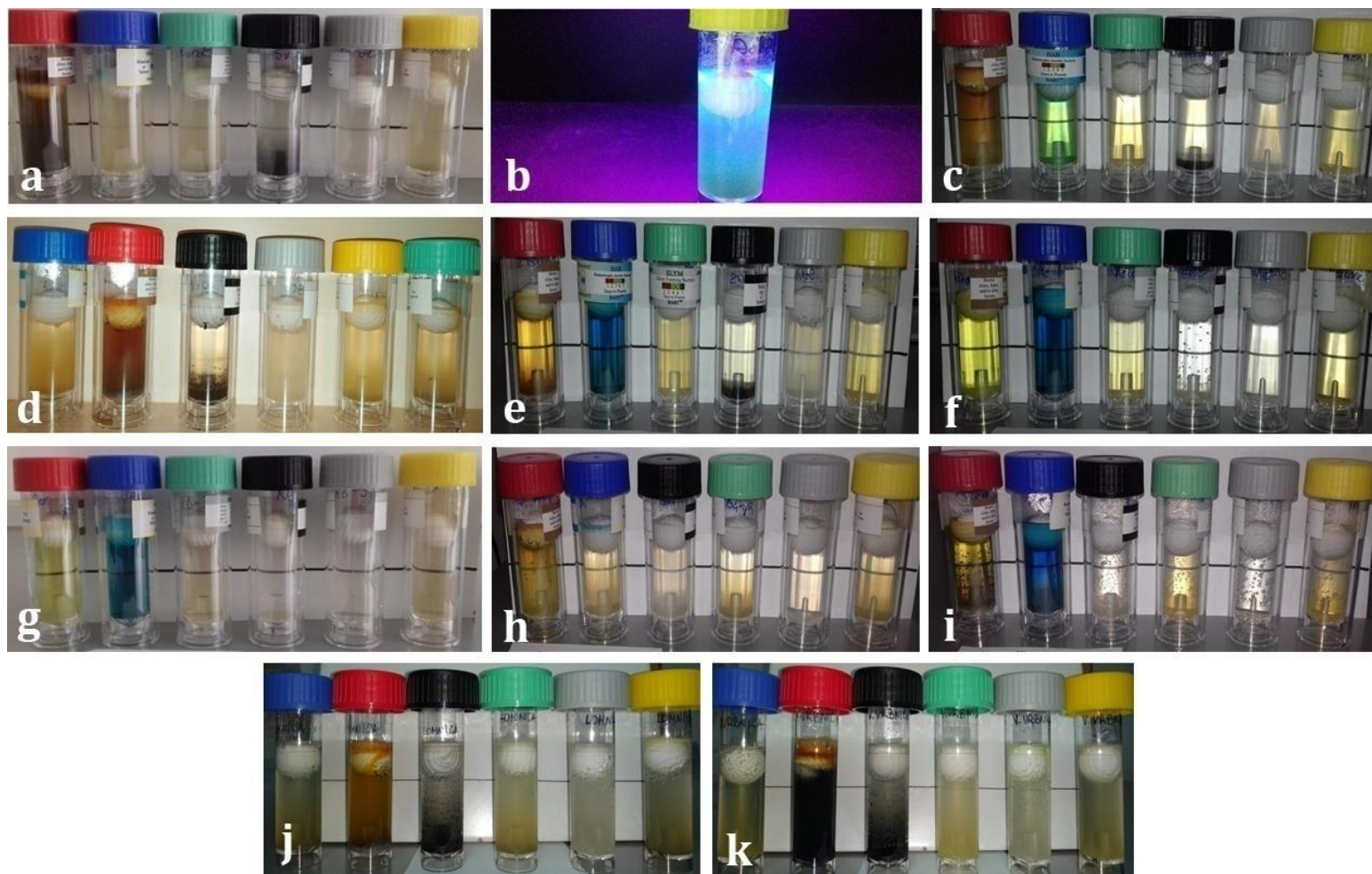
Stvaranje naslaga kalcijum-karbonata uzrokovano metaboličkim aktivnostima cijanobakterija u većini slučajeva smatra se nekontrolisanim procesom ili procesom podstaknutim fotosintetičkim unosom neorganskog ugljenika koji povećava vrednost pH u neposrednoj blizini cijanobakterija, odnosno procesom uzrokovanim karakterističkim same ćelijske površine koja favorizuje precipitaciju kalcijum-karbonata. Međutim, različite vrste cijanobakterija imaju sposobnost unutarćelijskog formiranja amorfnih minerala kalcijum-karbonata (Xu et al., 2019). Kalcifikacija cijanobakterija zavisi od hemijskog sastava vode, kao i od fizioloških i morfoloških faktora, kao što je prinos fotosintetskog biokarbonata i postojanje odgovarajućeg omotača. Generalno, kalcifikacija je ograničena na vrste koje preferiraju oligotrofna okruženja siromašna fosatima, pri čemu različiti faktori okruženja, poput stepena zasićenosti vode u odnosu na minerale kalcijum-karbonata, te koncentracija rastvorenog ugljen-dioksida i fosfata, mogu uticati na pojavu fosilnih kalcifikujućih cijanobakterija (Merz-Preiß, 2000).

➤ **Uloga i značaj proučavanja naslaga inkrustacije i biofilmova**

Pojave mineralnih voda koje su bile predmet istraživanja zasigurno u budućnosti zaslužuju posebnu pažnju i uspostavljanje konstantnog monitoringa, kojim bi se, između ostalog, omogućilo praćenje stanja gornjih delova konstrukcija bunara i zona isticanja koje predstavljaju idelanu podlogu za razvoj procesa inkrustacije i biozarastanja. Manifestacije metaboličkih aktivnosti biofilmova, između ostalog, mogu da utiču i na razvoj procesa inkrustacije, uz ostale faktore. Preventivno delovanje kao rezultat monitoringa bi uticalo na odsustvo procesa revitalizacije koja iziskuje ozbiljna materijalna sredstva, čime bi se postiglo održavanje bunara u stanju maksimalne funkcionalnosti. Time bi se finansijska ulaganja svela na minimum i omogućilo nesmetano korišćenje mineralnih voda u toplifikacione i zdravstveno-rekreativne svrhe, sa kontinuiranim kvalitetom mineralnih voda bez narušavanja njihovih organoleptičkih karakteristika. Preventivne mere podrazumevaju isključivo razumevanje istoimenih procesa, što se i nastojalo objasniti na primerima karbonatnih naslaga inkrustacije. Da bunar u Bogatiću nije usamljen slučaj, potvrdili su rezultati istraživanja na odabranim pojavama mineralnih voda Lukovske Banje i Vranjske Banje, koje je karakterisao razvoj procesa inkrustacije, uz prisustvo biofilmova (Šaraba et al., 2019a).

4.3 BART ANALIZE MINERALNIH VODA

Ukupna brojnost potencijalno aktivnih ćelija ciljanih fizioloških grupa mikroorganizama u deset ispitivanih uzoraka mineralnih voda (Slika 4.7) iznosi 18.200.705 CFU/mL, pri čemu je najveća gustina zajednice bakterija zabeležena u okviru mineralnih voda Obrenovačke Banje, a potom sledi pojava u Velikoj Vrbnici. Koncentracija bakterija iznad jedan 1×10^6 CFU/mL karakterisala je mineralne vode Lomnice i Torde, dok je koncentracija niža od 1×10^6 CFU/mL karakterisala mineralne vode Brestovačke Banje, Slankamen Banje, Selters Banje i Vrnjačke Banje, pri čemu je pojavu u Vrnjačkoj Banji karakterisala najniža gustina zajednice bakterija u okviru onih pojava koje je karakterisao pozitivan nalaz bakterija. Odsustvo ciljanih fizioloških grupa mikroorganizama karakterisalo je mineralne vode Metkovića i Radaljske Banje (Tabela 4.2).



Slika 4.7 BART biotestori ispitivanih pojava mineralnih voda: a. Torda (foto: V. Obradović, 2017); b. Torda – pozitivna reakcija na *P. aeruginosa* (foto: V. Obradović, 2017); c. Slankamen Banja (foto: V. Obradović & V. Šaraba, 2017) (Šaraba & Obradović, 2019b); d. Obrenovačka Banja (foto: V. Obradović, 2019); e. Selters Banja (foto: V. Obradović, 2017) (Šaraba et al., 2018b); f. Metković (foto: V. Obradović & V. Šaraba, 2017) (Šaraba & Obradović, 2019a); g. Radaljska Banja (foto: V. Obradović, 2017); h. Brestovačka Banja (foto: V. Obradović, 2017) (Šaraba et al., 2018e); i. Vrnjačka Banja (foto: V. Šaraba & V. Obradović, 2017) (Šaraba & Obradović, 2019a); j. Lomnica (foto: V. Obradović, 2019/20); k. Velika Vrbnica (foto: V. Obradović, 2019/20)

Tabela 4.2 Prisustvo zajednica ciljanih fizioloških grupa mikroorganizama u istraživanim pojavama mineralnih voda

Mineralne vode	Zajednice bakterija (CFU/mL)						UKUPNO (CFU/mL)
	IRB	SRB	SLYM	HAB	DN	FLOR	
	Biohemijska aktivnost (agresivnost)						
Torda	35.300 ^a	6.130	632.000	454.000 ^a	17.200 ^a	18.600 ^a	1.163.230
	Visoka ^a		Visoka	Visoka ^a	Umerena ^a	Visoka ^a	
Slankamen Banja	2.200 ^b	226 ^b	93	0	6	0 ^b	2.525
	Visoka ^b	Umerena ^b	Niska ^b	Nije izražena	Niska ^b	Nije izražena ^b	
Obrenovačka Banja	35.300	731.000	70.000	6.890.000	17.200	4.000	7.747.500
	Visoka						
Selters Banja	8	1.410	44	0 ^f	41	0 ^f	1.503
	Niska ^f	Umerena ^h	Niska ^f	Nije izražena ^f	Niska ^f	Nije izražena ^f	
Metković	0 ^c	0 ^c	0 ^c	0 ^c	0 ^c	0 ^c	0
	Nije izražena ^c						
Brestovačka Banja	550	8	2.400 ^e	454.000 ^g	0 ^e	0	456.958
	Umerena ^e	Niska ^e	Umerena ^e	Visoka ^e	Nije izražena ^e	Nije izražena	
Radaljska Banja	0 ^d	0 ^d	0 ^d	0 ^d	0 ^d	0 ^d	0
	Nije izražena ^d						
Vrnjačka Banja	2	0 ^c	0 ^c	0 ^c	0 ^c	0 ^c	0
	Niska ^c	Nije izražena ^c					
Lomnica	8.820	731.000	70.000	454.000	2.140	400	1.266.360
	Visoka			Umerena			
Velika Vrbnica	35.300	910	632.000	6.890.000	417	4.000	7.562.627
	Visoka				Niska	Visoka	
UKUPNO (CFU/mL)							18.200.705

^a – Šaraba et al. (2018c, 2018d); ^b – Šaraba et al. (2018c), Šaraba & Obradović (2019b); ^c – Šaraba et al. (2018c), Šaraba & Obradović (2019a); ^d – Šaraba et al. (2018c); ^e – Šaraba et al. (2018e); ^f – Šaraba et al. (2018b, 2018c); ^g – Šaraba et al. (2018c, 2018e); ^hŠaraba et al. (2018b, 2018c), Šaraba & Dimkić (2019b).

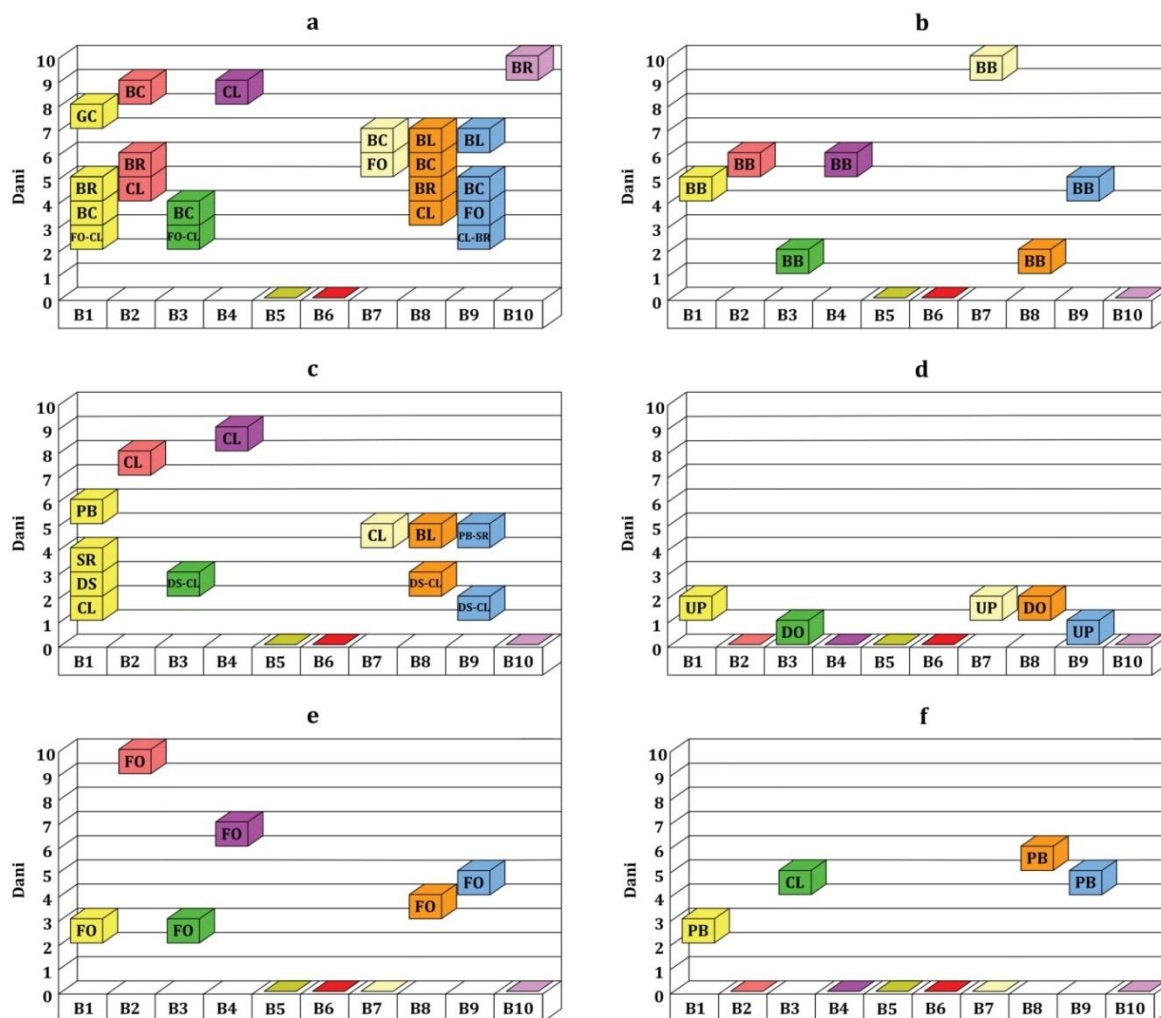
Visok stepen biohemijske aktivnosti **gvožđevitih bakterija** karakterisao je pet pojava (Torda: 35.300 CFU/mL, Slankamen Banja: 2.200 CFU/mL, Obrenovačka Banja: 35.300 CFU/mL, Lomnica: 8.820 CFU/mL, Velika Vrbnica: 35.300 CFU/mL), dok je umereni stepen biohemijske aktivnosti iste grupe bakterija karakterisao mineralne vode Brestovačke Banje (Tabela 4.2), pri čemu je u uzorcima navedenih pojava zapažen intenzivniji razvoj inicijalnih reakcija tokom testiranja (Slika 4.8a). Nizak stepen biohemijske aktivnosti gvožđevitih bakterija zabeležen je u mineralnim vodama Selters Banje i Vrnjačke Banje, koje je ujedno karakterisalo i najmanje bogatstvo gvožđevitih bakterija (Tabela 4.2), na šta je sugerisao razvoj inicijalnih reakcija CL i BR uočen tokom devetog i desetog dana testiranja uzoraka (Slika 4.8a). Biohemijska aktivnost gvožđevitih bakterija nije bila izražena u mineralnim vodama Radaljske Banje i Metkovića (Tabela 4.2), budući da je iste pojave karakterisalo odsustvo razvoja signaturnih reakcija tokom standardnog predviđenog vremenskog perioda testiranja uzoraka (Slika 4.8a). Gvožđevite bakterije su bile dominantna zajednica bakterija u okviru konzorcijuma mineralnih voda Slankamen Banje (Slika 4.9c), a predstavljale su i jedinu zastupljenu grupu bakterija u mikroflori mineralnih voda Vrnjačke Banje (Slika 4.9f).

Visok stepen biohemijske aktivnosti **sulfato-redukujućih bakterija** karakterisao je četiri pojave (Torda: 6.130 CFU/mL, Obrenovačka Banja: 731.000 CFU/mL, Lomnica: 731.000 CFU/mL, Velika Vrbnica: 910 CFU/mL), umereni stepen dve pojave (Slankamen Banja i Selters Banja), dok je nizak stepen biohemijske aktivnosti karakterisao samo mineralne vode Brestovačke Banje (Tabela 4.2). Progresivniji razvoj inicijalnih reakcija karakterisao je uzorke

u okviru kojih je detektovan visok stepen biohemijske aktivnosti, dok je razvoj inicijalnih reakcija nakon sedmog dana testiranja uzoraka bio indikator detektovanog umerenog i niskog stepen biohemijske aktivnosti (Slika 4.8b). Biohemijska aktivnost sulfato-redukujućih bakterija nije bila izražena u mineralnim vodama tri pojave (Metković, Radaljska Banja i Vrnjačka Banja) (Tabela 4.2), budući da je iste pojave karakterisalo odsustvo razvoja inicijalnih reakcija (Slika 4.8b). U mikroflori mineralnih voda Selters Banje i Lomnice, sulfato-redukujuće bakterije predstavljale su dominantnu zajednicu (Slike 4.9d, g), dok su u kodominantnom statusu bile u mineralnim vodama Obrenovačke Banje i Slankamen Banje (Slika 4.9b, c).

Visok stepen biohemijske aktivnosti, odnosno najveće bogatstvo **sluz-produkujućih bakterija** karakterisalo je mineralne vode Torde (632.000 CFU/mL), Obrenovačke Banje (70.000 CFU/mL), Lomnice (70.000 CFU/mL) i Velike Vrbnice (632.000 CFU/mL), dok je umereni stepen biohemijske aktivnosti zabeležen samo u mineralnim vodama Brestovačke Banje (Tabela 4.2). U uzorcima navedenih pojava, razvoj inicijalnih reakcija zapažen je tokom prvih pet dana testiranja (Slika 4.8c). Nizak stepen biohemijske aktivnosti karakterisao je dve pojave (Slankamen Banja i Selters Banja) (Tabela 4.2), u čijim uzorcima je razvoj inicijalnih reakcija uočen tokom osmog i devetog dana testiranja (Slika 4.8c). Biohemijska aktivnost sluz-produkujućih bakterija nije bila izražena u mineralnim vodama tri pojave (Metković, Vrnjačka Banja i Radaljska Banja) (Tabela 4.2), pri čemu je ista zajednica predstavljala dominantnu grupu bakterija u mineralnim vodama Torde (Slika 4.9a), dok su u kodominantnom statusu bile u okviru konzorcijuma mineralnih voda Selters Banje, Brestovačke Banje i Velike Vrbnice (Slike 4.9d, e, h).

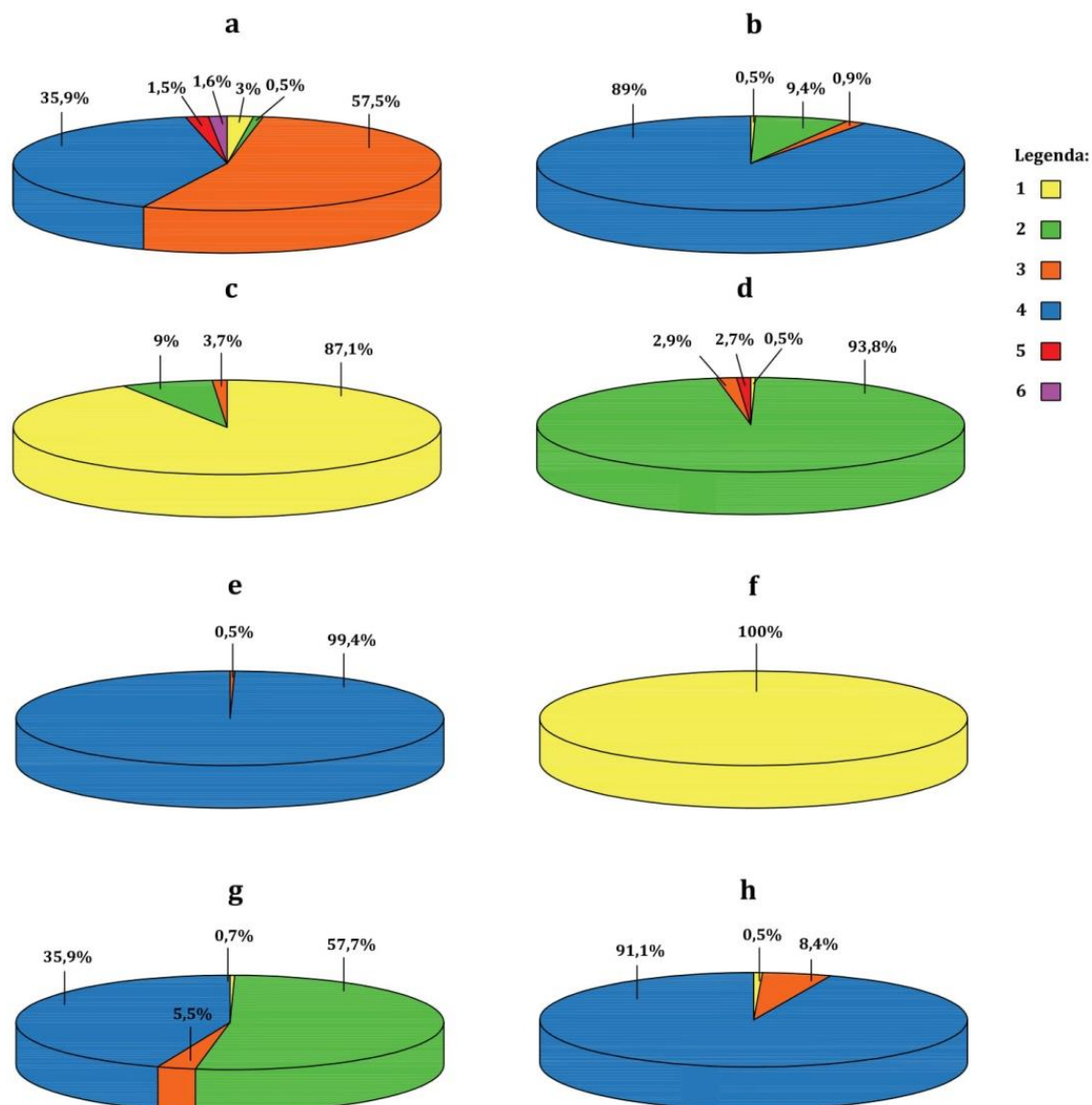
U okviru deset istraživanih pojava detektovan je visok stepen biohemijske aktivnosti **heterotrofnih aerobnih bakterija** ili biohemijska aktivnost iste grupe bakterija nije bila izražena. Tako je visok stepen biohemijske aktivnosti heterotrofnih aerobnih bakterija karakterisao mineralne vode Torde (454.000 CFU/mL), Obrenovačke Banje (6.890.000 CFU/mL), Brestovačke Banje (454.000 CFU/mL), Lomnice (454.000 CFU/mL) i Velike Vrbnice (6.890.000 CFU/mL) (Tabela 4.2), budući da je razvoj inicijalnih reakcija uočen tokom prvog i drugog dana testiranja uzoraka (Slika 4.8d). U preostalih pet pojava (Slankamen Banja, Selters Banja, Vrnjačka Banja, Metković i Radaljska Banja) nije bila izražena biohemijska aktivnost heterotrofnih aerobnih bakterija (Tabela 4.2), s obzirom na to da je uzorke navedenih pojava karakterisalo odsustvo razvoja signaturnih reakcija UP ili DO tokom testiranja (Slika 4.8d). Heterotrofne aerobne bakterije bile su dominantna zajednica u mikroflori mineralnih voda Obrenovačke Banje, Brestovačke Banje, Lomnice i Velike Vrbnice (Slike 4.9b, e, g, h), dok su u mineralnim vodama Torde predstavljale kodominantnu grupu bakterija (Slika 4.9a).



Slika 4.8 Shematski prikaz razvoja signaturnih reakcija tokom inkubacije uzoraka mineralnih voda u okviru IRB, SRB, SLYM, HAB, DN i FLOR BART sistema*

*Torda (B1); Slankamen Banja (B2); Obrenovačka Banja (B3); Selters Banja (B4); Metković (B5); Radaljska Banja (B6); Brestovačka Banja (B7); Lomnica (B8); Velika Vrbnica (B9); Vrnjačka Banja (B10); a – IRB BART biodetektor; b – SRB BART biodetektor; c – SLYM BART biodetektor; d – HAB BART biodetektor; e – DN BART biodetektor; f – FLOR BART biodetektor; IRB, SRB, SLYM, HAB, DN i FLOR BART: Radaljska Banja (Šaraba et al., 2018c), Metković (Šaraba et al., 2018c; Šaraba & Obradović, 2019a); SRB, SLYM, HAB, DN i FLOR BART: Vrnjačka Banja (Šaraba et al., 2018c; Šaraba & Obradović, 2019a); SRB i FLOR BART: Slankamen Banja (Šaraba et al., 2018c; Šaraba & Obradović, 2019b); HAB i FLOR BART: Selters Banja (Šaraba et al., 2018b, 2018c); DN BART: Brestovačka Banja (Šaraba et al., 2018e); FLOR BART: Torda (Šaraba et al., 2018c, 2018d).

Umereni stepen biohemijske aktivnosti **denitrifikacionih bakterija** zabeležen je u mineralnim vodama Torde, Obrenovačke Banje i Lomnice (Tabela 4.2), na šta je sugerisao razvoj inicijalne reakcije FO zapažen tokom trećeg i četvrtog dana testiranja uzoraka (Slika 4.8e). Nizak stepen biohemijske aktivnosti iste grupe bakterija karakterisao je dve pojave (Selters Banja i Velika Vrbnica) (Tabela 4.2), u čijim uzorcima je razvoj inicijalne reakcije FO uočen nakon četvrtog dana testiranja, dok je preostale pojave karakterisalo odsustvo razvoja inicijalnih reakcija (Slika 4.8e). U odabranim pojavama, denitrifikacione bakterije nisu predstavljale dominantnu i kodominantnu zajednicu u okviru specifičnog bakteriološkog konzorcijuma mineralnih voda (Slika 4.9).



Slika 4.9 Relativna zastupljenost ciljanih fizioloških grupa mikroorganizama odabranih pojava mineralnih voda*

Legenda: 1 – Gvožđevite bakterije; 2 – Sulfato-redukujuće bakterije; 3 – Sluz-produkujuće bakterije; 4 – Heterotrofne aerobne bakterije; 5 – Denitrifikacione bakterije; 6 – *Pseudomonas* bakterije; a – Torda; b – Obrenovačka Banja; c – Slankamen Banja; d – Selters Banja; e – Brestovačka Banja; f – Vrnjačka Banja; g – Lomnica; h – Velika Vrbnica.

*Prikazane su fiziološke grupe mikroorganizama zastupljene najmanje 0,5% i iznad. Relativna zastupljenost gvožđevitih, heterotrofnih aerobnih, denitrifikacionih i *Pseudomonas* bakterija mineralnih voda Torde proračunata je na osnovu aproksimativno procjenjene populacije navedenih grupa bakterija prema Šaraba et al. (2018c, 2018d), dok je relativna zastupljenost gvožđevitih i sulfato-redukujućih bakterija mineralnih voda Slankamen Banje proračunata prema Šaraba et al. (2018c) i Šaraba & Obradović (2019b). Relativna zastupljenost sluz-produkujućih bakterija Brestovačke Banje proračunata je prema Šaraba et al. (2018e), odnosno relativna zastupljenost heterotrofnih aerobnih bakterija iste pojave prema Šaraba et al. (2018c, 2018e).

Značajno je naglasiti da je u uzorku mineralnih voda Torde potvrđeno prisustvo oportunih patogena *Pseudomonas sp.*, sa visokim stepenom biohemijske aktivnosti i brojnosti fluorescentne vrste *P. aeruginosa* (18.600 CFU/mL). Konstatovana plava fluorescencija (signaturna reakcija PB) oko flotacione lopte pod UV lampom sugerisala je na visok stepen biohemijske aktivnosti detektovane zajednice (Šaraba et al., 2018c; Šaraba et al., 2018d) (Tabela 4.2; Slika 4.8f). Mineralne vode Radaljske Banje karakterisao je negativan

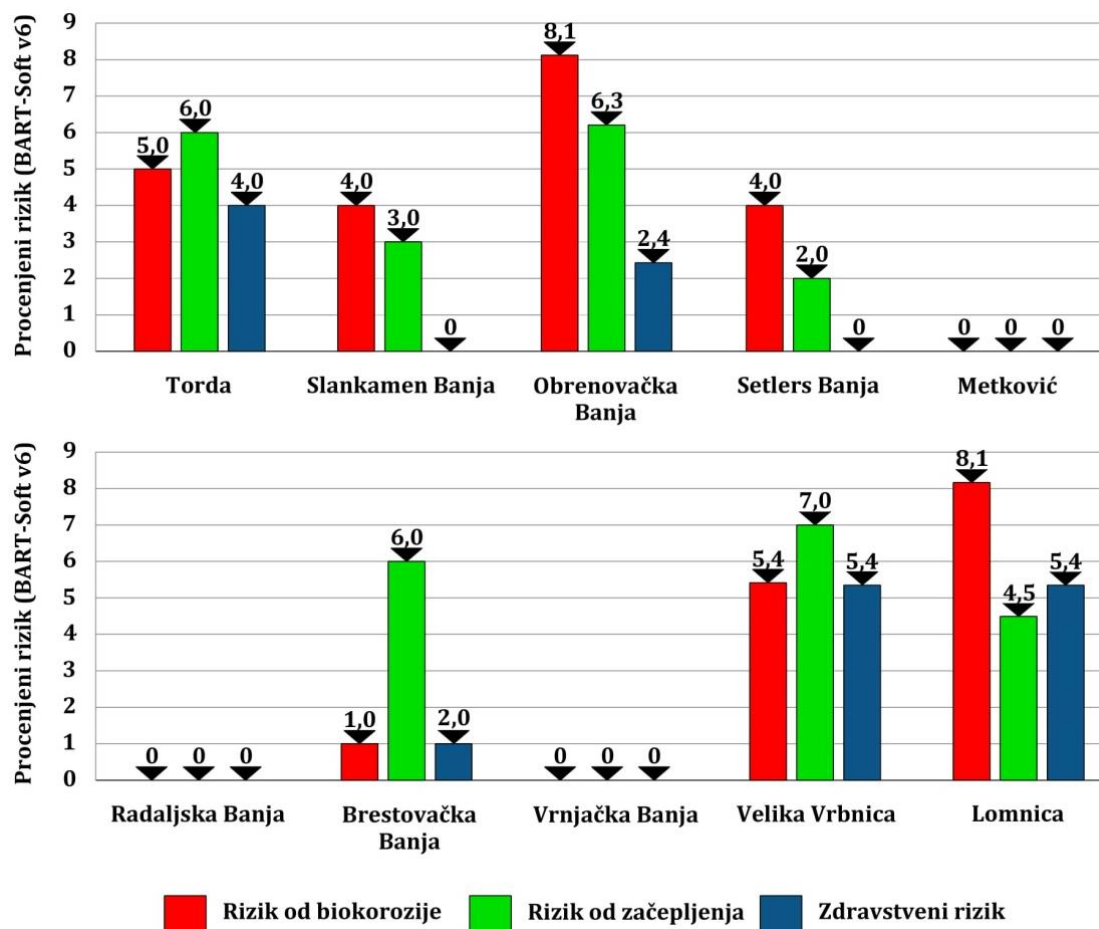
nalaz na prisustvo *Pseudomonas* bakterija (Šaraba et al., 2018c), kao i uzorke mineralnih voda Metkovića, Vrnjačke Banje (Šaraba et al., 2018c; Šaraba & Obradović, 2019a), Slankamen banje (Šaraba et al., 2018c; Šaraba & Obradović, 2019b), Selters Banje (Šaraba et al., 2018b, 2018c) i Brestovačke Banje (Tabela 4.2), odnosno uzorke navedenih pojava karakterisalo je odsustvo razvoja signaturnih rekacija PB ili GY tokom testiranja. Slično uzorku mineralnih voda Torde, u uzorcima mineralnih voda Velike Vrbnice i Lomnice, detektovana je plava fluorescencija koja je predstavljala indikaciju na prisustvo vrsta *P. aeruginosa* (Slika 4.8f). Umereni stepen biohemijske aktivnosti i znatno niža brojnost *P. aeruginosa* u odnosu na pojavu u Tordi, karakterisala je mineralne vode Velike Vrbnice, dok je nizak stepen biohemijske aktivnosti *P. aeruginosa* karakterisao pojavu u Lomnici (Tabela 4.2), budući da je razvoj inicijalne reakcije PB uočen tokom petog (Velika Vrbnica) i šestog dana (Lomnica) testiranja uzoraka (Slika 4.8f). Za razliku od ispitivanih uzoraka Torde, Lomnice i Velike Vrbnice, u mineralnim vodama Obrenovačke Banje detektovano je prisustvo nefluorescentnih pseudomonada umerenog stepena biohemijske aktivnosti (Tabela 4.2), na šta je ukazivao razvoj inicijalne reakcije CL uočen tokom petog dana testiranja uzorka (Slika 4.8f). Kao i denitrifikacione bakterije, i *Pseudomonas* bakterije nisu predstavljale dominantnu i kodominantnu zajednicu bakterija u mikrobioti ispitivanih pojava (Slika 4.9).

Proračunati rizik od razvoja procesa korozije za pojavu mineralnih voda u Tordi, iznosio je 5,0 (Šaraba et al., 2018d), dok je za pojavu mineralnih voda u Slankamen Banji bio neznatno manji i iznosio je 4,0 (Šaraba et al., 2018c; Šaraba & Obradović, 2019b). Niži stepen rizika (1,0), u odnosu na pojave mineralnih voda u Slankamen Banji i Tordi, karakterisao je pojavu mineralnih voda u Brestovačkoj Banji (Šaraba et al., 2018e). Na osnovu zabeležene ukupne bakterijske flore u mineralnim vodama Vrnjačke Banje i Metkovića, nije ustanovljen rizik od razvoja biokorozionih procesa (Šaraba et al., 2018c; Šaraba & Obradović, 2019a), dok je u mineralnim vodama Selters Banje zaključeno da detektovana bakterijska flora može da indukuje razvoj rupičasto fokusiranih biokorozionih procesa (Šaraba et al., 2018b; Šaraba & Dimkić, 2019b), pri čemu je prognozirani rizik iznosio 4,0. Kao i za pojave mineralnih voda u Vrnjačkoj Banji i Metkoviću, i za mineralne vode Radaljske Banje nije ustanovljen rizik od razvoja biokorozionih procesa, dok su proračunati rizici od razvoja biokorozionih procesa bili veoma visoki za pojave mineralnih voda u Velikoj Vrbnici, Obrenovačkoj Banji i Lomnici. Iznosili su 8,1 za pojave u Obrenovačkoj Banji i Lomnici, odnosno 5,4 za pojavu u Velikoj Vrbnici (Slika 4.10).

Na skali rizika od razvoja procesa biohemijske inkrustacije, proračunati stepen rizika za pojavu mineralnih voda u Tordi iznosio je 4,0 (Šaraba et al., 2018d). Niži stepen rizika, na osnovu ukupne detektovane bakterijske flore, proračunat je za pojavu u Slankamen Banji i iznosio je 3,0 (Šaraba & Obradović, 2019b). Na osnovu ukupne detektovne bakterijske flore u mineralnim vodama Vrnjačke Banje i Metkovića, nije ustanovljen rizik od razvoja procesa biohemijske inkrustacije (Šaraba et al., 2018c; Šaraba & Obradović, 2019a). Detektovane zajednice bakterija u mineralnim vodama Selters Banje predstavljaju umereni rizik od nastanka procesa biohemijske inkrustacije (Šaraba et al., 2018b; Šaraba & Dimkić, 2019b), koji na skali rizika iznosi 2,0. Kao i za pojave u Vrnjačkoj Banji i Metkoviću, rizik od razvoja procesa biohemijske inkrustacije nije ustanovljen za pojavu u Radaljskoj Banji, dok su ekstremno visoke vrednosti rizika proračunate za pojave u Velikoj Vrbnici (rizik od biohemijske inkrustacije: 7,0) i Obrenovačkoj Banji (rizik od biohemijske inkrustacije: 6,3). Niži stepen rizika, u odnosu na pojave u Velikoj Vrbnici i Obrenovačkoj Banji, proračunat je za pojavu u Lomnici (rizik od biohemijske inkrustacije: 4,5), dok je za pojavu u Brestovačkoj Banji ustanovljen visok stepen rizika od formiranja taloga, koji je, prema Šaraba et al. (2018e), iznosio 6,0 (Slika 4.10).

Za pojavu u Tordi, ustanovljen je potencijalni zdravstveni rizik (Šaraba et al., 2018d; Šaraba & Dimkić, 2019a) koji je iznosio 4,0 (Šaraba et al., 2018d), dok za mineralne vode Selters Banje (Šaraba et al., 2018b), Slankamen Banje (Šaraba & Obradović, 2019b), Vrnjačke

Banje, Metkovića i Radaljske Banje nije bio ustanovljen zdravstveni rizik. Zdravstveni rizici mineralnih voda Lomnice i Velike Vrbnice su bili izuzetno visoki i iznosili su 5,4, dok je za ostale pojave zabeležen niži zdravstveni rizik (Slika 4.10).



Slika 4.10 Dijagram proračunatog stepena rizika od razvoja procesa biokorozije, biohemijske inkrustacije (začepjenja) i potencijalnog zdravstvenog rizika odabranih pojava mineralnih voda primenom namenskog softvera BART – Soft v6*

*Rizik od razvoja procesa biokorozije, biohemijske inkrustacije (začepjenja) i potencijalni zdravstveni rizik za pojavu mineralnih voda u Tordi ustanovljen je prema Šaraba et al. (2018d), za pojavu u Slankamen Banji prema Šaraba & Obradović (2019b), za pojavu u Brestovačkoj Banji prema Šaraba et al. (2018e), dok je za pojave u Vrnjačkoj Banji i Metkoviću ustanovljen prema Šaraba et al. (2018c) i Šaraba & Obradović (2019a).

Imajući u vidu prethodno opisane detektovane stepene rizika biohemijske aktivnosti gvožđevitih, sulfato-redukujućih, sluz-produkujućih i heterotrofnih aerobnih bakterija (Tabela 4.2), a uvažavajući preporuke DBI (2004), sa aspekta biohemijske aktivnosti navedenih grupa bakterija za pojave u Tordi, Obrenovačkoj Banji, Lomnici i Velikoj Vrbnici neophodno je u skorijoj budućnosti primeniti tretmane revitalizacije vodozahvatnih objekata i/ili remedijacije mineralnih voda. Sa aspekta biohemijske aktivnosti heterotrofnih aerobnih bakterija, navedene mere važe i za pojavu u Brestovačkoj Banji, odnosno uzimajući u obzir biohemijsku aktivnost sulfato-redukujućih bakterija ista pojava zahteva povremeno testiranje na prisustvo ciljane grupe bakterija. Sa aspekta biohemijske aktivnosti gvožđevitih i sluz-produkujućih bakterija, za pojavu u Brestovačkoj Banji moguće je odsustvo primene tretmana revitalizacije vodozahvatnog objekta i/ili remedijacije mineralnih voda, ali je neophodno kontinuirano testiranje ispitivane pojave na prisustvo gvožđevitih i sluz-produkujućih bakterija. Za mineralne vode Selters Banje, neophodno je redovno testiranje na prisustvo

sulfato-redukujućih bakterija, kao i povremeno testiranje na prisustvo gvoždevitih i sluz-produkujućih bakterija. Sa aspekta biohemijske aktivnosti gvoždevitih bakterija, Šaraba & Obradović (2019b) naglašavaju da uvažavajući preporuke Cullimore (2010), za mineralne Slankamen Banje važe mere koje podrazumevaju remedijaciju mineralnih voda i/ili tretman revitalizacije vodozahvatnog objekta, kao i neophodnost kontinuiranog testiranja date pojave na prisustvo sulfato-redukujućih bakterija. S druge strane, Šaraba & Obradović (2019a) navode da je za pojavu u Vrnjačkoj Banji preporučljivo povremeno testiranje mineralnih voda na prisustvo gvoždevitih bakterija, odnosno za mineralne vode Metkovića preporučljivo je povremeno testiranje zbog detektovane flore anaerobnih bakterija na granici limita detekcije u DN BART biodetektoru.

Implementacijom navedenih mera omogućilo bi se nesmetano korišćenje mineralnih voda bez negativnih indikacija na zdravstvenu sigurnost korisnika vodnih resursa, odnosno sprečilo bi se starenje vodozahavata kao posledica metaboličke aktivnosti gvoždevitih, sulfato-redukujućih, sluz-produkujućih i heterotrofnih aerobnih bakterija. Uzimajući u obzir detektovani stepen biohemijske aktivnosti denitrifikacionih bakterija, mineralne vode Torde, Obrenovačke Banje i Lomnice zaslužuju posebnu pažnju u budućnosti sa aspekta određivanja zona sanitarne zaštite navedenih pojava, odnosno neophodno je sprečiti kontaminaciju vodnih resursa kontaminantima antropogenog porekla. Takođe, ne treba zanemariti ni pojave za koje je detektovan nizak stepen biohemijske aktivnosti konzorcijuma denitrifikacionih bakterija (Selters Banja, Slankamen Banja i Velika Vrbnica) (Tabela 4.2).

Posebnu pažnju u uslovima daljeg korišćenja, bilo da mineralne vode imaju primenu u balneoterpijskoj profilaksi ili se koriste u svrhe flaširanja (pića), zaslužuju pojave u Tordi, Velikoj Vrbnici, Obrenovačkoj Banji i Lomnici, budući da postoji potencijalni zdravstveni rizik prilikom njihovog korišćenja (Slika 4.10). Takođe, Šaraba & Obradović (2019a) ukazuju na minimalni zdravstveni rizik mineralnih voda Vrnjačke Banje i Metkovića, zbog detektovane flore anaerobnih i gvoždevitih bakterija na granici limita detekcije u okviru IRB i DN BART biodetektora. Šaraba et al. (2018b) i Šaraba & Obradović (2019b) ukazuju da ipak postoji minimalni zdravstveni rizik, iako na skali rizika primenom softvera BART-Soft v6 pokazuje nulti stepen, za pojave mineralnih voda u Selters Banji i Slankamen Banji, budući da detektovana bakterijska flora koja indukuje razvoj procesa biokorozije i biohemijske inkrustacije, u odgovarajućim uslovima može da predstavlja i potencijalni zdravstveni rizik.

Bez obzira na negativan nalaz ciljanih fizioloških grupa mikroorganizama ispitivanih pojava Radaljske Banje (Šaraba et al., 2018c) i Metkovića (Šaraba et al., 2018c; Šaraba & Obradović, 2019a), izvesno je da u mikroflori navedenih pojava mogu biti prisutni predstavnici mikrobiološkog diverziteta koji nisu bili obuhvaćeni izabranim tipovima BART biodetektora, u okviru kojih je favorizovan razvoj i oporavak određenih grupa mikroorganizama. Detektovani predstavnici ciljanih fizioloških grupa mikroorganizama u mikroflori ispitivanih pojava zaslužuju posebnu pažnju u uslovima višenamenskog korišćenja mineralnih voda i njihove održive eksploatacije, budući da usled intenzivnog razvoja bakterija sposobnih da učestvuju u procesima transformacije jedinjenja gvožđa i mangana, formira se žuta-braon prevlaka na filterima bunara (Dimkić & Knežić, 2012). Proces precipitacije gvožđa iz vode intenzivira se usled prisustva gvoždevitih bakterija (Majkić, 2013), naročito u uslovima sa povišenom koncentracijom trovalentnog gvožđa (Cullimore, 2008). Kao posledica metaboličkih aktivnosti gvoždevitih bakterija, naročito vrste *Gallionella ferruginea*, često dolazi do značajnog opadanja kapaciteta bunara (Dragišić & Živanović, 2014). Formiranje taloga na bunarima odvija se usled produkcije EPS-a od strane gvoždevitih bakterija na koji se lepe gvožđe-oksihidroksidi, pri čemu matriks gvožđe-oksihidroksida i sluzi kolmira prifiltrarsku zonu bunara i samu filtarsku konstrukciju. Sluz-produkujuće bakterije iz roda *Pseudomonas* utiču na razvoj gvožđe-oksidujućih bakterija, budući da *Pseudomonas* bakterije nastanjuju bunarsku konstrukciju i samu zonu bunara, potom omogućavajući razvoj filamentoznih gvožđe-oksidujućih bakterija (Majkić, 2013). Osim toga, poznato je da gvožđe-

redukujuće i mangan-oksidujuće bakterije mogu da indukuju razvoj procesa korozije (Tasić et al., 2016).

Prema Majkić (2013), razvoj signaturne reakcije FO ukazuje na redukcione uslove, dok razvoj CL reakcije ukazuje na oksične uslove (Cullimore, 1999). Takođe, Majkić (2013) ukazuje da ukoliko je prvo primećen razvoj signaturne reakcije CL, a potom FO, dominantne su aerobne vrste sa podređenim prisustvom i nekih anaerobnih oblika, dok u obrnutom slučaju (FO-CL), konzorcijum se definiše kao dominantno anaerobni sa mogućim prisustvom nekih aeroba. Imajući u vidu prethodne navode, zaključuje se da u okviru mineralnih voda Brestovačke Banje vladaju redukcioni uslovi, budući da je uočen razvoj signaturne reakcije FO, odnosno u okviru mineralnih voda Slankamen Banje i Selters Banje vladaju oksični uslovi, budući da je uočen razvoj signaturne reakcije CL. Takođe, zaključuje se da je u mineralnim vodama Torde i Obrenovačke Banje dominantna zajednica anaerobnih bakterija (Slika 4.8a).

Važno je napomenuti da je gvožđe bitna supstanca za sve žive organizme. Neophodno je za očuvanje ljudskog zdravlja i nalazi se u mnogim enzimima: hemoglobinu, mioglobinu, itd. Međutim, velike količine gvožđa(II) su otrovne, pri čemu usled povišenog sadržaja gvožđa u ljudskom organizmu može doći do oboljenja hemohromatoze. Soli gvožđa(III-IV) su bezopasne, zato što ih ljudski organizam ne apsorbuje. Budući da gvožđevite bakterije uglavnom karakteriše sesilni stil života, neophodno je pre uzorkovanja izmeniti standardne uslove koji vladaju u posmatranoj sredini (na primer, prestanak crpenja voda u toku vremenskog perioda od jednog dana ili delovanje hemijskim supstancama, na primer hipohloritom (ClO^-) u malim količinama). U suprotnom, mogu se dobiti negativni nalazi ispitivanih uzoraka, budući da gvožđevite bakterije nisu direktno prisutne u uzorku voda, ali su pričvršćene za odgovarajuću podlogu (DBI, 2004).

Budući da je sve pojave mineralnih voda, u okviru kojih je detektovano prisustvo sulfato-redukujućih bakterija, karakterisao razvoj signaturne reakcije BB (Slika 4.8b), zaključuje se da je u okviru zajednice sulfato-redukujućih bakterija bilo dominantno prisustvo roda *Desulfovibrio* koji se razvija duboko u slojevima biofilma (DBI, 2004). Osim uloge u procesu biozarastanja, sulfato-redukujuće bakterije doprinose razvoju korozivnih procesa (Tasić et al., 2016), odnosno uzorkuju pojavu rupičasto fokusirane korozije čelika (Cullimore, 2008), pri čemu sa aspekta razvoja korozivnih procesa predstavljaju najznačajniju grupu bakterija budući da uzrokuju i najveće ekonomske gubitke (Blackwood, 2020). Glavni problemi uzorkovani pojavom gasa vodonik-sulfida u industriji voda podrazumevaju: i) miris na pokvarena jaja; ii) inteziviranje korozivnih procesa; iii) formiranje crnih sulfidnih taloga, kao rezultat reakcije vodonik-sulfida sa rastvorenim metalima (Cullimore, 1999). Vodonik-sulfid je korozivan, toksičan i visoko reaktivan (Muyzer & Stams, 2008), te indukuje elektrolitički oblik korozije, što uzrokuje topljenje čelika u rastvorljive proizvode čime dolazi do pojave curenja (Cullimore, 2008). Korozija izazvana aktivnostima sulfato-redukujućih bakterija je uglavnom bila shvatana kao rezultat biogeno proizvedenog vodonik-sulfida i katalitički aktivnih gvožđe-sulfida nastalih u procesu H_2S korozije. Međutim, pored ovih indirektnih efekata, postoje mišljenja o mogućnosti direktne korozivnosti sulfato-redukujućih bakterija u obliku „regeneracije” naelektrisanih gvožđe-sulfida tokom mikrobiološke potrošnje vodonika. Sa stopom korozije do 0,9 mm Fe^0 po godini (35 mil godišnje [mpi]), čiste laboratorijski uzgajane kulture sulfato-redukujućih bakterija uzrokuju koroziju gvožđa u meri koja odgovara veoma teškim slučajevima korozije na terenu, odnosno imaju ključnu ulogu u anaerobnoj koroziji (Enning & Garrelfs, 2014). Osim razvoja korozivnih procesa, u bunarima je zapažena pojava taloženja metaličnih sulfidnih naslaga inkrustacije. Talosi gvožđe-sulfida su želatinozni crni talosi koji nastaju u bunarima gde dolazi do mešanja anoksičnih hidrohemijskih zona sa fero jonima i sulfidima (Obradović et al., 2012). Formiranju biogenih naslaga gvožđe-sulfida doprinosi vrsta *Desulfovibrio desulfuricans*, pri čemu su zabeleženi slučajevi pojave sumpora i formiranje greigeita u bunarskim talozima Nemačke kao rezultat bakterijske aktivnosti (Majkić, 2013). S druge strane, sulfato-redukujuće bakterije mogu imati

i pozitivne efekte, usled „uklanjanja“ teških metala i sulfata iz njihovog neposrednog okruženja (Muyzer & Stams, 2008). Postoje tvrdnje koje ukazuju da sulfato-redukujuće bakterije mogu biti uzrok nekih oblika karcinoma debelog creva, budući da generišu vodonik-sulfid koji utiče na metabolizam ćelija creva uzrokujući različite bolesti (Kushkevych, 2019).

U bunarima podzemnih voda, sluz-produkujuće bakterije indukuju stvaranje biofilma na unutrašnjim delovima konstrukcije objekta što utiče na promenu kvaliteta vode u samom vodozahvatu. Takođe, razvoj biofilma u poroznoj sredini oko bunara može uticati na začepljenje pornog prostora, a sastav biofilma zavisi od hemijskih karakteristika podzemnih voda (ekstrakcioni bunari) ili je rezultat mešanja „upojnih“ i podzemnih voda (injekcioni bunari) (Cullimore, 2008). Ukoliko je zapažena pojava biofilma bez primetnih taloga gvožđa, zajednice biofilma karakteriše odsustvo populacije gvožđevitih bakterija koje imaju sposobnost produkcije sluzi (DBI, 2004). U vodovodnim cevima, pojava biofilma uzrokuje zdravstvene rizike po potrošače vodnih resursa. U bazenima, osim zdravstvenog rizika, formiranje biofilma doprinosi narušavanju estetskih efekata vodenih površina. U kanalizacionim sistemima razvijaju se procesi biodeterioracije, dok u procesu obrade vode reverznom osmozom, formiranje biofilma utiče na smanjenu membransku propustljivost i degradaciju materijala (Montana State University, Center for Biofilm Engineering, 9. septembar 2020). Takođe, pojava biofilma predstavlja izvor hranljivih supstanci koje uzrokuju ponovni razvoj mikroorganizama u vodi, pri čemu je struktura biofilma uslovljena režimom tečenja voda, odnosno turbulentni režim tečenja uzrokuje formiranje sluzavih i homogenih biofilmova, koje je teže „inaktivirati“ u odnosu na biofilmove formirane u laminarnim uslovima. Efikasnost biocida zavisi od starosti biofilma, kao i njegove hemijske i fizičke strukture, pri čemu aktuelne postojeće mere podrazumevaju minimiziranje recirkulacije i potrošnje vode (Coetsier & Cloete, 2005). Važan je i izbor materijala na kome se biofilm formira. Tako, na elastomernim i plastičnim materijalima (polietilen, silicon, lateks, PVC, polipropilen) razvijaju se deblji slojevi biofilma u poređenju sa nerđajućim čelikom, bakrom, staklom, itd. (Vukić Lušić et al., 2017). Tako, mikrobiološka aktivnost u okviru zajednica biofilmova formiranih na metalnim površinama utiče na kinetiku anodnih i/ili katodnih reakcija (Beech & Sunner, 2004). Prisustvo biofilmova na metalnim površinama uslovljava razvoj elektrohemijskih reakcija, što utiče na povećanu stopu korozije materijala i uslovljava pojavu štetnih efekata na performanse i integritet materijala. Proizvodi metabolizma bakterija, kao što su neorganske i organske kiseline, te isparljiva jedinjenja, kao što je amonijak ili vodonik-sulfid, mogu uticati na međufazne procese između metalnog susprata i biofilma (Beech & Sunner, 2007). Poznato je da intenzivniji razvoj korozije metalnih materijala započinje prisustvom bakterija sposobnih da u odgovarajućim uslovima sintetišu biofilm. Takođe, biofilm generisan od strane različitih zajednica bakterija ubrzava proces korozije, kao posledica interakcije različitih bakterijskih vrsta sposobnih da uzrokuju niz biohemijskih reakcija (Tasić et al., 2016). Međutim, podaci u vezi sa korozijom uzrokovanom EPS-om su veoma opskurni, uprkos dokazima da sam EPS može ubrzati reakcije korozije (Beech et al., 2005). Bakterijski konzorcijumi u složenim zajednicama biofilma su u stanju da katalizuju elektrohemijske procese putem kooperativnog metabolizma na način na koji to pojedinačne vrste ne mogu, zbog čega je mikrobiološka korozija retko povezana sa jednom vrstom bakterija. Takođe, inhibitorni i agresivni efekti koje bakterijska populacija ispoljava na reakcije korozije, posledica su složenih interakcija između površine biofilma i korozivnih proizvoda na površini materijala (Beech & Sunner, 2007). U procesu inhibicije korozije metalnih materijala značajna je uloga EPS-a, budući da deostrani kao sastavni delovi EPS-a mogu da inhibiraju razvoj procesa korozije metalnih materijala. Generalno, u procesu inhibicije korozije dejstvom mikroorganizama značajno je uklanjanje korozivnih agenasa, formiranje zaštitinog sloja izgrađenog od EPS-a, te proizvodnja supstanci koje štite materijal od daljeg rastvaranja (Tasić et al., 2016). Takođe, biofilmovi se danas efikasno koriste za uklanjanje organskih supstanci u vodi za piće, u tzv. procesu biofiltracije. Koriste se za

uklanjenje biološki hranljivih supstanci u procesima prečišćavanja otpadnih voda. U oba slučaja, koristi se bakterijska aktivnost za transformaciju složenih organskih jedinjenja u prostija hemijska jedinjenja koja ispoljavaju manji negativni uticaj na životnu sredinu. Naime, bakterije u biofilmu su mnogo efikasnije od planktonskih oblika u mnogim sistemima za prečišćavanje (Ikuma et al., 2013).

Prema DBI (2004), razvoj signaturne reakcije DO upućuje na zaključak da su u konzorcijumu heterotrofnih aerobnih bakterija dominantne populacije fakultativno anaerobnih heterotrofnih bakterija, dok razvoj signaturne reakcije UP ukazuje na dominantno prisustvo obligatnih (strogih) aerobnih vrsta u odnosu na pozitivan nalaz fakultativnih anaerobnih bakterija. Imajući u vidu prethodne navode, zaključuje se da je u mineralnim vodama Obrenovačke Banje i Lomnice dominantno prisustvo zajednice fakultativno anaerobnih heterotrofnih bakterija, u odnosu na mineralne vode Velike Vrbnice, Brestovačke Banje i Torde, u okviru kojih je dominantno prisustvo obligatnih aerobnih heterotrofnih bakterija, čiji nalaz ujedno sugerise i na promenljive oksido-redukcione uslove u ispitivanim pojavama mineralnih voda. Heterotrofne bakterije nisu indikator patogenosti, mada neke od njih, kao što je *Pseudomonas*, mogu izazvati infekcije na koži i plućima, dok drugi predstavnici, kao što je *Aeromonas*, uzrokuju gastroenteritis (Amanidaz et al., 2015). Takođe, određeni predstavnici heterotrofnih bakterija smatraju se oportunističkim patogenima sposobnim da izazovu oboljenja u organizmu imunokompromitovanih osoba. Ovi mikroorganizmi se mogu pronaći u izvorima voda, kao i u prečišćenim pitkim vodama. Najčešći predstavnici heterotrofnih bakterija koji imaju patogen karakter podrazumevaju *Klebsiella*, *Aeromonas* i *Pseudomonas* (Allen et al., 2004). Rod *Pseudomonas* obuhvata većinu fluorescentnih i nekoliko nefluorescentnih vrsta. Nefluorescentne *Pseudomonas* vrste čine *P. stutzeri*, *P. mendocina*, *P. alcaligenes* i *P. pseudoalcaligenes* (Botelho & Mendonça-Hagler, 2006), što je indikator mogućeg prisustva navedenih vrsta u mikroflori mineralnih voda Obrenovačke Banje, budući da je potvrđeno prisustvo nefluorescentnih pseudomonada. S druge strane, u mikroflori mineralnih voda Torde, Lomnice i Velike Vrbnice, na osnovu prethodno opisanih rezultata, detektovano je potencijalno prisustvo *P. aeruginosa*. Brojnost bakterija *P. aeruginosa* je pokazatelj prisustva drugih bakterijskih kontaminanata fekalnog porekla, odnosno u slučaju flaširanih voda pokazatelj onečišćenja tokom procesa flaširanja (Mohammadi Kouchesfahani et al., 2015). Imajući u vidu prethodne navode, može se pretpostaviti i prisustvo koliformnih bakterija u mikroflori mineralnih voda. Takođe, promena ukusa i mirisa, te pojava zamucenja u flaširanim vodama može biti indikator povećane brojnosti *P. aeruginosa* (Vukić Lušić et al., 2017), koje pokazuju znatno veći stepen virulentnosti u odnosu na *P. fluorescences* (DBI, 2004). Kod nekih osoba *P. aeruginosa* kolonizuje i gastrointestinalni trakt, te je glavni uzročnik hroničnih plućnih infekcija pacijenata koji boluju od pneumonije povezane s medicinskom negom, upale pluća povezane s mehaničkom ventilacijom, te cistične fibroze (Vukić Lušić et al., 2017). Bakterije *P. aeruginosa*, kada je reč o flaširanim vodama, se mogu reprodukovati tokom procesa transporta i skladištenja flaširanih voda, te dostići zarazne doze (Mohammadi Kouchesfahani et al., 2015). Ranije je ustanovljena zavisnost između kontaminacije rekreativnih, odnosno pijaćih voda i *Pseudomonas* bakterija (Mena & Gerba, 2009). Kao stalna mesta življenja *P. aeruginosa*, između ostalih, navode se banjski bazeni, toplovodni sistemi, itd., što ukazuje na vezu između vrsta *Pseudomonas* vrsta i mineralnih voda koje se koriste u banjskim kompleksima (WHO, 2006). Osim zdravstvenog rizika, *Pseudomonas* bakterije mogu da indukuju razvoj procesa biokorozije i biozarastanja (DBI, 2004). Rezistenost *P. aeruginosa* prema hloru definiše se kao „srednja“, dok smanjen učinak dezinficijensa jeste rezultat afinteta *P. aeruginosa* prema udruživanju u zajednice biofilмова, pričvršujući se različite površine produkcijom EPS-a. Jednom kada se u distributivnoj vodnoj mreži formira biofilm, njegovo uklanjenje je veliki izazov, pri čemu je pre samog postupka dezinfekcije neophodno primeniti biodisperzante ili fizički ukloniti biofilm (Vukić Lušić et al., 2017). Budući da potrošačka potražnja za flaširanom vodom u Severnoj Americi pokazuje

stopu rasta od 25%, odnosno u Evropskoj Uniji tokom 2003. godine prijavljeno je 45 L po glavi stanovnika, mikrobiološki paramteri kvaliteta flaširanih voda predstavljaju glavni problem u vezi sa zdravstvenom bezbednošću potrošača (Mohammadi Kouchesfahani et al., 2015). Međutim, ne postoje kriterijumi u vezi sa prisustvom bakterija *P. aeruginosa* od strane Svetske zdravstvene organizacije, budući da nije dokazano da vodni resursi predstavljaju izvor zaraze opšte populacije. Takođe, ni Američka Agencija za zaštitu životne sredine (eng. "U. S. Environmental Protection Agency - U. S. EPA") u okviru svojih Nacionalnih smernica za vodu (eng. National Primary Water Regulations, NPDWRs), ne navodi ispitivanje *P. aeruginosa*, dok u vodi svakako ne smeju biti prisutni: *Cryptosporidium*, *Giardia lamblia*, *Legionella*, ukupni koliformi, kao i enterični virusi (Vukić Lušić et al., 2017). Broj kolonija heterotrofnih bakterija (eng. "Heterotrophic Plate Count – HPC") predstavlja indikator opšeg „opterećenja“ aerobnih i fakultativnih anaerobnih bakterija u uzorku vode. Promene vrednosti HPC-a ukazuju na moguće pogoršanje kvaliteta vode, odnosno u slučaju „tretiranih“ voda na problem u vezi sa tretmanom obrade ili ukazuju na kvalitet samog izvora vode (Verhille, 2013). Koncentracija heterotrofnih bakterija u pijaćim vodama može biti u rasponu od 1 CFU/mL do preko 10.000 CFU/mL, dok u distributivnoj vodnoj mreži maksimalno dozvoljen sadržaj heterotrofnih bakterija iznosi 500 CFU/mL. Promene u populaciji heterotrofnih bakterija uzrokuju promenu organoleptičkih osobina vode, menjajući joj ukus, boju i miris, te generišu lepljiv i sluzav sloj, pri čemu mogu izazvati koroziju, začepjenja, te ukazivati na higijensku neispravnost vodnih resursa (Amanidaz et al., 2015). Dakle, pozitivan nalaz heterotrofnih aerobnih bakterija u istraživanim pojavama mineralnih voda ukazuje na moguću promenu organoleptičkih karakteristika voda, potencijalni zdravstveni rizik prilikom njihovog korišćenja, te mogući rizik od razvoja procesa bikorozije i biozarastanja. Sadržaj denitrifikacionih bakterija ukazuje na izvesnu koncentraciju nitrata i organskih supstanci, na anoksične uslove sredine i izvore kontaminacije predstavljene kanalizacionim sistemima, skladištima čvrstog optadnog materijala, otpadnim vodama, itd. (DBI, 2004). Budući da je pozitivan nalaz denitrifikacionih bakterija potvrđen u mineralnim vodama Torde, Obrenovačke Banje, Lomnice, Velike Vrbnice i Brestovačke Banje, može se pretpostaviti veza između mineralnih voda i antropogenih izvora zagađenja, odnosno navedene pojave mineralnih voda zaslužuju posebnu pažnju u uslovima određivanja sanitarnih zona njihove zaštite. Izrada bunara bez adekvatnih uslova utiče na „ranjivost“ podzemnih ekosistema, pri čemu je narušavanje kvaliteta podzemnih voda povezano sa dubinom i vrstom bunara, upotrebom septičkih jama, prisustvom deponija, te nepravilnim održavanjem ili napuštanjem bunara (Maran et al., 2016). U mnogim delovima sveta, sadržaj nitrata predstavlja ozbiljan problem prilikom korišćenja podzemnih voda. Zbog toga se kao tretman remedijacije koristi proces biološke denitrifikacije koji se može odvijati u nadzemnim reaktorima ili u izdani (*in situ* tretman) (Soaeres, 2000). Studije su ukazale na vezu između unosa nitrata i sindroma plave bebe (methemoglobinemija) (Doyle et al., 1985; Gómez et al., 2000), koji se redukuju u nitrite dejstvom bakterija u crevima, da bi potom joni nitrata reagovali sa hemoglobinom u krvi, transformišući ga u metahemoglobin, zbog čega se kiseonik ne prenosi u ćelijska tkiva, što uzrokuje smrt. Takođe, iz nitrata mogu da nastanu i nitrozamini u stomaku (Gómez et al., 2000), koji mogu da imaju kancerogena svojstva (Pavlinić Prokurica et al., 2010). Biološka denitrifikacija predstavlja jednu od naprednijih metoda visokih performansi, te je ujedno jedina selektivna metoda za kompletno uklanjanje nitrata, u okviru koje se nitrati i nitriti redukuju u azotni oksid i molekularni azot (Gómez et al., 2000). Međutim, mikrobiološku denitrifikaciju limitira nedostupnost izvora ugljenika, pri čemu je u prirodnim uslovima sam proces veoma spor i ne može da utiče na redukciju visokih sadržaja NO₃⁻ u podzemnim vodnim resursima. Stimulisana biodenitrifikacija koncipirana je na principu injektiranja supstrata organskog porekla u izdan, pri čemu organski supstrat intezivira razvoj denitrifikacionih bakterija, te utiče na proizvodnju anaerobnih uslova što uzrokuje „trošenje“ nitrata i drugih akceptora elektrona. Umesto injektiranja organskog supstrata, moguće je i

formiranje bio-reaktivnog zida (Vujasinović et al., 2014). Takođe, važno je spomenuti da kao rezultat denitrifikacije mikroorganizama svakodnevno se oslobađa oko 270-330 miliona tona azota iz vodenih basena i zemljišta u atmosferu (Jemcev & Đukić, 2000).

4.4 FIZIČKO-HEMIJSKE ANALIZE MINERALNIH VODA

Fizičko-hemijske analize mineralnih voda Torde, Slankamen Banje, Obrenovačke Banje, Velike Vrbnice i Lomnice prethodile su izvođenju metabarkoding analiza mikrobioma istih pojava, koje je ujedno karakterisalo i bogatstvo gvoždevitih, sulfato-redukujućih, sluz-produkujućih, heterotrofnih aerobnih, denitrifikacionih i *Pseudomonas* bakterija detektovanih BART analizama.

Prema klasifikaciji lekovitih mineralnih voda na osnovu vrednosti temperature i pH vrednosti (Dragišić & Živanović, 2014), pojava mineralnih voda u Obrenovačkoj Banji pripada toplim (subtermalnim) vodama, dok mineralne vode Velike Vrbnice, Lomnice, Slankamen Banje i Torde pripadaju hladnim vodama. Slabo kiselim mineralnim vodama pripada pojava u Velikoj Vrbnici, neutralnim pojava u Lomnici, dok slabo alkalnim mineralnim vodama pripadaju pojave u Slankamen Banji, Obrenovačkoj Banji i Tordi. Na osnovu vrednosti ukupne mineralizacije, brakičnim vodama pripadaju podzemne (mineralne) vode sa veličinom ukupne mineralizacije od 1.000 – 10.000 mg/L (Dragišić & Živanović, 2014), odnosno sve istraživane pojave se mogu svrstati u navedenu kategoriju, budući da su vrednosti ukupne mineralizacije bile u naznačenom dijapazonu. Elektroprovodljivost, kao svojstvo mineralnih voda koje zavisi od sadržaja i oblika rastvorenih supstanci u vodi, imalo je najveću vrednost za pojavu u Slankamen Banji (elektroprovodljivost: 11.020 $\mu\text{S}/\text{cm}$), a najnižu u Velikoj Vrbnici (elektroprovodljivost: 2.050 $\mu\text{S}/\text{cm}$), s obzirom na to da je istraživane pojave karakterisala i ista gradacija sa aspekta sadržaja ukupne mineralizacije u vodi (Tabela 4.3).

Sa aspekta karakterističnog jonskog sastava, povišene koncentracije katjona Na^+ iznad 1.000 mg/L zabeležene su u mineralnim vodama Slankamen Banje i Lomnice, dok su sadržaji istog katjona niži od 1.000 mg/L zabeleženi u mineralnim vodama Torde, Obrenovačke Banje i Velike Vrbnice. Sadržaji katjona Mg^{2+} iznad 100 mg/L zabeleženi su u mineralnim vodama Torde, Slankamen Banje, Lomnice i Velike Vrbnice, dok su povišene koncentracije katjona Ca^{2+} zabeležene u mineralnim vodama Velike Vrbnice (Ca^{2+} - 331 mg/L). U mineralnim vodama Lomnice, zabeležene su i povišene koncentracije katjona K^+ (K^+ - 117 mg/L). Anjoni HCO_3^- sa vrednostima iznad 1.000 mg/L su dominirali u pojavama Obrenovačke Banje, Lomnice i Velike Vrbnice, pri čemu je njihov povišen sadržaj zabeležen i u mineralnim vodama Torde. Anjoni SO_4^{2-} su karakterisali pojavu u Tordi (SO_4^{2-} - 1.380,3 mg/L), dok su anjoni Cl^- bili najzastupljeniji u mineralnim vodama Slankamen Banje (Cl^- - 4.615 mg/L) (Tabela 4.3).

U okviru metala, zabeležene su povišene koncentracije Li u mineralnim vodama Lomnice (Li - 5,2 mg/L), kao i koncentracije Sr u Slankamen Banji (Sr - 13,1 mg/L), čiji sadržaj iznad 1 mg/L je zabeležen i u mineralnim vodama Obrenovačke Banje, Lomnice i Velike Vrbnice. Koncentracije Fe iznad 1 mg/L karakterisale su pojavu u Obrenovačkoj Banji, dok je ostale pojave karakterisao nizak sadržaj Fe. Nizak sadržaj Mn karakterisao je sve istraživane pojave, dok je u mineralnim vodama Torde detektovano i prisustvo Se u izuzetno niskim koncentracijama. Najviše koncentracije B zabeležene su u mineralnim vodama Lomnice (B - 19,3 mg/L), a potom u Slankamen Banji, Obrenovačkoj Banji i Tordi, dok je nizak sadržaj B karakterisao mineralne vode Velike Vrbnice. Visok sadržaj F karakterisao je pojavu u Obrenovačkoj Banji (F - 1,68 mg/L), dok je povišen sadržaj J karakterisao mineralne vode Slankamen Banje (J - 5,7 mg/L), odnosno koncentracije istog jona ispod 2 mg/L karakterisale su pojave u Tordi, Lomnici i Velikoj Vrbnici. Nizak sadržaj NO_2^- karakterisao je sve istraživane pojave, dok su izuzetno povišene koncentracije NH_3 zabeležene u mineralnim vodama Slankamen Banje (NH_3 - 83,8 mg/L) i Obrenovačke Banje (NH_3 - 24 mg/L). U okviru gasnog sastava, zabeležen je izuzetno visok sadržaj slobodnog CO_2 u mineralnim vodama

Lomnice(CO₂ – 786,6 mg/L), nakon čega sledi pojava u Velikoj Vrbnici, dok je nizak sadržaj slobodnog CO₂ karakterisao mineralne vode Torde, Slankamen Banje i Obrenovačke Banje. Nizak sadržaj H₂S karakterisao je sve istraživane pojave mineralnih voda (Tabela 4.3).

Tabela 4.3 Rezultati fizičko-hemijskih analiza istraživanih pojava mineralnih voda (Gradski zavod za javno zdravlje, Beograd, 2019/20)

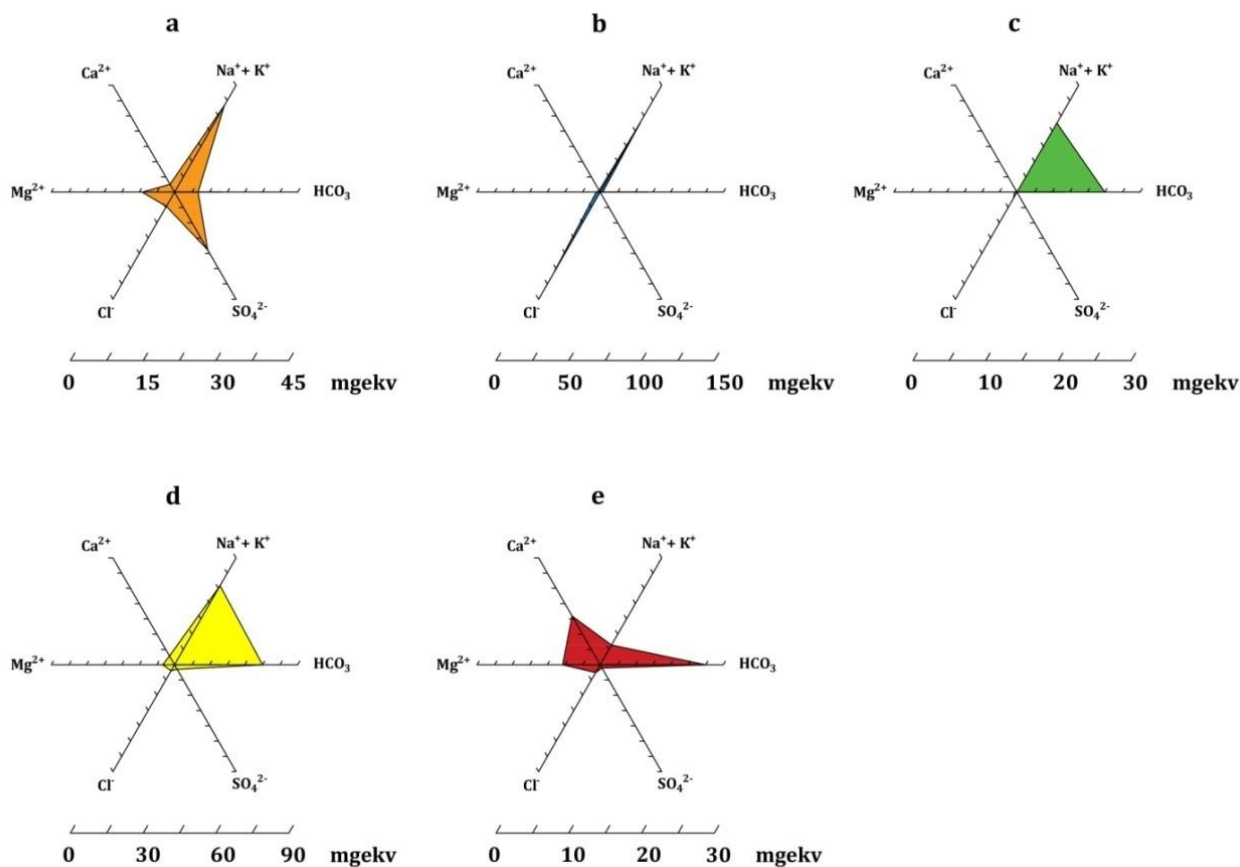
Ispitivani parametri	Torda	Slankamen Banja	Obrenovačka Banja	Lomnica	Velika Vrbnica
OSNOVNE FIZIČKO-HEMIJSKE VELIČINE					
Temperatura (°C)*	11,0	18,4	30,6	13,0	12,0
Suvi ostatak na 105°C (mg/L)	2.207	7.440	1.730	4.700	1.530
pH	7,9	7,6	7,9	6,8	6,5
Boja (°Co-Pt skala)	<5	<5	60	<5	<5
Boja prividna (°Co-Pt skala)	10	10	80	5	5
Miris	Na kupus	Na naftu	Na amonijak	Na naftu	Bez
Oksidabilnost (mg/L)	1,8	22,6	/	0,9	1,3
Elektroprovodljivost (µS/cm)	4.550	11.020	2.290	6.400	2.050
MAKROKOMPONENTE (mg/L)					
Katjoni					
Na ⁺	984	2.452	492	1.712	132
K ⁺	0,956	30,4	22,4	117	17
Mg ²⁺	169	107	8,41	109	137
Ca ²⁺	46,1	198	10,1	163	331
Anjoni					
HCO ₃ ⁻	629,9	272,7	1.476,20	4.648,20	1.714,1
SO ₄ ²⁻	1.380,3	3,5	1,2	217,6	66,8
Cl ⁻	255,6	4.615	74,2	220,1	85,2
NO ₃ ⁻	39,4	13,4	3,8	6,8	12,8
MIKROKOMPONENTE (mg/L)					
Li	0,037	0,808	0,689	5,2	0,292
Sr	0,862	13,1	1,47	2,18	1,37
Se	<0,001	/	/	/	/
Mn	<0,001	0,028	0,032	0,278	0,005
Fe	0,01	<0,010	1,17	0,029	<0,010
B	2,36	9,83	2,87	19,3	0,743
F	0,423	0,025	1,68	0,352	0,21
J	<2	5,7	0,5	<2	<2
NO ₂ ⁻	0,012	0,036	<0,007	<0,007	<0,007
NH ₃	<0,05	83,8	24	<0,05	0,14
GASOVI (mg/L)					
Slobodni CO ₂	<0,5	9,4	<0,5	786,6	46,2
H ₂ S	<0,04**	<0,04**	<0,04***	<0,04**	<0,04**

*T- Temperatura: Torda (Tomić & Lazić, 2017), Slankamen Banja, Obrenovačka Banja, Lomnica, Velika Vrbnica (Filipović, 2003); ** - Vodonik-sulfid rastvorni kao S⁻²; *** - Vodonik-sulfid rastvorni; / = Nije određena vrednost parametra.

Uzrok povišene temperature mineralnih voda Obrenovačke Banje može biti rezultat regionalnih i lokalnih geotermalnih anomalija područja banje, u vidu povećanog geotermnog stepena, odnosno rezultat uticaja dubokih struktura, tj. paleoreljefa (Filipović & Stevanović, 1987). Povišen sadržaj Li u mineralnim vodama Lomnice je verovatno rezultat litološkog sastava podinskih naslaga predstavljenih kristalastim škrljncima sa interklacijama granitoida u okviru Kruševačkog basena (Protić, 1995; Šaraba & Dimkić, 2019a, 2019b), s obzirom na to da je najveća zastupljenost Li upravo u granitima i mineralima stena nastalih u poslednjoj fazi kristalizacije magme, kao što su minerali pegmatita (Petrović et al., 2012). Genealoško poreklo Sr može da se vezuje za glinovito-karbonatne stene, koje uz gipsonosne naslage sadrže i najveće količine Sr (Dimitrijević, 1988), imajući u vidu činjenicu da je izdan mineralnih voda na lokalitetu Slankamen Banje formirana u miocenskim sedimentima (Tomić & Lazić, 2017), odnosno izdan na lokalitetu Obrenovačke Banje formirana u okviru badenskih i sarmatskih naslaga krečnjaka, peskova, itd. (Filipović & Stevanović, 1987), budući da je u navedenim pojavama zabeležen i povišen sadržaj Sr. Joni B se talože u naslagama evaporita (u kojima se talože i joni J) ili se mineralne vode obogaćuju jonom B iz neogenih sedimenata, odnosno peščara i glinaca koji sadrže borni mineral sirlezit (Petrović et al., 2012). Tercijarni sedimenti Kruševačkog basena, kome pripada pojava mineralnih voda Lomnice sa povišenim sadržajem B, počinju konglomeratima, da bi se potom u vertikalnom profilu smenjivali glinci, laporci, gline, šljunkovi i peskovi, koji su mestimično zastupljeni u različitim proporcijama. Registrovane su i tercijarne naslage izgrađene od plastičnih masnih glina do peskova i glinovitih peskova (Milojević, 1964), pri čemu je litološki sastav tercijarnih sedimenata verovatno i uzork povišenog sadržaja B navedene pojave. S druge strane, sarmatski i drugi tercijarni slojevi na lokalitetu Slankamen Banje formirani su u salinskoj faciji (Leko et al., 1922), što može biti uzrok povišenog sadržaja B u ispitivanom uzorku mineralne vode. Povišen sadržaj jona F⁻ može biti indikator cirkulacije voda iz dubljih delova terena, duž sistema raseda i pukotina, kojima cirkulišu hidrotermalni rastvori koji prinose rastvorene supstance u mineralne vode. Nosioci fluora su minerali apatit, biotit i fluorit koji se najčešće javljaju u granitoidnim stenama (Petrović et al., 2012), pri čemu je na širem području Obrenovca registrovano postojanje brajkovačkog granitoida (Filipović et al., 1971). Izvor jona J⁻ može da bude rezultat uticaja morske vode koja sadrži velike količine jona J⁻, pri čemu je isušivanje Panonskog mora dovelo do taloženja jona J⁻ na njegovim obodnim delovima (Petrović et al., 2012), što može da objašnjava i njegov povišen sadržaj u mineralnim vodama Slankamen Banje i Torde, koje se vezuju za Panonski basen, odnosno nekadašnje istoimeno more. Badenske naslage Obrenovačke Banje vezuju se za morske lagune, sa slabijom cirkulacijom morskih voda, što je uticalo i na izraženije procese truljenja morskih organizama, zbog čega su nitrifikacioni procesi nakon formiranja badenskih naslaga imali značajnu ulogu, uzrokujući truljenje organizama, te formiranje biogenih supstanci iz belančevina, odnosno amonijum-jona (Filipović & Stevanović, 1987), što rezultuje i povišenim sadržajem NH₃ u mineralnim vodama Obrenovačke Banje. CO₂ u mineralnim vodama Lomnice nastaje putem termometamorfni procesa u kristalastoj podlozi koji su izazvani granitoidnom intuzijom, probijajući se iz serije kristalastih škrljaca sa većih dubina kroz tercijarne sedimente (Milojević, 1964; Protić, 1995; Marinković, 2014).

Takođe, hemijski sastav mineralnih voda prikazan je hidrohemijским dijagramima, koji direktno ukazuju na osnovni jonski tip mineralnih voda. Tako, na Slici 4.11 prikazani su dijagrami radijalnih koordinata hemijskog sastava ispitivanih pojava, koji posredno ukazuju i na vrednost ukupne mineralizacije mineralnih voda. Zaključuje se dominantan sadržaj jona Na⁺ + K⁺ za pojave u Obrenovačkoj Banji, Lomnici, Slankamen Banji i Tordi, dok je za pojavu u Velikoj Vrbnici dominantan sadržaj jona Ca²⁺. Pojavu u Slankamen Banji karakterišu i izvesni sadržaji jona Ca²⁺ i Mg²⁺, dok su za pojavu u Tordi zabeleženi samo povišeni sadržaji jona Mg²⁺, nakon jona Na⁺ + K⁺. Pojave u Obrenovačkoj Banji, Velikoj Vrbnici i Lomnici karakteriše dominantan sadržaj jona HCO₃⁻, dok pojavu u Slankamen Banji karakterišu povišene

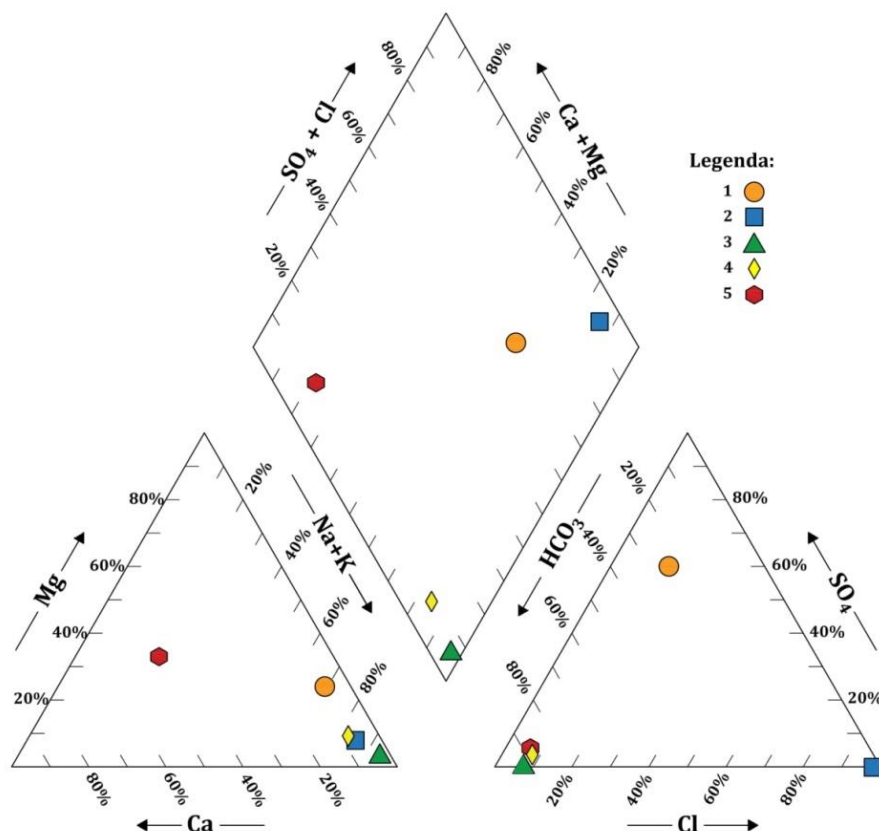
koncentracija jona Cl^- , pri čemu su povišene koncentracije jona HCO_3^- i SO_4^{2-} karakteristične za pojavu u Tordi. Takođe, zaključuje se da najviše vrednosti ukupne mineralizacije imaju pojave u Slankamen Banji Lomnici, nakon čega slede pojave u Tordi, Velikoj Vrbnici i Obrenovačkoj Banji.



Slika 4.11 Dijagrami radijalnih koordinata ispitivanih pojava mineralnih voda*

*a – Torda; b. Slankamen Banja; c. Obrenovačka Banja; d. Lomnica; e. Velika Vrbnica.

Na Slici 4.12 prikazan je Pajperov dijagram hemijskog sastava ispitivanih pojava, koji ukazuje na osnovni jonski tip mineralnih voda. Tako, $\text{HCO}_3^- \text{Na}$ mineralnim vodama pripadaju pojave u Obrenovačkoj Banji i Lomnici, $\text{HCO}_3^- \text{Mg, Ca, Na}$ pripada pojava u Velikoj Vrbnici, $\text{Cl}^- \text{Na}$ pojava u Slankamen banji, dok $\text{SO}_4, \text{HCO}_3^- \text{Na, Mg}$ mineralnim vodama pripada pojava u Tordi.



Slika 4.12 Pajperov dijagram hemijskog sastava ispitivanih pojava mineralnih voda

Legenda: 1 – Torda; 2 – Slankamen Banja; 3 – Obrenovačka Banja; 4 – Lomnica; 5 – Vrelika Vrbnica.

4.5 METABARKODING ANALIZE MINERALNIH VODA

Izvršeno je ispitivanje prostorne dinamike mikrobioloških zajednica i njihovog bogatstva u okviru pet različitih uzoraka mineralnih voda (Torda, Slankamen Banja, Obrenovačka Banja, Velika Vrbnica i Lomnica), primenom sekvenciranja naredne generacije. Meren je prinos DNK analiziranih uzoraka, pri čemu je koncentracija DNK bila u intervalu između 19 ng/μL i 49 ng/μL. Razmatrane su samo sekvence iznad 50 nt za dalju analizu. Indeksi bogatstva mikroorganizama i alfa-diverziteta prikazani su u Tabeli 4.4 na nivou razdela, familije i roda, za svaki pojedinačni uzorak mineralnih voda.

Prema opisanim indeksima diverziteta (Chao1, ACE, Shannon, Fisher i Simpson), mineralne vode Lomnice i Slankamen Banje karakterisao je bogat alfa-diverzitet vrsta (Šaraba et al., 2019b, 2019c). Međutim, alfa-diverzitet, uzimajući u obzir taksonomske kategorije razdela, familije i roda, ukazivao je da je mineralne vode Slankamen Banje ipak karakterisao bogatiji alfa-diverzitet. Zatim je na osnovu alfa-diverziteta sledila pojava u Tordi, uzimajući u obzir indeks FisherAlpha, dok je oskudniji alfa-diverzitet karakterisao mineralne vode Velike Vrbnice i Obrenovačke Banje. Međutim, na osnovu Shannon-ovog i Simpsonovog indeksa bogatiji alfa-diverzitet karakterisao je mineralne vode Velike Vrbnice u odnosu na pojave u Tordi i Obrenovačkoj Banji (Tabela 4.4). Detektovano bogatstvo bakterijskih zajednica prema OBS-u, ukazalo je na najveće bogatstvo bakterija u mineralnim vodama Slankamen Banje i Lomnice, naročito na nivou roda. Uzimajući u obzir indekse Chao1 i ACE, ustanovljena je pozitivna korelacija između zapaženog i procenjenog bogatstva u svim taksonskim kategorijama. Generalno, i diverzitet i bogatstvo moguće je predstaviti sledećom relacijom: Slankamen Banja>Lomnica>Torda>Velika Vrbnica>Obrenovačka Banja, što je u skladu sa svim primenjenim indeksima.

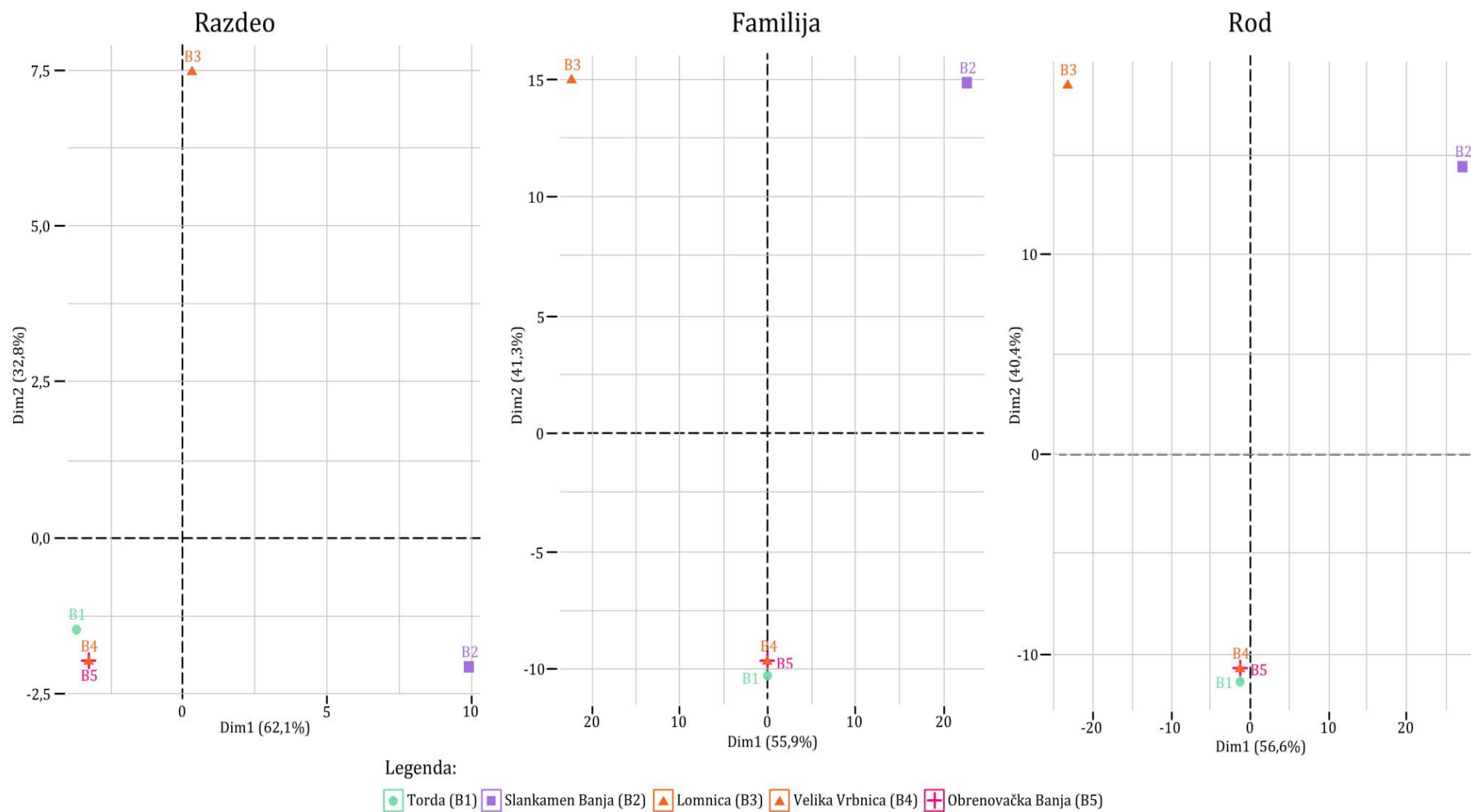
Tabela 4.4 Procena mikrobiološkog diverziteta na osnovu indeksa mikrobiološkog bogatstva i alfa-diverziteta

Mineralne vode	Razdeo/Familija/Rod								
	Shannon	Simpson	InvSimpson	FisherAlpha	OBS*	CHA01	CHA01.SE	ACE	ACE.SE
Torda	0,07	0,02	1,02	0,53	4	4	0	4	0,87
	0,62	0,26	1,35	1,74	11	11	0,12	11,39	1,6
	0,63	0,26	1,35	1,93	12	12	0,12	12,36	1,64
Slankamen Banja	1,52	0,66	2,92	3,59	36	36	0	36	2,07
	3,25	0,92	12,65	26,97	216	216	0	216	7,08
	3,38	0,92	13,15	34,82	270	270	0	270	8,02
Lomnica	1,03	0,42	1,71	3,25	30	30	0	30	2,32
	2,25	0,66	2,96	30,24	212	212	0	212	7,27
	2,39	0,67	3,01	35,64	244	244	0	244	7,81
Velika Vrbnica	0	0	1	0,18	1	1	0	ND	ND
	0,68	0,49	1,96	0,44	2	2	0	ND	ND
	0,91	0,55	2,24	0,74	3	3	0	3	0,82
Obrenovačka Banja	0	0	1	0,12	1	1	0	ND	ND
	0,41	0,24	1,32	0,27	2	2	0	ND	ND
	0,46	0,25	1,33	0,43	3	3	0	3	0,82

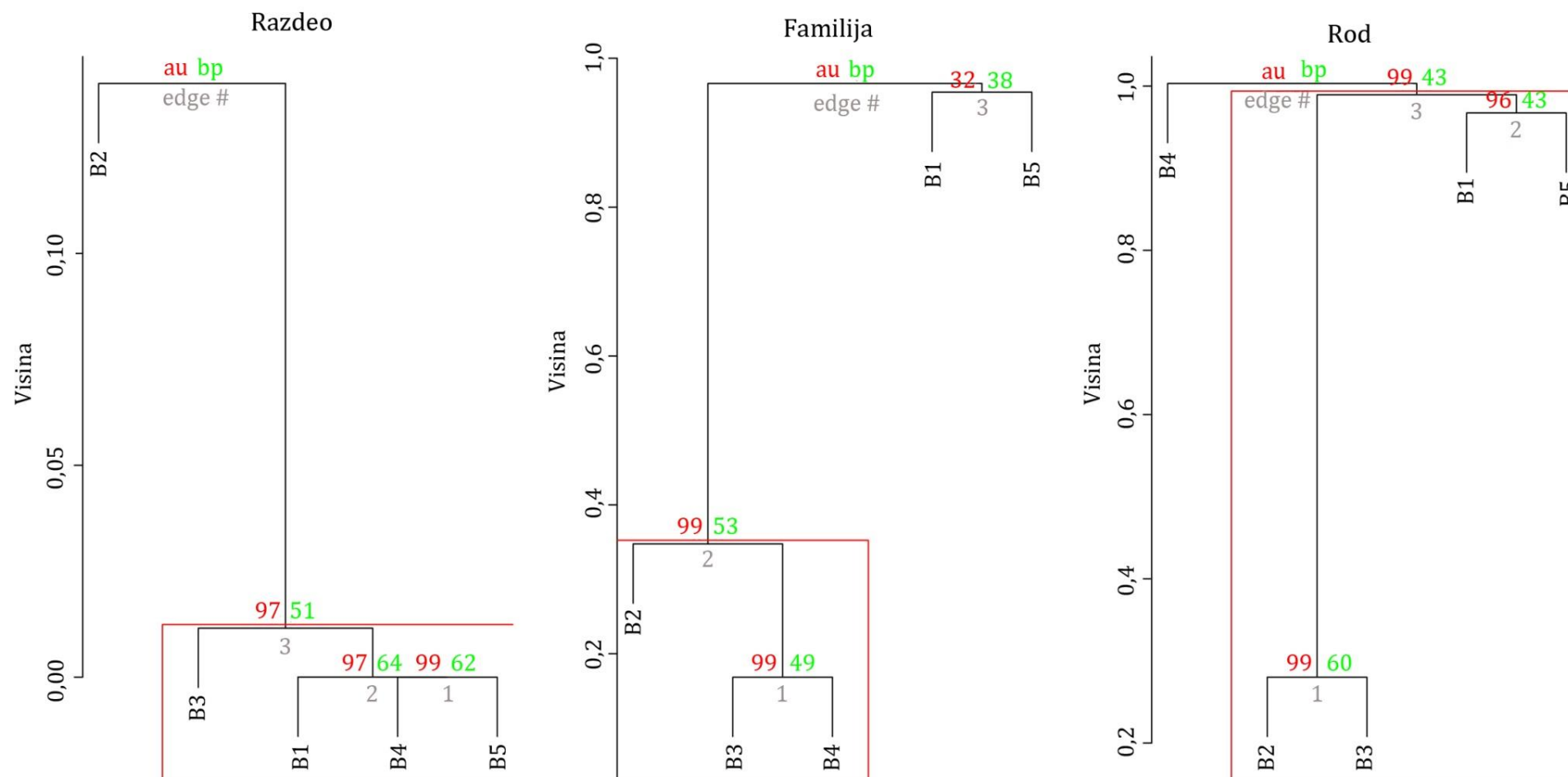
*OBS – Procenjeno bogatstvo vrsta (eng. "Observed species richness – OBS"); ND – Nije detektovano (eng. "Not detected – ND").

Analiza glavnih komponenti (PCoA) predstavlja prikaz odnosa različitosti beta-diverziteta između ispitivanih uzoraka mineralnih voda (Slika 4.13). U slučajevima u kojima su relativne udaljenosti približne, moguće je zaključiti da bakterijske zajednice dve odabrane pojave karakteriše približan bakteriološki sastav i da dele zajedničku evolucionu istoriju. Tako, zaključuje se da uzorke mineralnih voda Torde, Velike Vrbnice i Obrenovačke Banje karakteriše približan diverzitet bakterijskih zajednica. U odnosu na njih, diverzitet bakterija u uzorcima mineralnih voda Slankamen Banje (B2) i Lomnice (B3) je bio različit na svim taksonomskim nivoima (s većim vrednostima za Dim1). Uzimajući u obzir vrednosti Dim2, uzorci mineralnih voda Slankamen Banje i Lomnice pokazali su ipak manje različitosti u bakterijskim zajednicama na nivou familije i roda.

Međutim, hijerarhijska analiza klastera zasnovana na bogatstvu taksonomskih kategorija, na nivou razdela pokazala je da mineralne vode Torde (B1), Velike Vrbnice (B4) i Obrenovačke Banje (B5) pokazuju sličnost bakterijskih zajednica, odnosno manju različitost u odnosu na uzorke mineralnih voda Lomnice (B3), dok su mineralne vode Slankamen Banje (B2) bile najudaljenije. Na nivou familije, ustanovljena je klasterizacija između uzoraka mineralnih voda Lomnice, Velike Vrbnice i Slankamen Banje, dok su mineralne vode Torde i Obrenovačke Banje bile najudaljenije. Međutim, na nivou roda najveća sličnost potvrđena je između mineralnih voda Slankamen Banje i Lomnice, kao i Torde i Obrenovačke Banje, dok se mineralne vode Velike Vrbnice razlikuju od četiri preostala uzorka (Slika 4.14).



Slika 4.13 Analiza glavnih komponenti bakterijskog sastava pet različitih uzoraka mineralnih voda na na nivou razdela, familije i roda



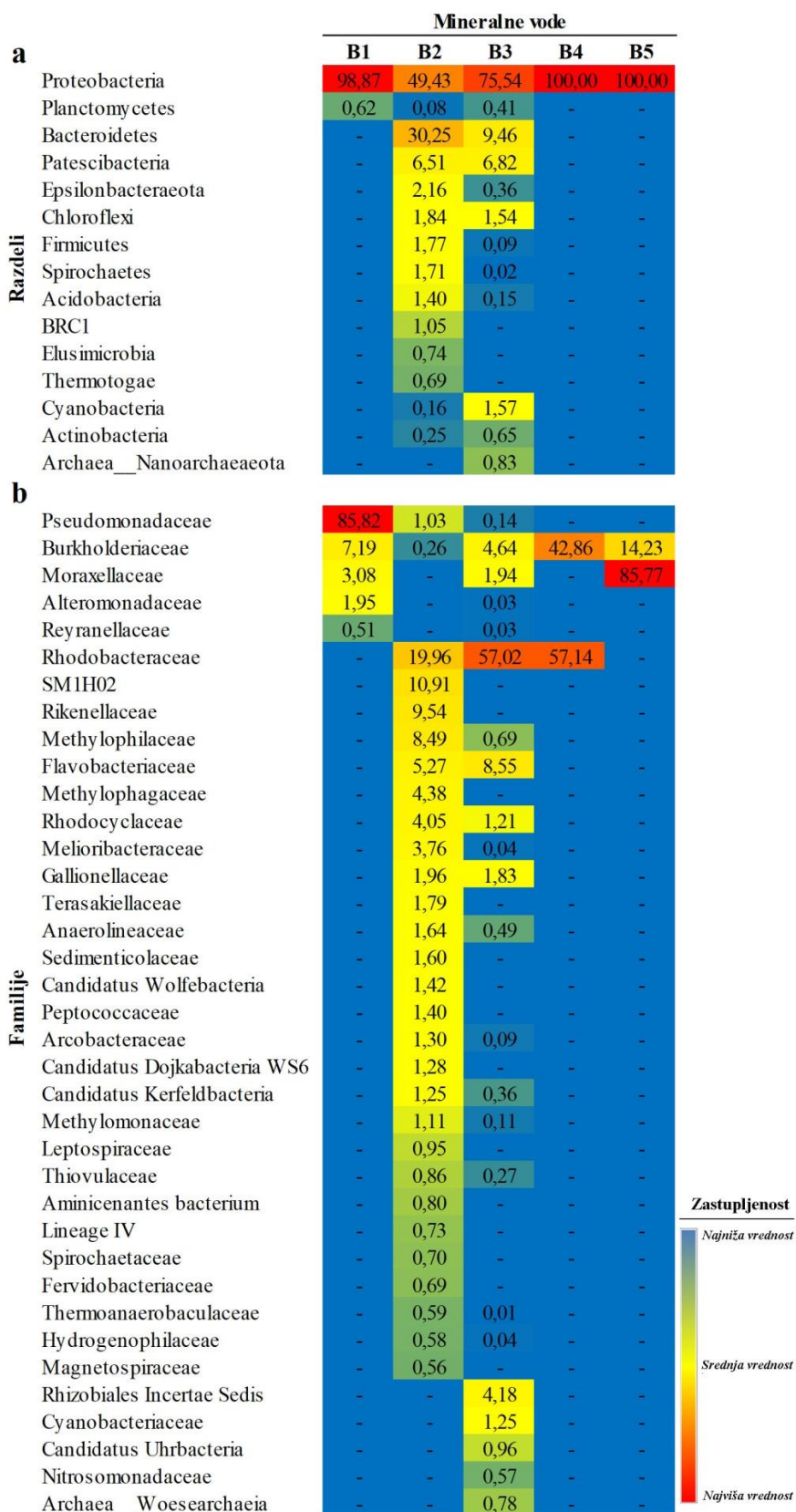
Slika 4.14 Klaster analiza bakterijskog sastava mineralnih voda Torde (B1), Slankamen Banje (B2), Lomnice (B3), Velike Vrbnice (B4) i Obrenovačke Banje (B5) na na nivou razdela, familije i roda*

*Dendrogrami ukazuju na au i bp rezultate (p-vrednosti), pri čemu su vrednosti au (crvena boja) „približno nepristrasne” p vrednosti, dok su bp (zelena boja) vrednosti „verovatnoće pokretanja” i manje su tačne od vrednosti au. Podaci podržavaju klastere sa visokim au vrednostima ($\geq 95\%$). Crveni okviri ukazuju na približno nepristrasne p-vrednosti veće od 95%.

4.5.1 Sastav mikrobioloških zajednica

Sa ciljem utvrđivanja bakterijskih taksona u odabranim pojavama mineralnih voda, 16S rDNK sekvence su klasifikovane prema referentnoj bazi podataka SILVA. Pored domena bakterija, arheje, iako u niskom procentu, bile su najzastupljenije u uzorcima mineralnih voda Torde (0,31%) i Lomnice (1,26%). Rezultati razdela i familija za pojave u Tordi (B1), Slankamen Banji (B2), Lomnici (B3), Velikoj Vrbnici (B4) i Obrenovačkoj Banji (B5) prikazani su na Slici 4.15 i u sklopu Priloga 1 i 2, pri čemu su rezultati metabarkoding analiza mikrobioma ispitivanih pojava pokazali da je od detektovanih razdela najdominantniji bio razdeo Proteobacteria u mineralnim vodama Torde, Velike Vrbnice i Obrenovačke Banje. Prema Šarabi & Dimkiću (2019a), u mineralnim vodama Velike Vrbnice i Obrenovačke Banje to je ujedno bio i jedini detektovan razdeo. Pored dominantnog prisustva razdela Proteobacteria, u uzorku mineralnih voda Torde zabeležena je pojava Planctomycetes razdela. Najveći broj razdela je bio zabeležen u mineralnim vodama Slankamen Banje, gde je od 14 identifikovanih razdela utvrđena kodominantna zastupljenost Bacteroidetes i Proteobacteria, i povećana zastupljenost Epsilonbacteraeota, Firmicutes, Spirochaetes i Acidobacteria. Relativna zastupljenost razdela Patescibacteria i Chloroflexi, u mineralnim vodama Slankamen Banje i Lomnice, je bila gotovo podjednaka. Razdeli Cyanobacteria i Actinobacteria su više karakterisali mineralne vode Lomnice, dok su razdeli BRC1, Thermotogae i Elusimicrobia bili zabeleženi samo u uzorku mineralnih voda Slankamen Banje. Takođe, u uzorku mineralnih voda Lomnice bio je identifikovan i razdeo Nanoarchaeaeota (0,83%) (Slika 4.15a).

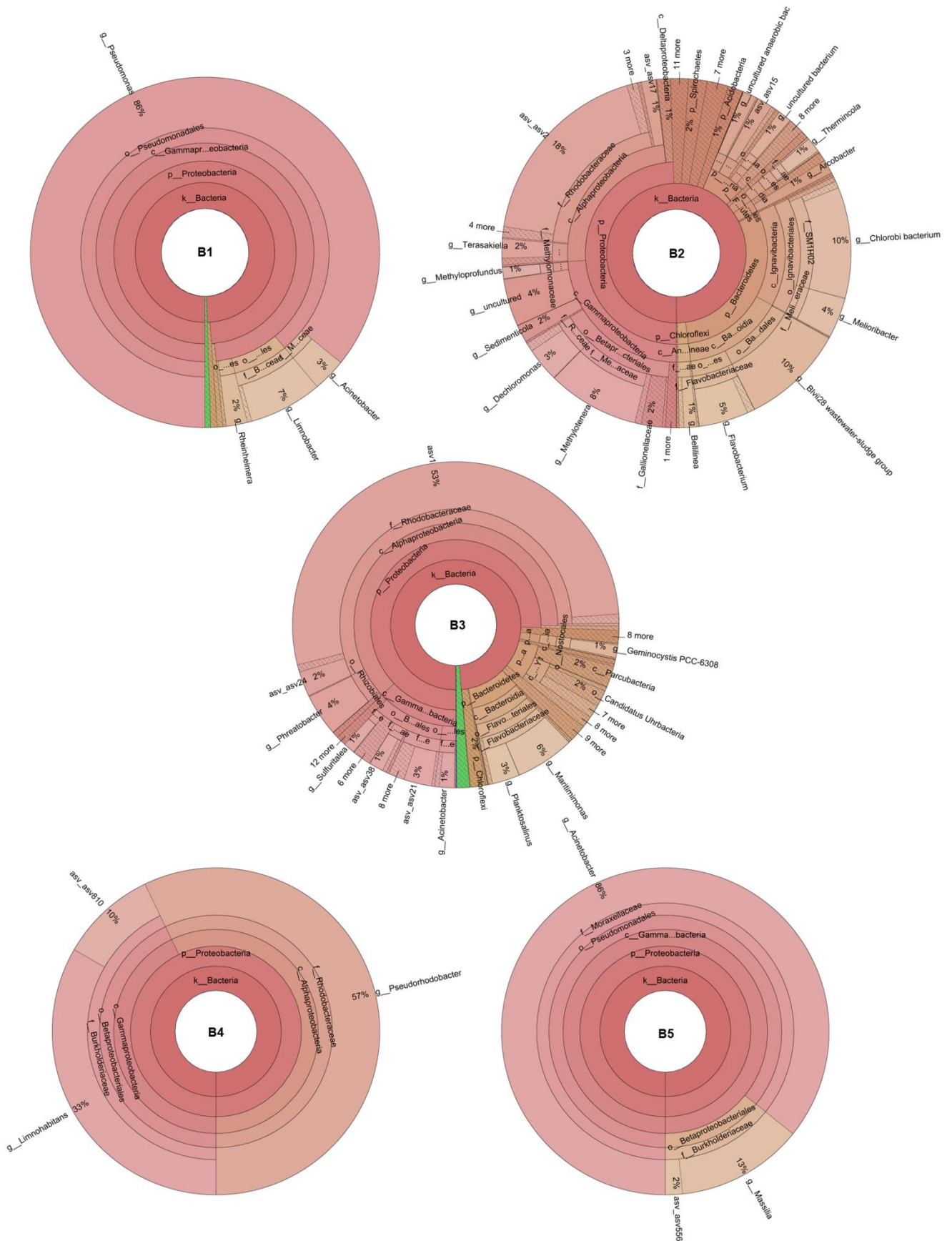
Na nivou familija, Burkholderiaceae je bila jedina zabeležena familija u svim ispitivanim pojavama mineralnih voda (Slika 4.15b). Prema Šarabi & Dimkiću (2019a), zastupljenost familije Burkholderiaceae u mineralnim vodama Velike Vrbnice je iznosila 42,86%, odnosno bila je najveća u odnosu na ostale ispitivane pojave. U mineralnim vodama Torde, Pseudomonadaceae je bila najzastupljenija uz detektovano prisustvo Burkholderiaceae, Moraxellaceae i Alteromonadaceae u većem procentu. U mineralnim vodama Obrenovačke Banje, familija Moraxellaceae je dominirala sa 85,77% relativne zastupljenosti (Slika 4.15b). Familija Rhodobacteraceae je bila dominantna u mineralnim vodama Velike Vrbnice, Slankamen Banje i Lomnice. Najbogatiji diverzitet je karakterisao mineralne vode Slankamen Banje i Lomnice, sa familijama Gallionellaceae, Thermoanaerobaculaceae, Flavobacteriaceae, Melioribacteraceae, Anaerolineaceae, Thiovulaceae, Hydrogenophilaceae, Methylophilaceae, Rhodocyclaceae i Methylomonaceae. Takođe, u uzorku mineralnih voda Slankamen Banje su bile detektovane jedinstvene familije - SM1H02, Rikenellaceae, Methylophagaceae, Peptococcaceae, Terasakiellaceae, Sedimenticolaceae, Spirochaetaceae, Magnetospiraceae, Leptospiraceae i Feravidobacteriaceae. U mineralnim vodama Lomnice je u manjem procentu zabeleženo prisustvo familije Gallionellaceae (1,83%) i Burkholderiaceae (4,64%) iz klase Gammaproteobacteria (Šaraba et al., 2019b; Šaraba & Dimkić, 2019b). Dalje, u uzorku mineralnih voda Lomnice su neidentifikovane Incertae Sedis familije iz reda Rhizobiales, Cyanobacteriaceae, Candidatus Uhrbacteria i Nitrosomonadaceae bile jedine detektovane u ovom uzorku sa više od 0,50% relativne zastupljenosti.



Slika 4.15 Relativna zastupljenost bakterija i arheja procenjena na osnovu 16S rDNK sekvenci genoma na nivou razdela (a) i familije (b)*

*U obzir su uzeti samo taksoni zastupljeni iznad 0,5% u mineralnim vodama Torde (B1), Slankamen Banje (B2), Lomnice (B3), Velike Vrbnice (B4) i Obrenovačke Banje (B5).

Imajući u vidu različitosti u celokupnom diverzitetu, različiti rodovi bakterija dominiraju u zajednicama mineralnih voda Srbije (Slika 4.16 i Prilog 3). Ovi rezultati su u pozitivnoj korelaciji sa prethodno uočenom prostornom dinamikom razdela i familija. Konkretno, *Pseudomonas* je bio najzastupljeniji rod u uzorku mineralnih voda Torde (86%), dok je *Acinetobacter*, predstavnik familije Moraxellaceae, bio dominantan u uzorku mineralnih voda Obrenovačke Banje (86%), te je u manjoj meri bio prisutan u uzorcima mineralnih voda Torde i Lomnice. Rodovi, kao što su *Limnobacter* (7%) i *Rheinheimera* (2%) (sa određenom vrstom *R. aestyarii*), bili su karakteristični predstavnici uzorka mineralnih voda Torde, dok je *Massilia* (13%) bio kodominantni rod u uzorku mineralnih voda Obrenovačke Banje. Pored dominantnog prisustva neidentifikovanih rodova u okviru familije Rhodobacteraceae, u mineralnim vodama Lomnice, sa relativno većom zastupljenošću iznad 1% identifikovani su rodovi: *Maritimimonas*, *Phreatobacter*, *Planktosalinus*, *Acinetobacter*, *Geminocystis* i *Sulfuritalea* (Šaraba et al., 2019b; Šaraba & Dimkić, 2019b). Uzorak mineralnih voda Velike Vrbnice uglavnom su činile vrste roda *Pseudorhodobacter* (57%) i *Limnohabitans* (33%), kao i predstavnici bakterijskih zajednica povezanih sa familijom Burkholderiaceae u većem relativnom obilju, ali nisu bile predstavljene poznatim rodom. Utvrđeni rodovi *Maritimimonas* i *Planktosalinus* iz familije Flavobacteriaceae i *Sulfuritalea*, bili su relativno zastupljeniji u mineralnim vodama Lomnice nego Slankamen Banje. U uzorku mineralnih voda Lomnice, *Phreatobacter* (familija Rhizobiales Incertae Sedis), *Geminocystis* PCC-6308 (*G. herdmanii* PCC-6308, familija Cyanobacteriaceae), *Acidovorax* (familija Burkholderiaceae) i *Nitrosomonas* (vrsta *N. mobilis*) su bili jedinstveni rodovi. U uzorku mineralnih voda Slankamen Banje, uz dominantno prisustvo neodređenog roda iz familije Rhodobacteraceae, u većem procentu zabeležene su *Chlorobi* bakterije (zelene sumporne bakterije) (10%) i bakterije *Blvii28* wasterwater-sludge group (10%) iz familije Rikenellaceae. Takođe, u uzorku mineralnih voda Slankamen Banje u većem procentu bile su zastupljeni rodovi *Methylothera* (8%), *Flavobacterium*, *Melioribacter* (5%) (sa određenom vrstom *M. roseus*) i *Dechloromonas* (3%), dok su rodovi *Terasakiella*, *Sedimenticola* (sa određenom vrstom *S. selenatireducens*), *Thermincola*, *Arcobacter*, *Bellilinea*, *Methyloprofundus*, *Sulfurimonas*, *Aminicenantes*, *Fervidobacterium* (sa određenom vrstom *F. riparium*), *Gallionella*, *Thermoanaerobaculum* (sa određenom vrstom *T. aquaticum*), *Hydrogenophilus* i *Magnetovibrio* bili relativno zastupljeni u opsegu između 1-2% (Šaraba et al., 2019c).



Slika 4.16 Relativna zastupljenost bakterijskih taksona na nivou roda predstavljenih putem Krona interaktivnog prikaza za uzorke mineralnih voda Torde (B1), Slankamen Banje (B2), Lomnice (B3), Velike Vrbnice (B4) i Obrenovačke Banje (B5)

U okviru domena bakterija, razdeo Proteobacteria predstavlja najveći razdeo (Madigan et al., 2010) i obuhvata ekološki, geološki i evolucijski značajnu grupu mikroorganizama. Svi predstavnici razdela pokazuju izuzetnu metaboličku raznovrsnost, uključujući hemoautotrofne, hemoorganotrofne i fototrofne mikroorganizme, te bakterije od medicinskog, industrijskog i poljoprivrednog značaja (Marín, 2015), kao što je, na primer, *E. coli* (Madigan et al., 2010). Prethodni navodi posredno objašnjavaju prostornu distribuciju i najveću relativnu zastupljenost razdela u različitim tipovima istraživanih pojava. Razdeo Bacteroidetes grupiše vrste od kojih su pojedine često prisutne u saliničnim vodenim staništima, slatkovodnim sredinama (Dorador et al., 2009) i distributivnim vodenim postrojenjima (Dunkin et al., 2012). Sposobnost opstanka razdela Patescibacteria u staništima podzemnih voda uslovljena je veličinom genoma, ultra-malom veličinom ćelije, te sposobnošću izbegavanja invazije faga (Tian et al., 2020). Razdeo Chlorflexi poseduje biotehnološki značaj i potencijal u sistemu prečišćavanja otpadnih voda, budući da vrste ovog razdela doprinose transformaciji organskih supstanci (Nierychlo et al., 2019). Prethodni navodi posredno ukazuju na povezanost razdela Bacteroidetes, Patescibacteria i Chlorflexi sa vodenom sredinom, pri čemu nalaz razdela Chlorflexi zaslužuje posebnu pažnju u uslovima remedijacije kontaminiranih voda. Prisustvo razdela Acidobacteria dokazano je u uzorcima biofilma postrojenja za prečišćavanje pijaćih voda u Pekingu, čija zastupljenost je bila veća u naslagama biofilma u odnosu na uzorke vode (Li et al., 2017), što ukazuje na potencijal razdela u procesima biozarastanja bunara. Prisustvo Acidobacteria, između ostalog, može da bude i rezultat vertikalnog proceđivanja voda iz plićih vodonosnih horizonata, s obzirom na to da su predstavnici razdela Acidobacteria posebno rasprostranjeni u zemljištu, 20-50% od ukupne bakterijske zajednice (Costa et al., 2020). Predstavnici razdela Thermotogae su anaerobi, organotrofi i često su prisutni u rezervoarima nafte, hidrotermalnim otvorima i termalnim izvorima. Većina predstavnika ima termofilni i hipertermofilni karakter, međutim izolovane su i mezofilne Thermotogae iz naftnih rezervoara i zagađenih sedimenata (Pollo et al., 2015). Mezofilni karakter razdela Thermotogae potvrđuje i njegov nalaz u mineralnim vodama Slankamen Banje, odnosno prisustvo istoimenog razdela ukazuje na anaerobne ili lokalno anaerobne uslove u mineralnim vodama Slankamen Banje.

U okviru familija, posebnu pažnju zaslužuje nalaz familije Pseudomonadaceae, pri čemu su fluorescentne i nefluorescentne *Pseudomonas* vrste izolovane iz prirodnih mineralnih voda (Leclerc & Moreau, 2002). *P. aeruginosa* je glavni uzročnik infekcija uha i folikulitisa, kao posledica boravka u rekreacionim vodama koje sadrže *P. aeruginosa* i često se nalazi u hidromasažnim bazenima i kadama sa toplim vodama, ponekad čak u 94-100%, zbog visokih temperatura i aeracije koja pogoduje razvoju *P. aeruginosa*. Rizik kolonizacije od gutanja *P. aeruginosa* u vodi je nizak, pri čemu su dva slučaja u kontaktu sa kontaminiranom vodom rizična: i) izlaganje kože u kadama sa toplim vodama; ii) izlaganje plućima ukoliko se udišu aerosoli (Mena & Gerba, 2009). Takođe, *Pseudomonas* bakterije mogu da indukuju proces biozarastanja i da budu sastavni deo konzorcijuma heterotrofnih aerobnih bakterija (DBI, 2004), odnosno mogu da učestvuju u procesu denitrifikacije koji se može odvijati u kiseoničnim i anaerobnim uslovima (Majkić, 2013). Akceptor elektrona u anaerobnim uslovima su nitrati, dok je kiseonik akceptor elektrona u aerobnim uslovima (Knežević, 2015). Sposobnošću da koriste nitrata (NO_3^-) umesto kiseonika, vrsta *P. aeruginosa* može se razvijati u mikroaerofilnim i anaerobnim uslovima (Vukić Lušić et al., 2017). Zapravo, mogućnost opstanka *Pseudomonas* spp. u podzemnim vodama je posledica njihove sposobnosti da opstaju na različitim vrstama organskih supstrata. Takođe, ove bakterije ne zahtevaju specijalne vitamine i aminokiseline za sopstveni razvoj, te uspešno koriste različite izvore ugljenika (Leclerc & Moreau, 2002). Mogu se razvijati čak i u destilovanoj vodi (Mohammadi Kouchesfahani et al., 2015). U podzemnim vodama, uglavnom su zastupljene dve grupe *Pseudomonas* bakterija. Jednu grupu čine metilotrofi sposobni da oksiduju gas metan rasprostranjen u anaerobnim zemljištima, sedimentima i izdanima, čije generisanje nastaje

usled redukcije organske mase. Drugu grupu čine pseudomonade koje mogu da se razvijaju u oksičnim okruženjima sa koncentracijama soli većim od 15% (Cullimore, 1999). U okviru familije Burkholderiaceae, izolovan je rod *Acidovorax*, *Limnobacter*, *Massilia* i *Limnohabitans*. Rod *Acidovorax* pronađen je u prirodnim mineralnim vodama (Leclerc, 2003) i može da indukuje biozarastanje, odnosno pojedine vrste su oportuni patogeni (Hong et al., 2010). Vrste roda *Limnobacter* pronađene su u vulkanskim depozitima, morskoj vodi, itd., te mogu da učestvuju u oksidaciji sumpora, oksidativnoj fosforilaciji, etanolnoj fermentaciji i sl. (Chen et al., 2016). Rod *Massilia* prisutan je u slatkovodnim staništima (Ofek et al., 2012), pri čemu su pojedini predstavnici izolovani iz pijaćih voda i zemljišta kontaminiranog teškim metalima (White et al., 2011), dok je rod *Limnohabitans* karakterističan stanovnik kiselih i alkalnih staništa (Hahn et al., 2010). Zaključuje se povezanost detektovanih rodova sa vodenom sredinom, odnosno njihov uticaj na kvalitet vodnih resursa, tj. na metamorfozu hemijskog sastava voda i potencijal u biozarastanju bunara, te mogućnost opstanka u netipičnim uslovima sredine, imajuću u vidu afinitet roda *Limnohabitans* ka alkalnim i kiselim staništima, baš kao što su slabo kisele mineralne vode Velike Vrbnice u okviru kojih je detektovan. Predstavnici roda *Acinetobacter*, u okviru familije Moraxellaceae, poseduju biotehnološki potencijal u bioremedijaciji kontaminiranih voda, degradaciji petrohemijskih, te mogu da generišu sluz, itd. (Teixeira & Merquior, 2014), dok je rod *Rheinheimera* (sa određenom vrstom *R. aestuarii*), u okviru familije Alteromonadaceae, pronađen u morskoj vodi, zemljištu, marinskim sedimentima i slatkovodnim staništima (Baek & Jeon, 2015). Prisustvo familije Rhodobacteraceae zabeleženo je u naslagama biofilмова u pećini mineralnog lekovitog izvora na jugu Nemačke (Karwautz et al., 2018), pri čemu članovi familije učestvuju u oksidaciji sumpora i ugljen-monoksida (Pohlner et al., 2019). Rod *Pseudorhodobacter*, koji pripada familiji Rhodobacteraceae, izolovan je iz peskovitih sedimenata (Lee et al., 2016), dok su predstavnici roda *Paracoccus*, kao člana istoimene familije, izolovani iz podzemnih voda (vrsta *P. methylutens*) i taloga bunara (vrsta *P. denitrificans*) (Kelly et al., 2006), što objašnjava nalaz rodova u ispitivanim pojavama mineralnih voda.

U okviru familije Flavobacteriaceae, detektovani su rodovi *Maritimimonas*, *Planktosalinus* i *Flavobacterium*, pri čemu su pojedini članovi familije izolovani iz slatkovodnih sedimenata i zemljišta, (Cousin et al., 2007), te doprinose mineralizaciji organskih supstanci (Ahmed et al., 2007). Predstavnici familije Rhodocyclaceae klasifikovani su kao anoksigeni fotoheterotrofi, aerobni azoto-fiksatori, te vrste koje razgrađuju širok spektar izvora ugljenika, uključujući mnoga aromatična jedinjenja. Članovi familije mogu da koriste nitrate, perhlorate, hlorate, selen i druge akceptore elektrona. Određeni predstavnici su sumpor-oksidišući hemoautotrofi, metilotrofi i anaerobni oblici koji vrše fermentaciju propionske kiseline. Članovi familije rasprostranjeni su u različitim tipovima staništa, uključujući zemljišta, postrojenja za prečišćavanje otpadnih voda, reke, izdani, itd. Vrste koje imaju sposobnost degradacije aromatičnih jedinjenja, poseduju biotehnološki značaj u bioremedijaciji zagađenih životnih staništa i biotehnološki potencijal u razgradnji organskog otpadnog materijala (Oren, 2014). U okviru roda *Melioribacter*, koji pripada familiji Melioribacteraceae, ustanovljena vrsta *M. roseus* je fakultativno anaerobni umereno termofilni hemoorganotrof, izolovan iz biofilмова u okviru zona dreniranja termalnih voda (46°C) koje ističu iz bušotine dubine od 2.775 m (region Tomsk, Rusija) (Podosokorskaya et al., 2013), što objašnjava nalaz vrste u mineralnim vodama i ukazuje na njen potencijal u procesu biozarastanja vodozahvatnih objekata. U okviru familija Gallionellaceae, određen je rod *Gallionella*, kome pripada jedna ustavljena vrsta *G. ferruginea*, koja indukuje formiranje obraštaja na koje se potom lepe talozi gvožđe-hidroksida i drugih metala u tragovima, usled čega može doći do začepjenja bunara. Takođe, familija Gallionellaceae poseduje biotehnološki značaj, budući da se može koristiti metabolička aktivnost familije za uklanjanje dvovalentnog gvožđa iz podzemnih voda (Hallbeck & Pedersen, 2014). Članovi klase Anaerolineae, kojoj pripada familija Anaerolineaceae, pronađeni su u podzemnim staništima, sedimentima, vrelin

izvorima, aerobnim i anaerobnim biofilmovima, etc. (Yamada et al., 2007), što objašnjava prilagodljivost pripadnicima familije ekosistemu mineralnih voda.

U okviru familije Sedimenticolaceae, određen je rod *Sedimentocola* (vrsta *S. selenatireducens*) koji je prisutan u morskim i halofilnim vodenim staništima, gde učestvuje u oksidaciji sumpora i sumpornih jedinjenja, dok u anoksičnim uslovima i odsustvu svetlosti može koristiti azotna jedinjenja (D'Angeli et al., 2019). U okviru familije Peptococcaceae, određen je rod *Thermincola*, koji obuhvata anaerobne termofilne vrste koje obavljaju anaerobnu oksidaciju ugljen-monoksida stvarajući molekulski vodonik i ugljen-dioksid, te kao stanište života rod *Thermincola* bira vrele termalne izvore (Sokolova et al., 2005). Nalaz roda *Thermincola* u mineralnim vodama Slankamen Banje ukazuje na mogućnost opstanka roda i u drugačijim temperaturnim uslovima, te ulogu roda u biogeochemijskim transformacijama hemijskih elemenata u ekosistemu mineralnih voda. U okviru familije Arcobacteraceae, određen je rod *Arcobacter* čiji sojevi su izolovani iz postrojenja za prečišćavanje pijaćih voda u Nemačkoj i njihovi serotipovi su bili identični humanim izolatima. Takođe, predstavnici roda *Arcobacter* izolovani su iz jezera, reka, morskih sredina i podzemnih voda (Collado & Figueras, 2011), dok su predstavnici familije Thiovulaceae često prisutni u hidrotermalnim otvorima (Li et al., 2018). U okviru familije Thiovulaceae, određen je rod *Sulfurimonas*, koji objedinjuje vrste koje oksiduju sumpor (Han & Perner, 2015). Neke vrste roda *Sulfurimonas* redukuju nitrate i koriste elektrone iz oksidacije redukovanih neorganskih sumpornih jedinjenja, pri čemu skoro sve vrste roda *Sulfurimonas* mogu koristiti vodonik kao izvor energije (Li et al., 2018). Takođe, mnoge vrste redukovanih sumpornih jedinjenja, poput elementarnog sumpora, sulfida, tiosulfata i sulfita mogu poslužiti kao donor elektrona za razvoj roda *Sulfurimonas* (Han & Perner, 2015). Zbog niza metaboličkih mogućnosti, vrste roda *Sulfurimonas* mogu uticati na metamorfozu prvobitnog hemijskog sastava mineralnih voda formiranog kao rezultat interakcije voda ↔ stena.

S druge strane, pojedini članovi familije Spirochaetaceae su uzročnici ozbiljnih životinjskih i humanih bolesti, uključujući sifilis, lajmsku bolest, epidemiju i endemsku relapsnu groznicu, leptospirozu, dizenteriju svinja i parodontnu bolest (Karami et al., 2014), pri čemu su spirohete često prisutne u podzemnim vodama onečišćenim ugljovodonicima, zbog sposobnosti da razgrađuju ugljovodonike ili hlorovana jedinjenja u anoksičnim uslovima, kao što su toulen, naftalen, alkani, tereftelat i trihloreten (Dong et al., 2018). Nalaz istoimene familije, osim indikacije na prisustvo kontaminanata organskog porekla, može predstavljati i indikaciju potencijalnog zdravstvenog rizika podzemnih (mineralnih) voda, imajući u vidu patogeni karakter pojedinih članova familije. Na primerima odabranih pojava mineralnih voda, u okviru familije Spirochaetaceae, određeni su rodovi *Salinispira*, *Sediminispirochaeta*, *Spirochaeta 2* i *Treponema*. Prema Karami et al. (2014), predstavnici roda *Treponema* mogu uzrokovati sifilis, pintu i groznicu (vrsta *Treponema pallidum*), te zubne bolesti (vrsta *Treponema denticola*), dok Shivani et al. (2017) ukazuje da predstavnici rodova *Sediminispirochaeta* i *Spirochaeta* nemaju patogen karakter. Ben Hania et al. (2015) navode da rod *Salinispira* ima potencijal u formiranju žuto-narandžastih obraštaja zbog sadržaja karotenoidnih pigmenata, što ukazuje na potencijal detektovanog roda u razvoju procesa biozarastanja u bunarima mineralnih voda. U okviru familije Thermoanaerobaculaceae, određen je rod *Thermoanaerobaculum* sa identifikovanom vrstom *T. aquaticum*, koja ima sposobnost redukcije trovalentnog gvožđa i četvorovalentnog mangana (Losey et al., 2013), zbog čega prisustvo istoimene vrste može uticati na biogeochemijske transformacije hemijskih elemenata gvožđa i mangana u mineralnim vodama. Rod *Hydrogenophilus* i znatno manje zastupljen rod *Thiobacillus* određen je u okviru familije Hydrogenophilaceae. Većina članova familije Hydrogenophilaceae koristi neorganske donore elektrona, kao što su redukovana sumporna jedinjenja ili vodonik i izolovani su iz slatkovodnih staništa, vrelih izvora i aerobnih digestora u tretmanu mulja za obradu vode, pri čemu nije ustanovljen patogeni karakter predstavnika familije (Orlygsson & Kristjansson, 2014), zbog čega nalaz istoimene familije ne

predstavlja indikaciju potencijalnog zdravstvenog rizika, ali ukazuje na potencijalni rizik od razvoja procesa biozarastanja.

U okviru porodice Magnetospiraceae, određen je rod *Magnetovibrio*, sa ustanovljenom vrstom *M. blakemorei*, koja poseduje biotehnološki potencijal za proizvodnju magnetozoma (Silva et al., 2013), što ukazuje na činjenicu da mineralne vode, osim standardne primene u balneoterpijskoj profilaksi i u svrhe flaširanja (pića), predstavljaju pogodne sredine za razvoj i opstanak mikrobiološkog diverziteta sa biotehnološkim potencijalom u različitim granama industrije. Rod *Nitrosomonas*, sa identifikovanom vrstom *N. mobilis*, određen je u okviru porodice Nitrosomonadaceae i učestvuje u oksidaciji amonijum jona do nitrata (DBI, 2004). Bakterije roda *Nitrosomonas* predstavljaju glavne zajednice u bioreaktorima za prečišćavanje otpadnih voda, odnosno vrsta *N. mobilis* (Thandar et al., 2016), što ukazuje na potencijal detektovane vrste u bioremedijaciji kontaminiranih voda. Generalno, prisustvo nitrifikujućih bakterija u vodama, prema DBI (2004), predstavlja indikator odvijanja aerobnih procesa razgradnje organskih jedinjenja bogatih azotom, istovremeno ukazujući na potencijal voda u pogledu zagađenja organskim supstancama iz izvora kao što su septičke jame, kanalizacioni sistemi, odlagališta industrijskog otpada, itd., što indikuje da mineralne vode Lomnice zaslužuju posebnu pažnju sa aspekta određivanja zona sanitarne zaštite. Na slična stanovišta ukazuju i Stojadinović & Rašula (1997), koji navode da je u kopanom bunaru na lokalitetu Lomnice potvrđeno prisustvo mikroflora koja doprinosi zagađenju mineralnih voda, pri čemu treba imati u vidu da otpadne vode izletišta Jastrebac i otpadne vode seoskih naselja Lomnice i Buci ulivaju se direktno u Lomničku reku, što utiče na zagađenje mineralnih voda kopanog bunara, kao i urbanizovana sredina u neposrednoj okolini samog izvorišta. U okviru porodice Rikenellaceae, nekultivisani rod *Blivii28*, pronađen je u anaerobnim sistemima za prečišćavanje otpadnih voda i slatkovodnim staništima, pri čemu do danas nije zabeležen nijedan kultivisani predstavnik iz ove grupe. Pripada strogo anaerobnim i mezofilnim bakterijama koje fermentišu ugljene hidrate i generišu vodonik. Međutim, nitrati, sulfati, sulfiti, tiosulfati, elementarni sumpor i Fe(III)-nitrilotriacetat nisu redukovani kao terminalni akceptori elektrona (Su et al., 2014).

Razlike u mikrobiološkom sastavu mineralnih voda Slankamen Banje, Velike Vrbnice i Obrenovačke Banje dobijene na osnovu BART analiza i metabarkoding analiza mikrobioma mogu biti rezultat vremenske distance prilikom asinhronog uzorkovanja. Osim toga, izvesno je i da hidraulička veza mineralnih voda i površinskih voda utiče na intenzivniji razvoj mikroorganizama podzemnih staništa, što posredno i objašnjava najveće bogatstvo alfa-diverziteta u okviru ispitivanih uzoraka Slankamen Banje i Lomnice potvrđenog na osnovu metabarkoding analiza mikrobioma, imajući u vidu karakter mineralnih voda Slankamen Banje i Dunava, odnosno karakter mineralnih voda Lomnice i Lomničke reke. Uzimajući u obzir podatke o bogatstvu mikrobiološkog diverziteta na osnovu zabeleženih dominantnih razdela i porodica bakterija u ispitivanim pojavama, te polazeći od klasifikacije mineralnih voda na osnovu kvalitativnog sastava algi prikazanih u radu Cvijan (1987), primenjen je približan princip klasifikacije na odabrane pojave mineralnih voda. Tako, mineralne vode Torde, Velike Vrbnice, Lomnice i Obrenovačke Banje se mogu označiti kao Proteobacteria mineralne vode, dok pojava u Slankamen Banji se može označiti kao Proteobacteria-Bacteroidetes mineralne vode. U okviru Proteobacteria mineralnih voda, mogu se označiti sledeći tipovi mineralnih voda: Pseudomonadaceae tip mineralnih voda (Torda), Rhodobacteraceae tip mineralnih voda (Slankamen Banja i Lomnica), Rhodobacteraceae-Burkholderiaceae tip mineralnih voda (Velika Vrbnica) i Moraxellaceae tip mineralnih voda (Obrenovačka Banja).

5. ZAKLJUČCI

Izradom predmetne doktorske disertacije nastojalo se ukazati na ulogu i značaj mikrobiološkog diverziteta odabranih pojava mineralnih voda, odnosno ustanoviti bogatstvo i populaciona dinamika mikroorganizama u okviru različitih tipova ispitivanih pojava. Formiranje mineralnih voda, odnosno njihovo isticanje prati kompleksnost (hidro)geoloških uslova, čije korišćenje je zasnovano na primeni u balneoterpijskoj profilaksi, zatim u svrhe pića (flaširanja), te kao potencijalni hidrogeotermalni resurs.

Na osnovu dobijenih i analiziranih rezultata dokorskog rada, izvedeni su sledeći zaključci:

1. Mineralne vode koje karakteriše specifičnost fizičko-hemijskog sastava, ujedno odlikuje i bogatstvo mikrobiološkog diverziteta. Dakle, kao uobičajeno mišljenje nije ispravno tvrditi da malomineralizovane podzemne vode predstavljaju sredine intenzivnijeg razvoja i reprodukcije mikroorganizama, budući da izražene vrednosti fizičko-hemijskih parametara podzemnih (mineralnih) voda ne predstavljaju restriktivne uslove za razvoj mikrobiološkog diverziteta, odnosno mogu da pogoduju opstanku ekstremofilnih mikroorganizama;
2. Bunari podzemnih (mineralnih) voda podstiču razvoj mikrobioloških zajednica, budući da njihova izrada u izvesnoj meri doprinosi narušavanju prirodne ravnoteže, što za posledicu ima i veće bogatstvo mikrobiološkog diverziteta;
3. Pojave u Bogatiću, Lukovskoj Banji i Vranjskoj Banji karakteriše intenzivan razvoj različito obojenih biofilmova i biomata u matriksu sa naslagama inkrustacije, pri čemu procesi biozarastanja i taloženja mineralnih depozita utiču na radni vek bunara;
4. U mikroflori istraživanih deset pojava mineralnih voda litosfere Srbije, heterotrofne aerobne bakterije su bile dominantne u mikroflori tri pojave (Velika Vrbnica, Obrenovačka Banja i Brestovačka Banja), gvožđevite i sulfato-redukujuće bakterije u mikroflori dve pojave (gvožđevite bakterije: Slankamen Banja i Vrnjačka Banja; sulfato-redukujuće bakterije: Selters Banja i Lomnica), sluz-produkujuće bakterije su dominirale u mineralnim vodama Torde, dok je odsustvo ciljanih fizioloških grupa mikroorganizama karakterisalo dve pojave (Radaljska Banja i Metković);
5. Rizik od razvoja procesa biokorozije i biohemijske inkrustacije ustanovljen je za sedam pojava (Torda, Slankamen Banja, Obrenovačka Banja, Selters Banja, Brestovačka Banja, Velika Vrbnica i Lomnica) od ukupno deset istraživanih, dok su mineralne vode u Vrnjačkoj Banji, Radaljskoj Banji i Metkoviću bile bez rizika od razvoja procesa biokorozije i biohemijske inkrustacije;
6. Zdravstveni rizik proračunat je za pet pojava (Torda, Obrenovačka Banja, Velika Vrbnica, Lomnica i Brestovačka Banja), odnosno minimalni zdravstveni rizik za četiri pojave (Slankamen Banja, Selters Banja, Metković i Vrnjačka Banja). Za pojavu u Radaljskoj Banji nije utvrđen bilo koji stepen zdravstvenog rizika;
7. Najveće bogatstvo alfa-diverziteta karakterisalo je pojavu u Slankamen Banji, dok je pojave u Tordi, Velikoj Vrbnici i Obrenovačkoj Banji karakterisao približan diverzitet bakterijskih zajednica i bile su manje različite u odnosu na mineralne vode Lomnice, dok su mineralne vode Slankamen Banje na nivou razdela bile najrazličitije u odnosu na ostale ispitivane pojave;
8. Na nivou familija, ustanovljena je klasterizacija za pojave u Lomnici, Velikoj Vrbnici i Slankamen Banji, dok su mineralne vode Torde i Obrenovačke Banje pokazivale različitost u odnosu na ostale uzorke. Na nivou roda, najveća sličnost karakterisala je pojave u Slankamen Banji i Lomnici, kao i Tordi i Obrenovačkoj Banji, dok su se mineralne vode Velike Vrbnice razlikovale od četiri preostale pojave (Torda, Slankamen Banja, Obrenovačka Banja i Lomnica);

9. U bakterijskom sastavu mineralnih voda Torde, Slankamen Banje, Lomnice, Velike Vrbnice i Obrenovačke Banje, najdominantniji razdeo je bio Proteobacteria, a potom je razdeo Bacteroidetes bio najzastupljeniji. Familije Pseudomonadaceae, Rhodobacteraceae, Burkholderiaceae i Moraxellaceae su bile najdominantnije u mikroflori odabranih pojava, odnosno najzastupljeniji rodovi bili su *Pseudomonas*, *Acinetobacter*, *Pseudorhodobacter*, *Limnohabitans*, *Massilia*, itd.;
10. Mineralne vode Torde, Slankamen Banje, Lomnice, Velike Vrbnice i Obrenovačke Banje karakterisala je visoka vrednost ukupne mineralizacije (iznad 1 g/L), dok je u nekim od navedenih pojava zabeležen i izuzetno povišen sadržaj CO₂, kao i povišeni sadržaji hemijskih elemenata Li, Sr, B i J, te jedinjenja NH₃, odnosno povišene koncentracije osnovnih komponenata jonskog sastava (Na⁺, K⁺, Ca²⁺, Mg²⁺, HCO₃⁻, SO₄²⁻, Cl⁻);
11. Izvođenjem metabarkoding analiza stekao se detaljan uvid u mikrofloru mineralnih voda, čime se ustanovilo da odgovarajući predstavnici mogu uticati na starenje bunara (na primer, rodovi *Acidovorax*, *Salinsipra*, *Pseudomonas*, *Melioribacter*, *Gallionella*, itd.) i doprineti metamorfozi hemijskog sastava mineralnih voda (na primer, rodovi *Gallionella*, *Blivii28*, *Nitrosomonas*, *Thermoanaerobaculum*, *Limnobacter*, *Sedimentocola*, *Thermincola*, *Sulfurimonas*, itd.), istovremeno ukazujući na karakteristike mineralnih voda (na primer, rodovi *Blivii28*, *Thermincola*, *Sedimentocola*, *Limnohabitans*, itd.). Pored činjenice da mogu imati patogen karakter (na primer, rodovi *Pseudomonas*, *Acidovorax*, *Treponema*, itd.), s druge strane mogu imati mogućnost primene u različitim granama industrije, što se pokazalo na primeru roda *Magnetovibrio*. Posebno je uočen biotehnološki potencijal odgovarajućih predstavnika mikroorganizama u tretmanu remedijacije kontaminiranih voda (na primer, razdeo Chlorifexi, familija Rhodocyclaceae, te rodovi *Acinetobacter*, *Nitrosomonas*, itd.);
12. Mikrobiološki parametri predstavljaju kvalitativne komponente podzemnih (mineralnih) voda, ukazujući na ekološki status vodnih resursa, čime su u stanju da limitiraju mogućnost korišćenja date pojave, zbog čega moraju biti uzeti u obzir prilikom projektovanja i održavanja izvorišta podzemnih (mineralnih) voda, što se pokazalo na primeru roda *Nitrosomonas*, odnosno vrste *N. mobilis*;
13. U uslovima višenamenskog korišćenja mineralnih voda u budućnosti, neophodno je primeniti odgovarajuće tretmane revitalizacije vodozahvatnih objekata i/ili remedijacije mineralnih voda, uz obezbeđivanje kontinuiranog monitoringa odabranih pojava. Time bi se bunari održali u stanju maksimalne funkcionalnosti, bez negativnih efekata mikrobiološkog diverziteta na njihov radni vek, sa kontinuiranim kapacitetom i sanitarno-higijenskom ispravnošću mineralnih voda.

Predmetnim analizama i dobijenim rezultatima stekla se polazna osnova za nastavak istraživanja teško dostupnih podzemnih ekosistema. Takođe, održavanje vodozahvatnih objekata u stanju maksimalne funkcionalnosti i definisanje kvalitativnih svojstava podzemnih (mineralnih) voda predstavlja „neraskidivu vezu“ sa mikrobiološkim diverzitetom vodnih resursa, čije tumačenje uloge i značaja identifikovanih taksona u kontekstu podzemnih (mineralnih) voda i njihovih vodozahvatnih objekata ostaje u domenu biohidrogeologije. Uzimajući u obzir sve ostvarene rezultate mikrobiološke karakterizacije podzemnih (mineralnih) voda, uz činjenicu da mikroorganizmi doprinose razvoju procesa koji utiču na radni vek vodozahvatnih objekata, te definišu ekološki status vodnih resursa, generalni zaključak ove disertacije jeste promovisanje biohidrogeologije za dalja istraživanja i njena implementacija u okviru standardne metodike hidrogeoloških istraživanja.

6. LITERATURA

6.1 PUBLIKOVANA LITERATURA

- Ahmed, I., Yokota, A., & Fujiwara, T. (2007). *Chimaereicella boritolerans* sp. nov., a boron-tolerant and alkaliphilic bacterium of the family *Flavobacteriaceae* isolated from soil. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 57 (5), 986-992.
- Allen, M. J., Edberg, S. C., & Reasoner, D. J. (2004). Heterotrophic plate count bacteria—what is their significance in drinking water?. *International journal of food microbiology*, 92 (3), 265-274.
- Amanidaz, N., Zafarzadeh, A., & Mahvi, A. H. (2015). The Interaction between heterotrophic bacteria and coliform, fecal coliform, fecal Streptococci bacteria in the water supply networks. *Iranian journal of public health*, 44 (12), 1685-92.
- Andelković, J., Marković, B., Pavlović, Z., & Rajčević, D. (1986). *Geološka karta 1:100.000 – list Bijeljina (za SR Srbiju i SAP Vojvodinu)*, (Map). Beograd: Savezni geološki zavod.
- Antonijević, I., Kalenić, M., Đorđević, M., Lončarević, M., Čičulić, M., & Škuletić, T. (1976). *Geološka karta 1:100.000 – list Bor*, (Map). Beograd: Savezni geološki zavod.
- APHA-AWWA-WPCF (American Public Health Association, American Water Works Association, Water Pollution Control Federation). (1995). *Standard Methods for the Examination of Water and Wastewater* (19th Edition). American Public Health Association Inc., Washington, DC, USA.
- Appelo, C. A. J. & Postma, D. (1994). *Geochemistry, Groundwater and Pollution* (2nd edition). Rotterdam: Balkema Publishers.
- Babić, O. (2018). *Karakterizacija zemljišnih cijanobakterijskih sojeva izolovanih iz šumskih ekosistema planinskih područja Republike Srbije*. Doktorska disertacija. Novi Sad: Univerzitet u Novom Sadu, Prirodno-matematički fakultet, Departman za biologiju i ekologiju.
- Babović, M., & Cvetković, D. (1977). *Geološka karta 1:100.000 (Map), list Trgovište sa Radomirom*, (Map). Beograd: Savezni geološki zavod.
- Baek, K., & Jeon, C. O. (2015). *Rheinheimera aestuari* sp. nov., a marine bacterium isolated from coastal sediment. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 65 (8), 2640-2645.
- Baharum, S. N., Beng, E. K., & Mokhtar, M. A. A. (2010). Marine microorganisms: potential application and challenges. *Journal of Biological Sciences*, 10 (6), 555-564.
- Beech, I. B., & Sunner, J. (2004). Biocorrosion: towards understanding interactions between biofilms and metals. *Current opinion in Biotechnology*, 15 (3), 181-186.
- Beech, I. B., Sunner, J. A., & Hiraoka, K. (2005). Microbe-surface interactions in biofouling and biocorrosion processes. *International microbiology*, 8 (3), 157-168.
- Beech, I. B., & Sunner, I. A. (2007). Sulphate-reducing bacteria and their role in corrosion of ferrous materials. In: Barton, L. L., & Hamilton, W. A (Ed.), *Sulphate-reducing bacteria: environmental and engineered systems* (pp. 459-482). Cambridge, United Kingdom: Cambridge University Press.
- Ben Hania, W., Joseph, M., Schumann, P., Bunk, B., Fiebig, A., Spröer, C., Klenk, H. P., Fardeau, M. L., & Spring, S. (2015). Complete genome sequence and description of *Salinispira pacifica* gen. nov., sp. nov., a novel spirochaete isolated from a hypersaline microbial mat. *Standards in genomic sciences*, 10 (7).
- Ben Maamar, S., Aquilina, L., Quaiser, A., Pauwels, H., Michon-Coudouel, S., Vergnaud-Ayraud, V., Labasque, T., Roques, C., Abbott, B. W., & Dufresne, A. (2015). Groundwater isolation governs chemistry and microbial community structure along hydrologic flowpaths. *Frontiers in microbiology*, 6 (1457). Doi: 10.3389/fmicb.2015.01457
- Beyer, A., Weist, A., Brangsch, H., Stoiber-Lipp, J., & Kothe, E. (2014). Aquifer Microbiology at Different Geogenic Settings for Environmental Biogeotechnology. *Microbial*

- Biodegradation and Bioremediation*, 555-575. Doi: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-800021-2.00025-X>
- Blackwood, D. J. (2020). An electrochemist perspective of microbiologically influenced corrosion. *Corrosion and Materials Degradation*, 1 (1), 59-76.
- Botelho, G. R., & Mendonça-Hagler, L. C. (2006). Fluorescent *Pseudomonads* associated with the rhizosphere of crops: an overview. *Brazilian Journal of Microbiology*, 37 (4), 401-416.
- Brown, K. (2013). *Mineral scaling in geothermal power production*. United Nations University.
- Burrows, S. M., Elbert, W., Lawrence, M. G., & Pöschl, U. (2009). Bacteria in the global atmosphere-Part 1: Review and synthesis of literature data for different ecosystems. *Atmospheric Chemistry & Physics*, 9, 9263-9280.
- Cabral, D., & Fernández, P. (2002). Fungal spoilage of bottled mineral water. *Int. J. Food Microbiol.*, 72 (1-2), 73-6. Doi: 10.1016/s0168-1605(01)00628-6.
- Cabral, J. P. (2010). Water microbiology. Bacterial pathogens and water. *International journal of environmental research and public health*, 7 (10), 3657-3703. Doi: 10.3390/ijerph7103657
- Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A., & Holmes, S. P. (2016). DADA2: high-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature methods*, 13 (7), 581-583.
- Carević, I., & Jovanović, V. (2009). Stratigrafsko-tektonske karakteristike Mačvanskog basena. *Glasnik Srpskog geografskog društva*, LXXXIX (4), 121-140.
- Chapelle, F. H. (2000). *Ground-Water Microbiology and Geochemistry* (2nd edition). New York: John Wiley & Sons, Inc. ISBN: 978-0-471-34852-8
- Chen, Y., Feng, X., He, Y., & Wang, F. (2016). Genome analysis of a *Limnobacter* sp. identified in an anaerobic methane-consuming cell consortium. *Frontiers in Marine Science*, 3 (257). Doi: <https://doi.org/10.3389/fmars.2016.00257>
- Coetser, S. E., & Cloete, T. E. (2005). Biofouling and biocorrosion in industrial water systems. *Critical reviews in microbiology*, 31 (4), 213-232.
- Collado, L., & Figueras, M. J. (2011). Taxonomy, epidemiology, and clinical relevance of the genus *Arcobacter*. *Clinical microbiology reviews*, 24 (1), 174-192.
- Costa, O. Y., Zerillo, M. M., Zühlke, D., Kielak, A. M., Pijl, A., Riedel, K., & Kuramae, E. E. (2020). Responses of *Acidobacteria Granulicella* sp. WH15 to High Carbon Revealed by Integrated Omics Analyses. *Microorganisms*, 8 (2): 244. Doi: 10.3390/microorganisms8020244
- Cousin, S., Päuker, O., & Stackebrandt, E. (2007). *Flavobacterium aquidurense* sp. nov. and *Flavobacterium hercynium* sp. nov., from a hard-water creek. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 57(2), 243-249.
- Cullimore, D. R. (1999). *Microbiology of well biofouling* (Vol. 3). USA: CRC press.
- Cullimore, R. (2008). Determination of Plugging and Corrosion risks in water wells of all types, Water well rehabilitation workshop protocol 22608. Drycon Bioconcepts Inc., Saskatchewan, Canada.
- Cullimore, D. R. (2010). Standard Methods for the application of BART testers in environmental investigations of microbiological activities. DBI, Canada.
- Cvijan, M. (1987). Algološka tipizacija termomineralnih voda u SR Srbiji. *Glasnik Instituta za botaniku i botaničke bašte Univerziteta u Beogradu*, Tom XXI, 69-75.
- Ćirić, S., & Petrović, O. (2017). *Aerobne mezofilne bakterije u monitoringu kvatiteta vode*. Kosovska Mitrovica: Univerzitet u Prištini, Poljoprivredni fakultet. ISBN: 978-86-80737-51-5
- Ćuk, M. (2018). *Hidrogeohemija prirodnih radioaktivnih elemenata u podzemnim vodama Srbije*. Doktorska disertacija. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.

- Čičulić-Trifunović, M. (1994). *Geološka karta 1:100.000 – list Indija*, (Map). Beograd: Savezno ministarstvo za privredu.
- D'Angeli, I. M., Ghezzi, D., Leuko, S., Firrincieli, A., Parise, M., Fiorucci, A., Vigna, B., Adesso, R., Baldantoni, D., Carbone, C., Miller, A. Z., Juado, V., Saiz-Jimenez, C., De Waele, J., & Cappelletti, M. (2019) Geomicrobiology of a seawater-influenced active sulfuric acid cave. *PLoS ONE*, 14 (8), e0220706. Doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0220706>
- Defives, C., Guyard, S., Oularé, M. M., Mary, P., & Hornez, J. P. (1999). Total counts, culturable and viable, and non-culturable microflora of a French mineral water: a case study. *Journal of Applied Microbiology*, 86 (6), 1033-1038. Doi: 10.1046/j.1365-2672.1999.00794.x
- De Giglio, O., Barbuti, G., Trerotoli, P., Brigida, S., Calabrese, A., Di Vittorio, G., Lovero, G., Caggiano, G., Uricchio, V. F., & Montagna, M. T. (2016). Microbiological and hydrogeological assessment of groundwater in southern Italy. *Environmental Monitoring and Assessment*, 188, 638. Doi: <https://doi.org/10.1007/s10661-016-5655-y>
- Demir, M. M., Baba, A., Atilla, V., & Inanlı, M. (2014). Types of the scaling in hyper saline geothermal system in northwest Turkey. *Geothermics*, 50, 1-9. Doi: <http://dx.doi.org/10.1016/j.geothermics.2013.08.003>
- De Zwart, A. H. (2007). *Investigation of clogging processes in unconsolidated aquifers near water supply wells*. Doctoral thesis. Netherlands: Delft University of Technology, Department of Civil Engineering and Geosciences (Printed by Ponsen & Looyen BV).
- Denda, S. L., Micić, J. M., Milanović-Pešić, A. Z., Brankov, J. J., & Bjeljic, Ž. N. (2019). Utilization of geothermal springs as a renewable energy source: Vranjska Banja case study. *Thermal Science: an International Journal*, 23 (6 (Part B)), 4083-4093.
- Dimitrijević, N. (1988). *Hidrohemija*. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.
- Dimkić, I. (2015). *Karakterizacija antimikrobnih supstanci prirodnih izolata Bacillus sp. za primenu u biološkoj kontroli fitopatogenih bakterija i gljiva*. Doktorska disertacija. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Biološki fakultet.
- Dimkić, M., & Knežić, L. (2012). Poglavlje 3.5: Biohemijski procesi. In: Dimkić M., Brauch H.J., & Kavanaugh, M. (Ed.), *Upravljanje podzemnim vodama u velikim rečnim slivovima* (pp. 170-188). Beograd: Institut za vodoprivredu „Jaroslav Černi”.
- Dimkić, M., & Pušić, M. (2012). Poglavlje 4.7: Indikatori starenja bunara – primer beogradskog izvorišta. In: Dimkić M., Brauch H.J., & Kavanaugh, M. (Ed.), *Upravljanje podzemnim vodama u velikim rečnim slivovima* (pp. 353-388). Beograd: Institut za vodoprivredu “Jaroslav Černi”.
- Dong, X., Greening, C., Brüls, T., Conrad, R., Guo, K., Blaskowski, S., Kaschani, F., Kaiser, M., Laban, N. A., & Meckenstock, R. U. (2018). Fermentative Spirochaetes mediate necromass recycling in anoxic hydrocarbon-contaminated habitats. *The ISME journal*, 12 (8), 2039-2050.
- Dorador, C., Meneses, D., Urtuvia, V., Demergasso, C., Vila, I., Witzel, K. P., & Imhoff, J. F. (2009). Diversity of Bacteroidetes in high-altitude saline evaporitic basins in northern Chile. *Journal of Geophysical Research: Biogeosciences*, 114 (G2). Doi: 10.1029/2008JG000837
- Doyle, M. P., Herman, J. G., & Dykstra, R. L. (1985). Autocatalytic oxidation of hemoglobin induced by nitrite: activation and chemical inhibition. *Journal of free radicals in biology & medicine*, 1 (2), 145-153.
- Dragišić, V., Papić, P., & Miladinović, B. (1994). O genezi termomineralnih voda Brestovačke Banje. *Geološki anali Balkanskog poluostrva*, 58 (2), 285-301.
- Dragišić, V., & Stevanović, Z. (1994a). Karakteristike pojava termalnih voda pukotinske izdani Istočne Srbije. *Geološki anali Balkanskog poluostrva*, 58 (1), 247-262.

- Dragišić, V., & Stevanović, Z. (1994b). Hidrogeohemijske karakteristike podzemnih voda andezitskog masiva i oboda u Istočnoj Srbiji. In: *Zbornik radova Rudarsko-geološkog fakulteta* (Sv. 32/33).
- Dragišić, V. (1997). *Hidrogeologija*. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.
- Dragišić, V., & Polomčić, D. (2009). *Hidrogeološki rečnik*. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.
- Dragišić, V., & Živanović, V. (2014). *Opšta hidrogeologija*. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.
- Dunkin, N., Alum, A., Schwake, O., Kraft, K., & Abbaszadegan, M. (2012). Bacteroides survival and growth in drinking water distribution systems. In: *Water Quality Technology Conference and Exposition 2012*. Toronto, ON, Canada.
- Enning, D., & Garrelfs, J. (2014). Corrosion of iron by sulfate-reducing bacteria: new views of an old problem. *Applied and environmental microbiology*, 80 (4), 1226-1236.
- European Union. (1998). Council Directive 98/83/EC of 3 November 1998 on the quality of water intended for human consumption. *Official Journal of European Communities*, L 330, 32-54.
- Filipović, B., & Stevanović, Z. (1987). Novi prilozi poznavanju termomineralnih voda u Obrenovcu kod Beograda. In: *Problemi hidrogeologije i inženjerske geologije Jugoslavije, Zbornik referata IX Jugoslovenskog simpozijuma o hidrogeologiji i inženjerskoj geologiji, Knjiga 1. Hidrogeologija* (pp. 89 – 95). Komitet za hidrogeologiju i inženjersku geologiju Saveza inženjera i tehničara rudarske, geološke i metalurške struke Jugoslavije.
- Filipović, B., & Dimitrijević, N. (1991). *Mineralne vode*. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.
- Filipović, B. (2003). *Mineralne, termalne i termomineralne vode Srbije*. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet, Institut za hidrogeologiju.
- Filipović, B., Krunić, O., & Lazić, M. (2005). *Regionalna hidrogeologija Srbije*. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.
- Filipović, I., Marković, B., Pavlović, Z., Rodin, V., & Marković, O. (1971). *Tumač za list Gornji Milanovac*. Beograd: Zavod za geološka i geofizička istraživanja.
- Filipović, I., Rodin, V., Pavlović, Z., Marković, B., Milićević, M., & Atin, B. (1980). *Geološka karta 1:100.000 – list Obrenovac*, (Map). Beograd: Savezni geološki zavod.
- Flynn, T. M., Sanford, R. A., & Bethke, C. M. (2008). Attached and suspended microbial communities in a pristine confined aquifer. *Water resources research*, 44 (7). Doi: 10.1029/2007WR006633
- Flynn, T. M., Sanford, R. A., Ryu, H., Bethke, C. M., Levine, A. D., Ashbolt, N. J., & Santo Domingo, J. W. (2013). Functional microbial diversity explains groundwater chemistry in a pristine aquifer. *BMC microbiology*, 13, 146. Doi: <https://doi.org/10.1186/1471-2180-13-146>
- Food Safety Authority of Ireland. (2009). *Report of the scientific committee of the food safety authority of Ireland, The consumption of bottled water containing certain bacteria or groups of bacteria and the implications for public health*. Dublin: Food Safety Authority of Ireland. ISBN 1-904465-63-3
- Fresenius, W., Quentin, K. E., & Schneider, W. (Ed.). (1998). *Water Analysis - A Practical Guide to Physico-Chemical, Chemical and Microbiological Water Examination and Quality Assurance*. Verlag Berlin Heidelberg.
- Gašić, M., Perić, G., & Simić, J. (2012). Valorizacija turističkih potencijala Lukovske banje kao osnova njenog budućeg razvoja. *BizInfo (Blace) Journal of Economics, Management and Informatics*, 3 (1), 91-99.
- Ghosh, W., & Dam, B. (2009). Biochemistry and molecular biology of lithotrophic sulfur oxidation by taxonomically and ecologically diverse bacteria and archaea. *FEMS microbiology reviews*, 33(6), 999-1043.

- Ginige, M. P., Kaksonen, A. H., Morris, C., Shackelton, M., & Patterson, B. M. (2013). Bacterial community and groundwater quality changes in an anaerobic aquifer during groundwater recharge with aerobic recycled water. *FEMS microbiology ecology*, 85 (3), 553-567.
- Goldscheider, N., Hunkeler, D., & Rossi, P. (2006). Microbial biocenoses in pristine aquifers and an assessment of investigative methods. *Hydrogeology Journal*, 14 (6), 926-941.
- Gómez, M. A., González-López, J., & Hontoria-García, E. (2000). Influence of carbon source on nitrate removal of contaminated groundwater in a denitrifying submerged filter. *Journal of hazardous materials*, 80 (1-3), 69-80.
- Gordanić, V., Jovanović, D., & Ćirić, A. (2004). Geocological radioactive risks in the area of Boranja gradiorite massif. Минно-геолошки университет "Св. Иван Рилски" Годишник, том 47, свитък I, Геология и геофизика, София, 189-191.
- Griebler, C., & Lueders, T. (2009). Microbial biodiversity in groundwater ecosystems. *Freshwater Biology*, 54 (4), 649-677. Doi: 10.1111/j.1365-2427.2008.02013.x
- Griebler, C., & Avramov, M. (2015). Groundwater ecosystem services: a review. *Freshwater Science*, 34 (1), 355-367.
- Gunnlaugsson, E., & Einarsson, A. (1989). Magnesium-silicate scaling in mixture of geothermal water and deaerated fresh water in a district heating system. *Geothermics*, 18 (1-2), 113-120.
- Gunnlaugsson, E., Ármannsson, H., Thorhallsson, S., & Steingrímsson, B. (2014). Problems in geothermal operation – scaling and corrosion. *Geothermal Training Program, United Nations University*, 1-18.
- Gunsch, C. K., & Danko, A. S. (2013). Chapter VIII: Biofilms and Biocorrosion. In: Simões, M., & Mergulhão, F. (Ed.), *Biofilms in Bioengineering* (pp. 191-213). Nova Science Publishers, Inc.
- Guo, L., & Riding, R. (1992). Aragonite laminae in hot water travertine crusts, Rapolano Terme, Italy. *Sedimentology*, 39 (6), 1067-1079.
- Hahn, M. W., Kasalický, V., Jezbera, J., Brandt, U., & Šimek, K. (2010). *Limnohabitans australis* sp. nov., isolated from a freshwater pond, and emended description of the genus *Limnohabitans*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 60, 2946–2950. Doi: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.022384-0>
- Hallbeck, L., & Pedersen, K. (2014). The Family *Gallionellaceae*. In: Rosenberg, E., DeLong, E. F., Lory, S., Stackebrandt, E., Thompson, F. (Ed.), *The Prokaryotes*. Springer, Berlin, Heidelberg. Doi: https://doi.org/10.1007/978-3-642-30197-1_398
- Han, Y., & Perner, M. (2015). The globally widespread genus *Sulfurimonas*: versatile energy metabolisms and adaptations to redox clines. *Frontiers in microbiology*, 6 (989). Doi: 10.3389/fmicb.2015.00989
- Honegger, J. L., Czernichowski-Lauriol, I., Criaud, A., Menjoz, A., Sainson, S., & Guezennec, J. (1989). Detailed study of sulfide scaling at la courneuve nord, a geothermal exploitation of the Paris Basin, France. *Geothermics*, 18 (1-2), 137-144.
- Hong, P. Y., Hwang, C., Ling, F., Andersen, G. L., LeChevallier, M. W., & Liu, W. T. (2010). Pyrosequencing analysis of bacterial biofilm communities in water meters of a drinking water distribution system. *Applied and environmental microbiology*, 76 (16), 5631-5635.
- Ikuma, K., Decho, A. W., & Lau, B. L. (2013). The extracellular bastions of bacteria—a biofilm way of life. *Nature Education Knowledge*, 4 (2), 2-19.
- Institut za geološko-rudarska istraživanja i ispitivanja nuklearnih i drugih mineralnih sirovina. (1970). *Geološka karta 1:500.000 – SFR Jugoslavija*, (Map). Beograd: Savezni geološki zavod.
- Ivanova, I. A., Damyanova, S., & Yocheva, L. (2016). Microflora of mineral spring water from the western part of Bulgaria. *Comptes rendus de l'Académie bulgare des Sciences*, 69 (12), 1581-1586.

- Jabłoński, S., Rodowicz, P., & Łukaszewicz, M. (2015). Methanogenic archaea database containing physiological and biochemical characteristics. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 65 (4), 1360-1368.
- Jemcev, V., & Đukić, D. (2000). *Mikrobiologija*. Beograd: Vojnoizdavački zavod.
- Jemcov, I. (2019). *Hidrogeološko kartiranje*. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.
- Jeremić, S. (2013). *Mehanizmi tolerancije slobodnoživećih bakterija i bakterija u biofilmovima na teške metale*. Doktorska disertacija. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Biološki fakultet.
- John, D. E., & Rose, J. B. (2005). Review of factors affecting microbial survival in groundwater. *Environmental science & technology*, 39 (19), 7345-7356.
- Juvonen, R., Virkajärvi, V., Priha, O., & Laitila, A. (2011). Microbiological spoilage and safety risks in non-beer beverages. VTT Tiedotteita-Research Notes, 2599, 107 p. + app. 4 p.
- Kaluđerović, D. (2011). Neki aspekti uloge bakterija u podzemnim vodama. In: Đukić, A. (Ed.), *Konferencija o aktuelnim problemima korišćenja i zaštite voda* (pp. 211-216). Beograd: Srpsko društvo za zaštitu voda.
- Kaluđerović, D. (2014). Mogućnosti veštačkog prihranjivanja izdani formiranim u neogenim basenima u Srbiji bunarima dvojne namene. *Vodoprivreda*, 46, 267-272.
- Karami, A., Sarshar, M., Ranjbar, R., & Zanjani, R. S. (2014). The phylum *Spirochaetaceae*. In: Rosenberg, E., et al. (Ed.), *The prokaryotes: Actinobacteria*. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg. Doi: 10.1007/978-3-642-38954-2_156
- Karličić, V. (2017). *Bakterije stimulatori biljnog rasta kao potencijal u ekoremedijaciji oštećenih zemljišta*. Doktorska disertacija. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Poljoprivredni fakultet.
- Karwautz, C. (2015). *Microbial biofilms in groundwater ecosystems*. Doctoral dissertation. Technische Universität München.
- Karwautz, C., Kus, G., Stöckl, M., Neu, T. R., & Lueders, T. (2018). Microbial megacities fueled by methane oxidation in a mineral spring cave. *The ISME journal*, 12 (1), 87-100.
- Keesari, T., Ramakumar, K. L., Prasad, M. B. K., Chidambaram, S., Perumal, P., Prakash, D., & Nawani, N. (2015). Microbial evaluation of groundwater and its implications on redox condition of a multi-layer sedimentary aquifer system. *Environmental Processes*, 2 (2), 331-346.
- Kelly, D. P., Rainey, F. A., & Wood, A. P. (2006). The Genus *Paracoccus*. In: Dworkin, M., Falkow, S., Rosenberg, E., Schleifer, K. H., & Stackebrandt, E. (Ed.), *The Prokaryotes*. New York: Springer. Doi: https://doi.org/10.1007/0-387-30745-1_12
- Klindworth, A., Pruesse, E., Schweer, T., Peplies, J., Quast, C., Horn, M., & Glöckner, F. O. (2013). Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. *Nucleic acids research*, 41 (1), e1-e1.
- Knežević, M. (2015). *Uklanjanje azotnih jedinjenja iz otpadnih voda u disperznim sistemima*. Doktorska disertacija. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.
- Knežić, L. (2012). Poglavlje 4.3: Kvalitet resursa podzemnih voda. In: Dimkić M., Brauch H.J., & Kavanaugh, M. (Ed.), *Upravljanje podzemnim vodama u velikim rečnim slivovima* (pp. 247-286). Beograd: Institut za vodoprivredu "Jaroslav Černi".
- Konhauser, K. O. (2009). *Introduction to geomicrobiology*. John Wiley & Sons.
- Korbel, K., Chariton, A., Stephenson, S., Greenfield, P., & Hose, G. C. (2017). Wells provide a distorted view of life in the aquifer: implications for sampling, monitoring and assessment of groundwater ecosystems. *Scientific reports*, 7 (1), 1-13.
- Kostić-Vuković, J. (2018). *Procena kvaliteta površinske vode na osnovu mikrobioloških parametara i ekogenotoksikoloških analiza tkiva deverike *Abramis brama* (L., 1758), krupatice *Blicca bjoerkna* (L., 1758) i crnooke deverike *Ballerus sapa* (P., 1814)*. Doktorska disertacija. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Biološki fakultet.

- Kovačić, A., Tafra, D., Hrenović, J., Goić-Barišić, I., & Dumanić, T. (2018). Preživljavanje bakterije *Pseudomonas aeruginosa* u destiliranoj vodi. *Hrvatske vode*, 26 (105), 181-186.
- Krauss, S., & Griebler, C. (2011). Pathogenic Microorganisms and Viruses in Groundwater, (acatech Materialien - Nr. 6). Projekt: Georessource Wasser-Herausforderung Globaler Wandel, München, acatech – Deutsche Akademie der Technikwissenschaften. ISSN: 2191-8481/ISBN: 978-3-942044-22-6
- Kristmannsdóttir, H. (1989). Types of scaling occurring by geothermal utilization in Iceland. *Geothermics*, 18 (1-2), 183-190.
- Krunić, O. (2012). *Mineralne vode*. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet, Departman za hidrogeologiju.
- Kumar, A., Nirpen, L., Ranjan, A., Gulati, K., Thakur, S., & Jindal, T. (2014). Microbial groundwater contamination and effective monitoring system. *Asian. J. Environ. Sci*, 9, 37-48.
- Laketić, T. (2017). *Hemijski i mikrobiološki profil voda iz arteških bunara na teritoriji Semberije: analiza faktora koji utiču na mobilnost hemijskih zagađivača*. Doktorska disertacija. Niš: Univerzitet u Nišu, Prirodno-matematički fakultet.
- Lê, S., Josse, J., & Husson, F. (2008). FactoMineR: an R package for multivariate analysis. *Journal of statistical software*, 25 (1), 1-18.
- Leclerc, H., & Moreau, A. (2002). Microbiological safety of natural mineral water. *FEMS Microbiology Reviews*, 26 (2), 207-222.
- Leclerc, H. (2003). Relationships between common water bacteria and pathogens in drinking-water. In: Bartram, J., Cotruvo, J., Exner, M., Fricker, C., & Glasmacher, A. (Ed.), *Heterotrophic Plate Counts and Drinking-water Safety* (pp. 80-118). Published on behalf of the World Health Organization by IWA Publishing. ISBN: 1 84339 025 6 (IWA Publishing), ISBN: 92 4 156226 9 (WHO)
- Lee, Y. M., Yang, J. Y., Baek, K., Han, S. J., Shin, S. C., Hwang, C. Y., Hong, S. G., & Lee, H. K. (2016). *Pseudorhodobacter psychrotolerans* sp. nov., a psychrotolerant bacterium isolated from terrestrial soil, and emended description of the genus *Pseudorhodobacter*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 66 (2), 1068-1073.
- Legnani, P., Leoni, E., Rapuano, S., Turin, D., & Valenti, C. (1999). Survival and growth of *Pseudomonas aeruginosa* in natural mineral water: a 5-year study. *International journal of food microbiology*, 53 (2-3), 153-158.
- Leko, M. T., Ščerbakov, A., & Joksimović, H. M. (1922). *Lekovite vode i klimatska mesta u Kraljevini Srba, Hrvata i Slovenaca sa balneološkom kartom*. Beograd: Izdanje Ministarstva narodnog zdravlja.
- Li, C., Ling, F., Zhang, M., Liu, W. T., Li, Y., & Liu, W. (2017). Characterization of bacterial community dynamics in a full-scale drinking water treatment plant. *Journal of Environmental Sciences*, 51, 21-30.
- Li, Y., Tang, K., Zhang, L., Zhao, Z., Xie, X., Chen, C. T. A., Wang, D., Jiao, N., & Zhang, Y. (2018). Coupled carbon, sulfur, and nitrogen cycles mediated by microorganisms in the water column of a shallow-water hydrothermal ecosystem. *Frontiers in microbiology*, 9 (2718). Doi: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.02718>
- Losey, N. A., Stevenson, B. S., Busse, H. J., Damste, J. S. S., Rijpstra, W. I. C., Rudd, S., & Lawson, P. A. (2013). *Thermoanaerobaculum aquaticum* gen. nov., sp. nov., the first cultivated member of *Acidobacteria* subdivision 23, isolated from a hot spring. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 63 (11), 4149-4157.
- Lukić, T., Ćurčić, N., Bjeljac, Ž., & Penjišević, I. (2014). Exploration and Exploitation of Mineral Waters and their Influence on the Regional Development-Case Study of a Vrnjacka Spa (Serbia). *European Researcher*, 69 (2-2), 382-400.
- Maćejka, M. (2005). Lukovski kraj i Lukovska banja. *Globus SGD*, god. XXXVI, br. 30, Beograd.

- Madigan, M. T., Martinko, J. M., Stahl, D. A., & Clark, D. P. (2010). *Brock biology of microorganisms* (13th edition). San Francisco: Pearson Benjamin-Cummings.
- Magoč, T., & Salzberg, S. L. (2011). FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies. *Bioinformatics*, 27 (21), 2957-2963.
- Majkić, B. (2013). *Starenje bunara u aluvijalnim sredinama različitog stepena oksičnosti*. Doktorska disertacija. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.
- Malešević, M., Vukanović, M., Obradinović, Z., Dimitrijević, M., Brković, T., Stefanović, M., Stanisavljević, R., Jovanović, O., Trifunović, S., Karajičić, Lj., Jovanović, M., & Pavlović, Z. (1980a). *OGK 1:100.000, Tumač za list Kuršumlja, K 34-31*. Beograd: Savezni geološki zavod.
- Malešević, M., Vukanović, M., Brković, T., Obradinović, Z., Karajičić, Lj., Stanisavljević, R., Dimitrijević, M., & Urošević, M. (1980b). *Geološka karta 1:100.000 – list Kuršumlja, (Map)*. Beograd: Savezni geološki zavod.
- Maluckov, B. (2013). Prevencija nastajanja biokorozije. *Safety Engineering*, 3 (2), 102-104.
- Maran, N. H., Crispim, B. D. A., Iahnn, S. R., Araújo, R. P. D., Grisolia, A. B., & Oliveira, K. M. P. D. (2016). Depth and well type related to groundwater microbiological contamination. *International journal of environmental research and public health*, 13, 1036.
- Marchesi, J. R., & Ravel, J. (2015). The vocabulary of microbiome research: a proposal. *Microbiome*, 3, 31. Doi: <https://doi.org/10.1186/s40168-015-0094-5>
- Marín, I. (2015). Proteobacteria. In: Gargaud, M. et al. (Ed.), *Encyclopedia of Astrobiology* (pp. 2036-2037). Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg.
- Marinković, G., Papić, P., Stojković, J., & Dragišić, V. (2012). Factors contributing to the formation of carbonated mineral water systems in Serbia. *Geološki anali Balkanskog poluostrva*, 73, 117-124.
- Marinković, G. (2014). *Hidrogeološki uslovi formiranja ugljikiselih mineralnih voda Srbije*. Doktorska disertacija. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.
- Marinković, G., Papić, P., Dragišić, V., & Andrijašević, J. (2016). Hydrogeologic structures in two Serbian spa towns – Sijarinska banja and Selters banja. *Geološki anali Balkanskog poluostrva*, 77, 23-32.
- Marković, V., Obradinović, Z., Veselinović, M., Anđelković, J., Stevanović, P., & Rakić, M. (1985). *Geološka karta 1:100.000 – list Beograd, (Map)*. Beograd: Savezni geološki zavod.
- Martinović, M. (2008). *Hidrogeotermalna potencijalnost Mačve*. Magistarski rad. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.
- Mena, K. D., & Gerba, C. P. (2009). Risk assessment of *Pseudomonas aeruginosa* in water. In: *Reviews of Environmental Contamination and Toxicology Vol 201* (pp. 71-115). Springer, Boston, MA. Doi: [doi:10.1007/978-1-4419-0032-6_3](https://doi.org/10.1007/978-1-4419-0032-6_3)
- Merz-Preiß, M. (2000). Calcification in Cyanobacteria. In: Riding, R. E., Awramik, S. M. (Ed.), *Microbial Sediments*. Springer, Berlin, Heidelberg. https://doi.org/10.1007/978-3-662-04036-2_7
- Milićević, R. (2011). Zdravstveni turizam Mačvanskog okruga. *Industrija*, 39 (3), 193-206.
- Milojević, N. (1964). Mineralne vode Srbije. Hidrogeologija ugljenokiselih voda. Mladenovačka, Palanačka i Lomnička kisela voda. In: Petković, K. (Ed.), *Geološki anali Balkanskog poluostrva*, XXXI, Beograd.
- Mioković, B., & Zdolec, N. (2004). Značenje halofilnih bakterija u preradi mesa i ribe. *Meso: prvi hrvatski časopis o mesu*, 6 (5), 36-42.
- Mohammadi Kouchesfahani, M., Alimohammadi, M., Nodehi, R. N., Aslani, H., Rezaie, S., & Asadian, S. (2015). *Pseudomonas aeruginosa* and heterotrophic bacteria count in bottled waters in Iran. *Iranian journal of public health*, 44 (11), 1514-1519.
- Mojsilović, S., Filipović, I., Rodin, V., Navalá M., Baklacić, D., Đoković, I., Jovanović, Č., Živanović, D., Eremija, M., & Cvetković, B. (1977). *Geološka karta 1:100.000 – list Zvornik, (Map)*. Beograd: Savezni geološki zavod.

- Mulec, J., Krištufek, V., Chroňáková, A., Oarga, A., Scharfen, J., & Šestauberová, M. (2015). Microbiology of healing mud (fango) from Roman thermae aquae iasae archaeological site (Varaždinske Toplice, Croatia). *Microbial ecology*, 69 (2), 293-306.
- Muyzer, G., Teske, A., Wirsén, C. O., & Jannasch, H. W. (1995). Phylogenetic relationships of *Thiomicrospira* species and their identification in deep-sea hydrothermal vent samples by denaturing gradient gel electrophoresis of 16S rDNA fragments. *Archives of Microbiology*, 164 (3), 165-172.
- Nierychlo, M., Miłobędzka, A., Petriglieri, F., McIlroy, B., Nielsen, P. H., & McIlroy, S. J. (2019). The morphology and metabolic potential of the Chloroflexi in full-scale activated sludge wastewater treatment plants. *FEMS microbiology ecology*, 95 (2). Doi: 10.1093/femsec/fiy228
- Nikolić, J., Đokić, V., Lazić, B., & Živanović, S. (2016). Pojave "gorkih voda" u naselju Torda kod Žitišta. In: D. Polomčić, (Ed.), *XV Srpski Simpozijum o hidrogeologiji sa međunarodnim učešćem* (pp. 363 - 367). Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet. ISBN: 978-86-7352-316-3
- Obradović, V., Majkić-Dursun, B., Petković, A., & Dimkić, M. (2012). Prilog poznavanju prirode okera i pridruženih taloga. In: Đukić, A. (Ed.), *41. Konferencija o aktuelnim problemima korišćenja i zaštite voda – Voda 2012* (pp. 359-364). Beograd: Srpsko društvo za zaštitu voda.
- Ofek, M., Hadar, Y., & Minz, D. (2012). Ecology of root colonizing *Massilia* (Oxalobacteraceae). *PLoS one*, 7(7). Doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0040117>
- Ölçenoğlu, K. (1986). Scaling in the reservoir in Kizildere geothermal field, Turkey. *Geothermics*, 15 (5-6), 731-734.
- Ondov, B. D., Bergman, N. H., & Phillippy, A. M. (2011). Interactive metagenomic visualization in a Web browser. *BMC bioinformatics*, 12 (1), 385.
- Onjia, A. (2007). Analitičke tehnike za određivanje i praćenje hemijskih susptanci od uticaja na koroziju. *Integritet i vek konstrukcija*, 7 (2), 79-82.
- Oren, A. (2014). The Family *Rhodocyclaceae*. In: Rosenberg, E., DeLong, E.F., Lory, S., Stackebrandt, E., Thompson, F. (Ed.), *The Prokaryotes*. Springer, Berlin, Heidelberg. Doi: https://doi.org/10.1007/978-3-642-30197-1_292
- Orlygsson, J., & Kristjansson, J. K. (2014). The Family *Hydrogenophilaceae*. In: Rosenberg, E., DeLong, E. F., Lory, S., Stackebrandt, E., & Thompson, F. (Ed.), *The Prokaryotes*. Springer, Berlin, Heidelberg. Doi: https://doi.org/10.1007/978-3-642-30197-1_244
- Parkhurst, D. L. & Appelo, C. A. J. (1999). User's guide to PHREEQC (Version 2): A computer program for speciation, batch-reaction, one-dimensional transport, and inverse geochemical calculations. Denver, Colorado: U. S. Geological Survey.
- Pátzay, G., Kármán, F. H., & Póta, G. (2003). Preliminary investigations of scaling and corrosion in high enthalpy geothermal wells in Hungary. *Geothermics*, 32 (4-6), 627-638.
- Pavlinić Prokurica, I., Bevardi, M., Marušić, N., Vidaček, S., Kolarić Kravar, S., & Medić, H. (2010). Nitriti i nitrati kao prekursori N-nitrozamina u paštetama u konzervi. *Meso*, 12 (6), 322-332.
- Pavlović, Z., Marković, B., Atin, B., Dolić, D., Gagić, N., Marković, O., Dimitrijević, M., & Vuković, M. (1980). *Geološka karta 1:100.000 – list Smederevo*, (Map). Beograd: Savezni geološki zavod.
- Pedersen, K. (2000). Exploration of deep intraterrestrial microbial life: current perspectives. *FEMS microbiology letters*, 185 (1), 9-16.
- Pedersen, K. (2007). Forsmark site investigation. Microorganisms in groundwater from boreholes KFM10A, KFM11A and KFM08D-numbers, viability, and metabolic diversity. Results from five sections 298.0-305.1 m and 478.0-487.5 m in KFM10A, 447.5-454.6 m in KFM11A, and 669.7-676.8 m and 828.4-835.5 m in KFM08D (No. SKB-P--07-198). Swedish Nuclear Fuel and Waste Management Co.

- Pedley, M. (1992). Freshwater (phytoherm) reefs: the role of biofilms and their bearing on marine reef cementation. *Sedimentary Geology*, 79 (1-4), 255-274.
- Pedley, S., Yates, M., Schijven, J. F., West, J., Howard, G., & Barrett, M. (2006). Chapter 3 - Pathogens: Health relevance, transport and attenuation. In: Schmoll, O., Howard G., Chilton, J., & Chorus, I. (Ed.), *Protecting Groundwater for Health - Managing the Quality of Drinking Water Sources* (pp. 49-80). WorldHealth Organization, IWA Publishing.
- Perry, C. T. (1999). Biofilm-related calcification, sediment trapping and constructive micrite envelopes: a criterion for the recognition of ancient grass-bed environments?. *Sedimentology*, 46 (1), 33-45.
- Petrović, T. M., Zlokolica-Mandić, M., Veljković, N., Papić, P. J., Poznanović, M. M., Stojković, J. S., & Magazinović, S. M. (2012). Macro and microelements in bottled and tap waters of Serbia. *Hemijska industrija*, 66 (1), 107-122.
- Petrović Pantić, T. (2014). *Hidrogeotermalni resursi Srpskog kristalastog jezgra*. Doktorska disertacija. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.
- Podosokorskaya, O. A., Kadnikov, V. V., Gavrilov, S. N., Mardanov, A. V., Merkel, A. Y., Karnachuk, O. V., Ravin, N. V., Bonch-Osmolovskaya, E. A., & Kublanov, I. V. (2013). Characterization of *Melioribacter roseus* gen. nov., sp. nov., a novel facultatively anaerobic thermophilic cellulolytic bacterium from the class *Ignavibacteria*, and a proposal of a novel bacterial phylum *Ignavibacteriae*. *Environmental microbiology*, 15 (6), 1759-1771.
- Pohlner, M., Dlugosch, L., Wemheuer, B., Mills, H., Engelen, B., & Reese, B. K. (2019). The majority of active *Rhodobacteraceae* in marine sediments belong to uncultured genera: a molecular approach to link their distribution to environmental conditions. *Frontiers in microbiology*, 10 (659). Doi: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00659>
- Pollo, S. M., Zhaxybayeva, O., & Nesbø, C. L. (2015). Insights into thermoadaptation and the evolution of mesophily from the bacterial phylum *Thermotogae*. *Canadian journal of microbiology*, 61 (9), 655-670.
- Protić, D. (1995). *Mineralne i termalne vode Srbije*. Beograd: Geoinstitut.
- Prunić, B. (2017). *Ispitivanje mogućnosti formiranja biofilma u uslovima in vitro kod različitih serovarijeteta Salmonella vrsta izolovanih iz uzoraka hrane za životinje*. Doktorska disertacija. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Fakultet veterinarske medicine.
- Pušić, M. (2011). *Hidraulika bunara*. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet, Departman za hidrogeologiju.
- Quast, C., Pruesse, E., Yilmaz, P., Gerken, J., Schweer, T., Yarza, P., Pepiles, J., & Glöckner, F. O. (2013). The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. *Nucleic acids research*, 41, 590-596.
- Rajčević, D. (1983). *Geološka karta 1:100.000 – list Šabac*, (Map). Beograd: Savezni geološki zavod.
- Rakić, M. O., Hadži-Vuković, M., Kalenić, M., Marković, V., & Milovanović, Lj. (1976). *Geološka karta 1:100.000 – list Kruševac*, (Map). Beograd: Savezni geološki zavod.
- Ramalho, R., Cunha, J., Teixeira, P., & Gibbs, P. A. (2001). Improved methods for the enumeration of heterotrophic bacteria in bottled mineral waters. *Journal of Microbiological Methods*, 44 (2), 97-103.
- R Core Team. (2012). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. ISBN: 3-900051-07-0, URL: <http://www.R-project.org/>
- Riding, R. (2000). Microbial carbonates: the geological record of calcified bacterial-algal mats and biofilms. *Sedimentology*, 47, 179-214.
- Roeselers, G., Norris, T. B., Castenholz, R. W., Rysgaard, S., Glud, R. N., Köhl, M., & Muyzer, G. (2007). Diversity of phototrophic bacteria in microbial mats from Arctic hot springs (Greenland). *Environmental Microbiology*, 9 (1), 26-38.

- Roeselers, G., Van Loosdrecht, M. C. M., & Muyzer, G. (2008). Phototrophic biofilms and their potential applications. *Journal of applied phycology*, 20 (3), 227-235.
- Schmieder, R., & Edwards, R. (2011). Quality control and preprocessing of metagenomic datasets. *Bioinformatics*, 27 (6), 863-864.
- Shivani, Y., Subhash, Y., Sasikala, C., & Ramana, C. V. (2017). Characterisation of a newly isolated member of a candidatus lineage, *Marispirochaeta aestuarii* gen. nov., sp. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 67 (10), 3929-3936.
- Silva, K. T., Leão, P. E., Abreu, F., López, J. A., Gutarra, M. L., Farina, M., Bazylnski, D. A., Freire, D. M. G., & Lins, U. (2013). Optimization of magnetosome production and growth by the magnetotactic vibrio *Magnetovibrio blakemorei* strain MV-1 through a statistics-based experimental design. *Applied and environmental microbiology*, 79 (8), 2823-2827.
- Smith, S. A. (2005). Biofouling in Water Wells. *Water Encyclopedia*, 5, 35-38.
- Soares, M. I. M. (2000). Biological Denitrification of Groundwater. *Water, Air, & Soil Pollution*, 123, 183-193. Doi: <https://doi.org/10.1023/A:1005242600186>
- Sokolova, T. G., Kostrikina, N. A., Chernyh, N. A., Kolganova, T. V., Tourova, T. P., & Bonch-Osmolovskaya, E. A. (2005). *Thermincola carboxydiphila* gen. nov., sp. nov., a novel anaerobic, carboxydotrophic, hydrogenogenic bacterium from a hot spring of the Lake Baikal area. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 55 (5), 2069-2073.
- Sonthiphand, P., Ruangroengkulrith, S., Mhuantong, W., Charoensawan, V., Chotpantarat, S., & Boonkaewwan, S. (2019). Metagenomic insights into microbial diversity in a groundwater basin impacted by a variety of anthropogenic activities. *Environmental Science and Pollution Research*, 26 (26), 26765-26781.
- Stanković, S. (1998). *Distribucija i populaciona dinamika bakterija u izvorskim ekosistemima*. Magistarski rad. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Biološki fakultet.
- Stanković, S. (2016). *Mikrobiološki diverzitet kiselog jezera Robule i uticaj jezerske vode na oksidaciju sulfidnih minerala*. Doktorska disertacija. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.
- Stan-Lotter, H. (2007). Extremophiles, the physicochemical limits of life (growth and survival). In: Horneck, G., & Rettberg, P. (Ed.), *Complete Course in Astrobiology* (pp. 121-150). Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. kGaA. ISBN: 978-3-527-40660-9
- Stevanović, Z. (2011). *Menadžment podzemnih vodnih resursa*. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet, Departman za hidrogeologiju.
- Stojadinović, D., & Rašula, G. (1997). Sadašnje stanje u pogledu mogućnosti korišćenja mineralne vode Lomničkog kiseljaka kod Kruševca. In: Stevanović, Z. (Ed.), *100 godina hidrogeologije u Jugoslaviji* (pp. 197-201). Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.
- Stojadinović, D., & Isaković, D. (1999). Uticaj klimatskih promena na temperaturni režim mineralne vode Lomničkog kiseljaka kod Kruševca. In: Popović, S. (Ed.), *Voda za 21. vek – Zbornik radova sa Konferencije održane 22.-24. marta 1999. godine* (pp. 679-684). Beograd: Udruženje za tehnologiju vode i sanitarno inženjerstvo.
- Stojiljković, D. (2003). Hidrogeološke odlike Fruške gore. *Letopis naučnih radova*, 1, 138-146.
- Stojković, J. (2013). *Hidrogeohemijska valorizacija esencijalnih mikroelemenata mineralnih voda Srbije*. Doktorska disertacija. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.
- Stričević, Lj. (2015). *Vodni resursi Rasinskog okruga i njihov uticaj na regionalni razvoj*. Doktorska disertacija. Niš: Univerzitet u Nišu, Prirodno-matematički fakultet.
- Su, X. L., Tian, Q., Zhang, J., Yuan, X. Z., Shi, X. S., Guo, R. B., & Qiu, Y. L. (2014). *Acetobacteroides hydrogenigenes* gen. nov., sp. nov., an anaerobic hydrogen-producing bacterium in the family *Rikenellaceae* isolated from a reed swamp. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 64 (9), 2986-2991.

- Szewzyk, U., Szewzyk, R., & Stenström, T. A. (1994). Thermophilic, anaerobic bacteria isolated from a deep borehole in granite in Sweden. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 91 (5), 1810-1813.
- Šaraba, V., & Krunić, O. (2017a). Biohidrogeologija na mestima isticanja odabranih pojava termomineralnih voda Srbije. In: M. Ganić, (Ed.), *Zapisnici Srpskog geološkog društva (za 2017. godinu)* (pp. 69-82). Beograd: Srpsko geološko društvo. ISSN:0372-9966
- Šaraba, V., & Krunić, O. (2017b). Biohidrogeološki procesi na glavama bunara vodozahvatnih objekata mineralnih voda Bogatića i Metkovića – Mačva, Srbija. In: R. Gajanin et al., (Ed.), *10. Naučno-stručna konferencija „Studenti u susret nauci“ sa međunarodnim učešćem* (pp. 190-210). Banjaluka: Univerzitet u Banjoj Luci. ISBN: 978-99976-662-9-1
- Šaraba, V., Popović, S., Krunić, O., Simić, G. S., Kljajić, Ž., & Lazić, M. (2017a). Mineral waters of Serbia and development of phototrophic microbial communities near points of emergence and on wellheads. *Acta Carsologica*, 46(2-3), 295-316. Doi: 10.3986/ac.v46i2-3.4961
- Šaraba, V., Popović, S., & Kljajić, Ž. (2017b). Razvoj fototrofni mikroorganizama u biofilmu na mestima isticanja karstnih termalnih voda Mačve. *Srpska nauka danas*, 2 (1), 86-103. ISSN: 2466-4189
- Šaraba, V., & Popović, S. (2018). Carbonate biomineralization at the points of emergence of selected mineral waters in Serbia. In: Neubauer, F., Brendel, U., & Friedel, G., (Ed.), *Official journal of the XXI International Congress of the Carpathian-Balkan Geological Association* (p. 384). Salzburg: Univerzitet u Slazburgu. ISBN: 978-954-90223-7-7 (print), 978-954-90233-8-4(eBook)
- Šaraba, V., Krunić, O., & Lazić, M. (2018a). Biohidrogeologija – naučna disciplina u sklopu metodologije hidrogeoloških istraživanja. In: Ganić, M., (Ed.), *17. Kongres geologa Srbije* (pp. 526-531). Beograd: Srpsko geološko društvo.
- Šaraba, V., Krunić, O., & Obradović, V. (2018b). Mikrobiološki diverzitet termomineralnih lekovitih voda Selters banje - Srbija. In: Lačnjevac, Č., (Ed.), *39. Međunarodni stručno-naučni skup „Vodovod i kanalizacija '18“* (pp. 266-273). Beograd: Savez inženjera i tehničara Srbije. ISBN: 978-86-80067-39-1
- Šaraba, V., Krunić, O., & Obradović, V. (2018c). Primena BART biodetektora u metodologiji hidrogeoloških istraživanja mineralnih voda. In: Ganić, M., (Ed.), *17. Kongres geologa Srbije* (pp. 532-537). Beograd: Srpsko geološko društvo. ISBN: 978-86-86053-20-6
- Šaraba, V., Krunić, O., & Obradović, V. (2018d). Mikrobiološki diverzitet gorkih mineralnih voda Torde – AP Vojvodina, Srbija. In: Lačnjevac, Č., (Ed.), *39. Međunarodni stručno-naučni skup „Vodovod i kanalizacija '18“*(pp. 140-146). Beograd: Savez inženjera i tehničara Srbije. ISBN: 978-86-80067-39-1
- Šaraba, V., Krunić, O., & Obradović, V. (2018e). Mikrobiološki diverzitet termalnih lekovitih voda Brestovačke banje - Srbija. In: Latinović, G., (Ed.), *11. Naučno-stručna konferencija „Studenti u susret nauci“sa međunarodnim učešćem*(pp. 14-20). Banjaluka: Univerzitet u Banjoj Luci. Doi: 10.7251/ZSSN1811014S, ISBN:978-99976-764-2-9, ISSN: 2637-1987 (Print)
- Šaraba, V., & Dimkić, I. (2019a). Uloga i značaj biohidrogeologije kao naučne discipline u industriji voda. In: Lačnjevac, Č., (Ed.), *40. Međunarodni stručno-naučni skup „Vodovod i kanalizacija '19“*(pp. 46 -54). Beograd: Savez inženjera i tehničara Srbije.
- Šaraba, V., & Dimkić, I. (2019b). Uticaj mikroorganizama na starenje vodozahvatnih objekata odabranih pojava mineralnih voda Srbije. *Procesna tehnika*, God. 31., Br. 2, 28-32. Doi: <https://doi.org/102409/ptc.019.31.2.28>
- Šaraba, V., & Obradović, V. (2019a). Mikrobiološki diverzitet termomineralnih voda Vrnjačke banje i Metkovića (Mačva) – Srbija. *Tehnika*, 74(3), 469-477. Doi: 10.5937/tehnika1903469S.

- Šaraba, V., & Obradović, V. (2019b). Mikrobiološki diverzitet slanih lekovitih voda Slankamen banje – Srbija. *Tehnika*, 74 (2), 303-308. Doi: 10.5937/tehnika1902303S.
- Šaraba, V., Popović, S., Obradović, V., Štrbački, J., Gajić, V., Vulić, P., Subakov-Simić, G., & Krunić, O. (2019a). Macroscopic, optical and diffraction assessment of encrustations and SEM analyses of phototrophic microbial mats from wellheads and select zones of emergence of mineral water in Serbia. *Geologia Croatica*, 72(2), 145-162. Doi: <https://doi.org/10.4154/gc.2019.09>
- Šaraba, V., Stanojević, O., & Dimkić, I. (2019b). Metagenomic microbiome analyses of naturally carbonated mineral water from Lomnički kiseljak, Serbia. In: Z. Stevanović, V. Živanović & P. Milanović, (Ed.), *4th IAH CEG Conference (Central European Group of IAH)* (pp. 97 – 98). International Association of Hydrogeologists (IAH), The Serbian Geological Society (SGS). ISBN: 978-86-86053-22-0 (SGS)
- Šaraba, V., Stanojević, O., & Dimkić, I. (2019c). Metagenomic microbiome analyses of saline mineral water from Slankamen Banja, Serbia. In: Z. Stevanović, V. Živanović & P. Milanović, (Ed.), *4th IAH CEG Conference (Central European Group of IAH)* (pp. 99 – 100). International Association of Hydrogeologists (IAH), The Serbian Geological Society (SGS). ISBN: 978-86-86053-22-0 (SGS)
- Škunca-Milovanović, S., Feliks, R., & Đurović, B. (Ed.). (1990). *Voda za piće: Standardne metode za ispitivanje higijenske ispravnosti*. Beograd: Savezni zavod za zdravstvenu zaštitu i NIP "Privredni pregled.
- Štrbački, J., Živanović, V., Đurović Ćuk, M., Atanacković, N., & Dragišić, V. (2020). Origin, diversity and geothermal potentiality of thermal and mineral waters in Vrnjačka Banja, Serbia. *Environmental Earth Science*, 79 (309). Doi: <https://doi.org/10.1007/s12665-020-09050-y>
- Tadić, L., & Kekanović, M. (2011). Uticaj mikroorganizama na koroziju betona. In: Milašinović, D. D. (Ed.), *Zbornik radova Građevinskog fakulteta* 20, (pp. 229-244). Subotica: Građevinski fakultet Subotica. UDK: 620.193.47:691.327/.328
- Tasić, Ž. Z., Antonijević, M. M., & Petrović-Mihajlović, M. (2016). Microorganisms as potential corrosion inhibitors of metallic materials. *Recycling and Sustainable Development*, 9 (1), 5-14.
- Teixeira, L. M., & Merquior, V. L. C. (2014). The Family *Moraxellaceae*. In: Rosenberg, E., DeLong, E. F., Lory, S., Stackebrandt, E., & Thompson, F. (Ed.), *The Prokaryotes*. Springer, Berlin, Heidelberg. Doi: https://doi.org/10.1007/978-3-642-38922-1_245
- Terzin, V., Rakić, M. O., Bodić, D., Vukanović, M., Dimitrijević, M., Dimitrijević, M. N., & Karajičić, Lj. (1977). *Geološka karta 1:100.000 – list Vranje*, (Map). Beograd: Savezni geološki zavod.
- Terzin, V., Rakić, M., Hadži-Vuković, M., & Strajin, V. (1994). *Geološka karta 1:100.000 – list Zrenjanin*, (Map). Beograd: Savezno ministarstvo za privredu.
- Thandar, S. M., Ushiki, N., Fujitani, H., Sekiguchi, Y., & Tsuneda, S. (2016). Ecophysiology and comparative genomics of *Nitrosomonas mobilis* Ms1 isolated from autotrophic nitrifying granules of wastewater treatment bioreactor. *Frontiers in Microbiology*, 7 (1869), 1-14.
- Tian, R., Ning, D., He, Z., Zhang, P., Spencer, S. J., Gao, S., Shi, W., Wu, L., Zhang, Y., Yang, Y., Adams, B. G., Rocha, A. M., Detienne, B. L., Lowe, K. A., Joyner, D. C., Klingeman, D. M., Arkin, A. P., Fields, M. W., Hazen, T. C., Stahl, D. A., Alm, E. J., & Zhou, J. (2020). Small and mighty: adaptation of superphylum *Patescibacteria* to groundwater environment drives their genome simplicity. *Microbiome*, 8 (51), 1-15. Doi: <https://doi.org/10.1186/s40168-020-00825-w>
- Tiquia, S. M., Davis, D., Hadid, H., Kasparian, S., Ismail, M., Ahly, S., Shim, J., Singh, S., & Murray, K. S. (2007). Halophilic and halotolerant bacteria from river waters and shallow groundwater along the Rouge River of southeastern Michigan. *Environmental technology*, 28 (3), 297-307.

- Tišljar, J. (2001). *Sedimentologija karbonata i evaporita*. Zagreb: Institut za geološka istraživanja, 375 p.
- Tokodi, N. (2016). *Toksične cijanobakterije sa teritorije Republike Srbije*. Doktorska disertacija. Novi Sad: Univerzitet u Novom Sadu, Prirodno-matematički fakultet, Departman za biologiju i ekologiju.
- Tomić, M., & Lazić, M. (2017). *Lekovite vode Vojvodine kao potencijal za razvoj banjskog turizma*. Beograd: Zadužbina Andrejević.
- US EPA (US Environmental Protection Agency). (2012). *Edition of the Drinking Water Standards and Health Advisories*. EPA 822-S-12-001, United States Environmental Protection Agency, Office of Water, Washington, DC.
- Urošević, M., Pavlović, Z., Klisić, M., Brković, T., Malešević, M., & Trifunović, S. (1973). *Geološka karta 1:100.000 – list Vrnjci*, (Map). Beograd: Zavod za geološka i geofizička ispitivanja.
- Vasanthi, N., Saleena, L. M., & Raj, S. A. (2018). Silica solubilization potential of certain bacterial species in the Presence of Different Silicate Minerals. *Silicon*, 10 (2), 267-275.
- Vasiljević, M., Maljević, E., & Karadžić, V. (1999). Flaširane vode za piće u Evropi i kod nas. In: Popović, S. (Ed.), *Voda za 21. vek – Zbornik radova sa Konferencije održane 22.-24. marta 1999. godine* (pp. 619-628). Beograd: Udruženje za tehnologiju vode i sanitarno inženjerstvo.
- Vidaković, A. (2019). Denitrifikator *Pseudomonas stutzeri* – izolovanje, optimizacija bioprocenih parametara i primena. Doktorska disertacija. Novi Sad: Univerzitet u Novom Sadu, Tehnološki fakultet.
- Vujasinović, S., Zarić, J., Kaluđerović, D., & Matić, I. (2014). Mogućnosti anaerobne biodegradacije nitrata u podzemnim vodama požarevačkog izvorišta "Ključ", primenom emulzifikovanog biljnog ulja. *Zaštita materijala*, 55 (1), 69-75.
- Wang, K., Ye, X., Chen, H., Zhao, Q., Hu, C., He, J., Qian, Y., Xiong, J., Zhu, J., & Zhang, D. (2015). Bacterial biogeography in the coastal waters of northern Zhejiang, East China Sea is highly controlled by spatially structured environmental gradients. *Environmental Microbiology*, 17 (10), 3898-3913.
- White, C., Tancos, M., & Lytle, D. A. (2011). Microbial community profile of a lead service line removed from a drinking water distribution system. *Applied and environmental microbiology*, 77 (15), 5557-5561.
- Wilmeth, D. T., Johnson, H. A., Stamps, B. W., Berelson, W. M., Stevenson, B. S., Nunn, H. S., Grim, S. L., Dillon, M. L., Paradis, O., Corsetti, F. A., & Spear, J. R. (2018). Environmental and biological influences on carbonate precipitation within hot spring microbial mats in Little Hot Creek, CA. *Frontiers in microbiology*, 9 (1464). Doi: 10.3389/fmicb.2018.01464
- WHO (World Health Organization). (2006). *Guidelines for drinking-water quality (Microbial Fact Sheet)*. Geneva, Switzerland.
- WHO (World Health Organization). (2011). *Guidelines for drinking-water quality (Microbial fact sheets)* (4th edition). Geneva, Switzerland.
- Xu, H., Peng, X., Bai, S., Ta, K., Yang, S., Liu, S., Jang, H. B., & Guo, Z. (2019). Precipitation of calcium carbonate mineral induced by viral lysis of cyanobacteria: evidence from laboratory experiments. *Biogeosciences*, 16, 949-960. Doi: <https://doi.org/10.5194/bg-16-949-2019>
- Yamada, T., Imachi, H., Ohashi, A., Harada, H., Hanada, S., Kamagata, Y., & Sekiguchi, Y. (2007). *Bellilinea caldifistulae* gen. nov., sp. nov. and *Longilinea arvoryzae* gen. nov., sp. nov., strictly anaerobic, filamentous bacteria of the phylum *Chloroflexi* isolated from methanogenic propionate-degrading consortia. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 57 (10), 2299-2306.

6.2 FONDOVSKA LITERATURA

- Čekić, M. (2013). *Elaborat o rezervama podzemnih termomineralnih voda izvorišta „Selters“ u Mladenovcu*. Beograd: Geco-inženjering.
- Lazić, B. (2017). *Elaborat o rezervama termomineralnih voda na izvorištu Specijalne bolnice „Dr Borivoje Gnjatić“ iz Starog Slankamena (sa stanjem na dan 30.04.2017. godine)*. Beograd: Hidrogeocentar.
- Špadijer, S., & Vinčić, T. (2019). *Elaborat o rezervama termomineralnih voda izvorišta „Nova Banja-Cevka“ – bunari OB-2 i OB-1 u Obrenovcu (stanje na dan 15.10.2019.)*. Beograd: BeoGeoAqua.
- Živanović, V. (2012). *Elaborat o rezervama prirodnih mineralnih podzemnih voda izvorišta „Slatina“ i „Topli izvor“ Specijalne bolnice za lečenje i rehabilitaciju u Vrnjačkoj Banji*. Beograd: Univerzitet u Beogradu, Rudarsko-geološki fakultet.

6.3 INTERNET IZVORI

- DBI (Drycon Bioconcepts Inc.). (2004). *Biological Activity Reaction Tests – BART™*. User Manual, Drycon Bioconcepts Inc., Saskatchewan, Canada. Preuzeto 11. septembra 2020, sa <http://www.dbi.ca/BARTs/PDFs/Manual.pdf>
- Kushkevych, I. (2019). *Isolation and Purification of Sulfate-Reducing Bacteria*. Preuzeto 31. avgusta 2020, sa <https://www.intechopen.com/books/microorganisms/isolation-and-purification-of-sulfate-reducing-bacteria>
- Montana State University, Center for Biofilm Engineering. (31. avgust 2020). *Biofilm basics: Section 1, What are biofilms?, A quick overview*. Preuzeto 31. avgusta 2020, sa http://www.biofilm.montana.edu/biofilm-basics/what_are_biofilms.html
- Montana State University, Center for Biofilm Engineering. (9. septembar 2020). *Biofilms in manmade systems*. Preuzeto 9. septembra 2020, sa http://www.biofilm.montana.edu/biofilm-basics/detrimental_biofilms.html
- SEMLAB, Laboratorija za skenirajuću elektronsku mikroskopiju (6. oktobar 2020). *Oprema*. Preuzeto 6. oktobra 2020, sa <https://rgf.bg.ac.rs/semlab/>
- Verhille, S. (2013). *Understanding microbial indicators for drinking water assessment: interpretation of test results and public health significance*. National Collaborating Centre for Environmental Health, 1-12. Preuzeto 9. septembra 2020, sa: https://ncceh.ca/sites/default/files/Microbial_Indicators_Jan_2013.pdf
- Vukić Lušić, D., Herceg, Z., Cenov, A., Glad, M., & Lušić, D. (2017). *Prisutnost P. aeruginosa u distribucijskim sustavima vode za piće u Primorsko-goranskoj županiji*. Preuzeto 11. jula 2020, sa <https://sanitarac.pro/wp-content/uploads/2017/09/Prisutnost-P-aeruginosa-u-distribucijskim-sustavima-vode-za-pice-u-PGZ.pdf>

7. PRILOZI

Prilog 1. Prikaz svih identifikovanih razdela u mineralnim vodama odabranih pojava*

Detektovani razdeli	B1	B2	B3	B4	B5
k_Archaea;p_Crenarchaeota	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Archaea;p_Diapherotrites	0,00	0,00	0,12	0,00	0,00
k_Archaea;p_Euryarchaeota	0,31	0,01	0,29	0,00	0,00
k_Archaea;p_Nanoarchaeaeota	0,00	0,00	0,83	0,00	0,00
k_Archaea;p_Thaumarchaeota	0,21	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Archaea;_	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acetothermia	0,00	0,10	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acidobacteria	0,00	1,40	0,15	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria	0,00	0,25	0,65	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Armatimonadetes	0,00	0,05	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_BRC1	0,00	1,05	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes	0,00	30,25	9,46	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chlamydiae	0,00	0,09	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi	0,00	1,84	1,54	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Cyanobacteria	0,00	0,16	1,57	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Deinococcus-Thermus	0,00	0,16	0,22	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Dependentiae	0,00	0,15	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Elusimicrobia	0,00	0,74	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Epsilonbacteraeota	0,00	2,16	0,36	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes	0,00	1,77	0,09	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Gemmatimonadetes	0,00	0,00	0,23	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Hydrogenedentes	0,00	0,08	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Kiritimatiellaeota	0,00	0,02	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Latescibacteria	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae	0,00	0,38	0,11	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Margulisbacteria	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Nitrospinae	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Nitrospirae	0,00	0,37	0,18	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Omnitrophicaeota	0,00	0,11	0,10	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria	0,00	6,51	6,82	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes	0,62	0,08	0,41	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria	98,87	49,43	75,54	100,00	100,00
k_Bacteria;p_Rokubacteria	0,00	0,00	0,07	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Spirochaetes	0,00	1,71	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Synergistetes	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Tenericutes	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Thermotogae	0,00	0,69	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia	0,00	0,04	0,13	0,00	0,00
k_Bacteria;p_WOR-1	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_WPS-2	0,00	0,02	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Zixibacteria	0,00	0,09	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;_	0,00	0,18	0,88	0,00	0,00
Unassigned;_	0,00	0,00	0,09	0,00	0,00

*Torda (B1), Slankamen Banja (B2), Lomnica (B3), Velika Vrbnica (B4), Obrenovačka Banja (B5).

Prilog 2. Prikaz svih identifikovanih familija u mineralnim vodama odabranih pojava*

Detektovane familije	B1	B2	B3	B4	B5
k_Archaea;p_Crenarchaeota;c_Bathyarchaeia;_;	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Archaea;p_Diapherotrites;c_Micrarchaeia;o_uncultured archaeon;f_uncultured archaeon	0,00	0,00	0,10	0,00	0,00
k_Archaea;p_Diapherotrites;c_Micrarchaeia;o_uncultured euryarchaeote;f_uncultured euryarchaeote	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Methanobacteria;o_Methanobacteriales;f_Methanobacteriaceae	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Methanobacteria;o_Methanobacteriales;f_Methanothermobacteraceae	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Thermoplasmata;o_Marine Group II;f_uncultured archaeon	0,00	0,00	0,12	0,00	0,00
k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Thermoplasmata;o_Marine Group II;_	0,00	0,00	0,13	0,00	0,00
k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Thermoplasmata;o_uncultured;f_uncultured archaeon	0,31	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Archaea;p_Euryarchaeota;_;	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Archaea;p_Nanoarchaeaeota;c_Woeseearchaeia;o_uncultured archaeon;f_uncultured archaeon	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Archaea;p_Nanoarchaeaeota;c_Woeseearchaeia;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Archaea;p_Nanoarchaeaeota;c_Woeseearchaeia;_;	0,00	0,00	0,78	0,00	0,00
k_Archaea;p_Thaumarchaeota;c_Nitrososphaeria;o_Nitrosopumilales;f_Nitrosopumilaceae	0,21	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Archaea;_;	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acetothermia;c_Acetothermiia;o_uncultured Chloroflexi bacterium;f_uncultured Chloroflexi bacterium	0,00	0,10	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Aminicenantia;o_Aminicenantales;f_Aminicenantes bacterium clone OPB95	0,00	0,80	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Holophagae;o_Acanthopleuribacteriales;f_Acanthopleuribacteraceae	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Holophagae;o_Holophagales;f_Holophagaceae	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Subgroup 18;_;	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Subgroup 21;_;	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Subgroup 6;_;	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Thermoanaerobaculia;o_Thermoanaerobaculales;f_Thermoanaerobaculaceae	0,00	0,59	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Acidimicrobiia;o_IMCC26256;_	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Acidimicrobiia;o_Microtrichales;f_Illumatobacteraceae	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Acidimicrobiia;o_Microtrichales;f_uncultured	0,00	0,00	0,11	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Corynebacteriales;f_Dietziaceae	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Corynebacteriales;f_Mycobacteriaceae	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Brevibacteriaceae	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Dermacoccaceae	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Micrococcaceae	0,00	0,00	0,08	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Propionibacteriales;f_Nocardioideae	0,00	0,00	0,09	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Propionibacteriales;f_Propionibacteriaceae	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Coriobacteriia;o_OPB41;f_Coriobacteriaceae bacterium EMTCatB1	0,00	0,05	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Coriobacteriia;o_OPB41;f_uncultured bacterium	0,00	0,09	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Coriobacteriia;o_OPB41;_	0,00	0,10	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_MB-A2-108;o_uncultured Actinomycetales bacterium;f_uncultured Actinomycetales bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_MB-A2-108;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,05	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Nitriliruptoria;o_Euzebyales;f_Euzebyaceae	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_RBG-16-55-12;o_unidentified Actinomycete OPB41;f_unidentified Actinomycete OPB41	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophilia;o_Gaiellales;f_uncultured	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophilia;o_Solirubrobacteriales;f_67-14	0,00	0,00	0,14	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Armatimonadetes;c_Chthonomonadetes;o_Chthonomonadales;f_Armatimonadetes bacterium JGI 000077-K19	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Armatimonadetes;c_Chthonomonadetes;o_Chthonomonadales;f_candidate division OP10 clone OPB80	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Armatimonadetes;c_uncultured;o_uncultured Armatimonadetes bacterium;f_uncultured Armatimonadetes bacterium	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_BRC1;c_uncultured bacterium;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	1,05	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_BRC1;c_uncultured organism;o_uncultured organism;f_uncultured organism	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Bacteroidaceae	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Bacteroidetes BD2-2	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Bacteroidetes vadinHA17	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Barnesiellaceae	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Dysgonomonadaceae	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_LKC2.127-25	0,00	0,02	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Muribaculaceae	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Prevotellaceae	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Prolixibacteraceae	0,00	0,00	0,05	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Rikenellaceae	0,00	9,54	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidetes VC2.1 Bac22;f_uncultured bacterium GR-WP33-68	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidetes VC2.1 Bac22;f_uncultured planctomycete	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Chitinophagales;f_Saprospiraceae	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Cytophagales;f_Cyclobacteriaceae	0,00	0,00	0,05	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Cytophagales;f_Hymenobacteraceae	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Cytophagales;f_Microscillaceae	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Flavobacteriales;f_Crocinitomicaceae	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Flavobacteriales;f_Cryomorphaceae	0,00	0,00	0,40	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Flavobacteriales;f_Flavobacteriaceae	0,00	5,27	8,55	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Sphingobacteriales;f_Lentimicrobiaceae	0,00	0,04	0,07	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Sphingobacteriales;f_NS11-12 marine group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;_;	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Ignavibacteria;o_Ignavibacteriales;f_Ignavibacteriaceae	0,00	0,44	0,17	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Ignavibacteria;o_Ignavibacteriales;f_Melioribacteraceae	0,00	3,76	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Ignavibacteria;o_Ignavibacteriales;f_SM1H02	0,00	10,91	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Ignavibacteria;o_OPB56;_	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Ignavibacteria;o_SJA-28;f_uncultured bacterium	0,00	0,09	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Rhodothermia;o_Rhodothermales;f_Rhodothermaceae	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chlamydiae;c_Chlamydiae;o_Chlamydiales;f_Parachlamydiaceae	0,00	0,04	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chlamydiae;c_Chlamydiae;o_Chlamydiales;f_Simkaniaceae	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chlamydiae;c_Chlamydiae;o_Chlamydiales;f_cvE6	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chlamydiae;c_Chlamydiae;o_Chlamydiales;_	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_Anaerolineales;f_Anaerolineaceae	0,00	1,64	0,49	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_Caldilineales;f_Caldilineaceae	0,00	0,05	0,31	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_RBG-13-54-9;f_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_RBG-13-54-9;f_uncultured prokaryote	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_SBR1031;f_A4b	0,00	0,01	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_SBR1031;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_SBR1031;_	0,00	0,09	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;_;	0,00	0,03	0,08	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Chloroflexia;o_Chloroflexales;f_Roseiflexaceae	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Chloroflexia;o_Kallotenuales;f_AKIW781	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Chloroflexia;o_Thermomicrobiales;f_JG30-KF-CM45	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Dehalococcoidia;o_Dehalococcoidales;f_Dehalococcoidaceae	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Dehalococcoidia;o_S085;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,29	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Dehalococcoidia;_;	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_JG30-KF-CM66;_;	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_OLB14;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_OLB14;_;	0,00	0,00	0,05	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Melainabacteria;o_Gastranaerophilales;f_uncultured organism	0,00	0,16	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Melainabacteria;o_Gastranaerophilales;_	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Melainabacteria;o_Vampirovibrionales;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Oxyphotobacteria;o_Chloroplast;f_Planoglbratella opercularis	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Oxyphotobacteria;o_Chloroplast;_	0,00	0,00	0,11	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Oxyphotobacteria;o_Nostocales;f_Chroococciopsaceae	0,00	0,00	0,13	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Oxyphotobacteria;o_Nostocales;f_Cyanobacteriaceae	0,00	0,00	1,25	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Sericytochromatia;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Deinococcus-Thermus;c_Deinococci;o_Deinococcales;f_Deinococcaceae	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Deinococcus-Thermus;c_Deinococci;o_Deinococcales;f_Trueperaceae	0,00	0,00	0,19	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Deinococcus-Thermus;c_Deinococci;o_Thermales;f_Thermaceae	0,00	0,16	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Dependentiae;c_Babeliae;o_Babeliales;f_UBA12411	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Dependentiae;c_Babeliae;o_Babeliales;f_Vermiphilaceae	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Dependentiae;c_Babeliae;o_Babeliales;f_uncultured Candidatus Dependentiae bacterium	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Dependentiae;c_Babeliae;o_Babeliales;f_uncultured bacterium	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Dependentiae;c_Babeliae;o_Babeliales;_	0,00	0,07	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Elusimicrobia;c_Elusimicrobia;o_Lineage IV;f_uncultured bacterium	0,00	0,73	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Elusimicrobia;c_Elusimicrobia;o_MVP-88;_	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Elusimicrobia;c_Lineage IIc;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Epsilonbacteraeota;c_Campylobacteria;o_Campylobacterales;f_Arcobacteraceae	0,00	1,30	0,09	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Epsilonbacteraeota;c_Campylobacteria;o_Campylobacterales;f_Thiovulaceae	0,00	0,86	0,27	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Planococcaceae	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Lactobacillales;f_Lactobacillaceae	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Caldicoprobacteraceae	0,00	0,16	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Clostridiaceae 4	0,00	0,09	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Eubacteriaceae	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Family XI	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Family XIII	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Lachnospiraceae	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Peptococcaceae	0,00	1,40	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Peptostreptococcaceae	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Ruminococcaceae	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Syntrophomonadaceae	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;_	0,00	0,06	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_D8A-2;_	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;_;	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Negativicutes;o_Selenomonadales;f_Acidaminococcaceae	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Gemmatimonadetes;c_BD2-11 terrestrial group;o_metagenome;f_metagenome	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Gemmatimonadetes;c_Gemmatimonadetes;o_Gemmatimonadales;f_Gemmatimonadaceae	0,00	0,00	0,22	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Hydrogenedentes;c_Hydrogenedentia;o_Hydrogenedentiales;f_Hydrogenedensaceae	0,00	0,08	0,01	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Kiritimatiellaeota;c_Kiritimatiellae;o_WCHB1-41;f_uncultured Chlorobi bacterium	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Kiritimatiellaeota;c_Kiritimatiellae;o_WCHB1-41;f_uncultured eubacterium WCHB1-25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Kiritimatiellaeota;c_Kiritimatiellae;o_WCHB1-41;_	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Latescibacteria;c_uncultured Bacteroidetes bacterium;o_uncultured Bacteroidetes bacterium;f_uncultured Bacteroidetes bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Latescibacteria;c_uncultured planctomycete;o_uncultured planctomycete;f_uncultured planctomycete	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae;c_Lentisphaeria;o_Victivallales;f_BD2-3	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae;c_Lentisphaeria;o_Victivallales;f_GWF2-44-16	0,00	0,00	0,10	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae;c_Lentisphaeria;o_Victivallales;f_PRD18C08	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae;c_Lentisphaeria;o_Victivallales;f_Victivallaceae	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae;c_Lentisphaeria;o_Victivallales;_	0,00	0,35	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae;c_Oligosphaeria;o_Oligosphaerales;f_Lenti-02	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae;c_Oligosphaeria;o_P.palmC41;f_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae;_;;_	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Margulisbacteria;c_uncultured organism;o_uncultured organism;f_uncultured organism	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Nitrospinae;c_P9X2b3D02;_;;_	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_4-29-1;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_BMS9AB35;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_Nitrospira;o_Nitrospirales;f_Nitrospiraceae	0,00	0,00	0,16	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_Thermodesulfovibrionia;o_Thermodesulfovibrionales;f_Thermodesulfovibrionaceae	0,00	0,18	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_Thermodesulfovibrionia;o_uncultured;f_uncultured bacterium	0,00	0,15	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_Thermodesulfovibrionia;o_uncultured;_	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Omnitrophicaeota;c_Candidatus Omnitrophica bacterium CG1_02_44_16;o_Candidatus Omnitrophica bacterium CG1_02_44_16;f_Candidatus Omnitrophica bacterium CG1_02_44_16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Omnitrophicaeota;c_Omnitrophica;o_Omnitrophales;f_Omnitrophaceae	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Omnitrophicaeota;c_uncultured bacterium;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,07	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Omnitrophicaeota;_;;_	0,00	0,03	0,10	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Buchananbacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,21	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Falkowbacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Falkowbacteria;_	0,00	0,00	0,09	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Kerfeldbacteria;f_Parcubacteria group bacterium GW2011_GWD2_43_10	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Kerfeldbacteria;f_uncultured bacterium	0,00	1,25	0,36	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Kerfeldbacteria;_	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Komeilibacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Kuenenbacteria;_	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Magasanikbacteria;f_Candidatus Magasanikbacteria bacterium RIFOXYD12_FULLL_33_17	0,00	0,00	0,26	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Magasanikbacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,07	0,23	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Magasanikbacteria;_	0,00	0,00	0,25	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Uhrbacteria;f_Candidatus Uhrbacteria bacterium RIFCSPHIGHO2_01_FULLL_47_10	0,00	0,00	0,12	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Uhrbacteria;f_marine metagenome	0,00	0,00	0,24	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Uhrbacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,96	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Uhrbacteria;_	0,00	0,00	0,29	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;_;;_	0,00	0,02	0,24	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Berkelbacteria;o_Candidatus Berkelbacteria bacterium RIFOXYA2_FULLL_43_10;f_Candidatus Berkelbacteria bacterium RIFOXYA2_FULLL_43_10	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Berkelbacteria;o_candidate division WS2 bacterium ADurb.Bin280;f_candidate division WS2 bacterium ADurb.Bin280	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Berkelbacteria;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Berkelbacteria;_;	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_CPR2;o_uncultured Firmicutes bacterium;f_uncultured Firmicutes bacterium	0,00	0,07	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_CPR2;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_CPR2;o_uncultured microorganism;f_uncultured microorganism	0,00	0,17	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_CPR2;_;	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Gracilibacteria;o_Candidatus Peregrinibacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,04	0,08	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Gracilibacteria;o_Candidatus Peregrinibacteria;_	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Gracilibacteria;o_Candidatus Peribacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,08	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Gracilibacteria;o_JGI 0000069-P22;_	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Gracilibacteria;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Gracilibacteria;o_uncultured organism;f_uncultured organism	0,00	0,29	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Gracilibacteria;_;	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Kazania;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Chisholmbacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,07	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Collierbacteria;f_Microgenomates group bacterium ADurb.Bin238	0,00	0,05	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Collierbacteria;f_uncultured Anaerolineales bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Collierbacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Collierbacteria;_	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Curtissbacteria;f_uncultured Microgenomates group bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Curtissbacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Pacebacteria;f_bacterium enrichment culture clone Anammox_46	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Pacebacteria;f_marine metagenome	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Pacebacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,11	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Pacebacteria;f_uncultured organism	0,00	0,01	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Pacebacteria;_	0,00	0,05	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Woesebacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,18	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Woesebacteria;_	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;_;	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Azambacteria;f_Candidatus Azambacteria bacterium GW2011_GWF2_42_22	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Giovannonibacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Jorgensenbacteria;f_Candidatus Adlerbacteria bacterium GW2011_GWC1_50_9	0,00	0,00	0,39	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Kaiserbacteria;f_Parcubacteria group bacterium CG1_02_50_68	0,00	0,00	0,17	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Kaiserbacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Kaiserbacteria;f_uncultured organism	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Liptonbacteria;_	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Moranbacteria;f_Candidatus Moranbacteria bacterium GW2011_GWE1_49_15	0,00	0,13	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Moranbacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,31	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Moranbacteria;f_uncultured soil bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Moranbacteria;_	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Nomurabacteria;f_Candidatus Nomurabacteria bacterium GW2011_GWB1_35_20	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Nomurabacteria;f_Candidatus Nomurabacteria bacterium GW2011_GWE1_32_28	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Nomurabacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,23	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Nomurabacteria;_	0,00	0,00	0,10	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Vogelbacteria;f_Parcubacteria group bacterium GW2011_GWC1_51_35	0,00	0,00	0,10	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Vogelbacteria;f_Parcubacteria group bacterium GW2011_GWF2_52_12	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Vogelbacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,42	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Wolfebacteria;_	0,00	1,42	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Yanofskybacteria;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Yanofskybacteria;_	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Zambryskibacteria;f_Parcubacteria group bacterium GW2011_GWA2_40_14	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;_;	0,00	0,00	0,38	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Saccharimonadia;o_Saccharimonadales;f_Saccharimonadaceae	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Saccharimonadia;o_Saccharimonadales;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,07	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Saccharimonadia;o_Saccharimonadales;f_uncultured candidate division WS5 bacterium	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Saccharimonadia;o_Saccharimonadales;f_uncultured prokaryote	0,00	0,08	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Saccharimonadia;o_Saccharimonadales;_	0,00	0,00	0,20	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WS6 (Dojkabacteria);o_uncultured anaerobic bacterium;f_uncultured anaerobic bacterium	0,00	1,28	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WS6 (Dojkabacteria);o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WS6 (Dojkabacteria);o_uncultured marine bacterium;f_uncultured marine bacterium	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WS6 (Dojkabacteria);o_uncultured organism;f_uncultured organism	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WS6 (Dojkabacteria);_;	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WWE3;o_Candidatus Berkelbacteria bacterium RIFCSPHIGO2_12_FULLL_50_11;f_Candidatus Berkelbacteria bacterium RIFCSPHIGO2_12_FULLL_50_11	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WWE3;o_candidate division WWE3 bacterium GW2011_GWD1_43_201;f_candidate division WWE3 bacterium GW2011_GWD1_43_201	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WWE3;o_metagenome;f_metagenome	0,00	0,06	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WWE3;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,10	0,16	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WWE3;o_uncultured candidate division WWE3 bacterium;f_uncultured candidate division WWE3 bacterium	0,00	0,05	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WWE3;_;	0,00	0,03	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;_;	0,00	0,10	0,36	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Brocadiaceae;o_Brocadiales;f_Brocadiaceae	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_OM190;o_uncultured Planctomycetales bacterium;f_uncultured Planctomycetales bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Phycisphaerae;o_CCM11a;f_bacterium enrichment culture clone SRAO_10	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Phycisphaerae;o_CCM11a;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Phycisphaerae;o_Phycisphaerales;f_Phycisphaeraceae	0,00	0,02	0,15	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Phycisphaerae;o_S-70;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Pla3 lineage;_;	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Planctomycetacia;o_Gemmatales;f_Gemmataceae	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Planctomycetacia;o_Pirellulales;f_Pirellulaceae	0,21	0,05	0,07	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Planctomycetacia;o_Planctomycetales;f_Gimesiaceae	0,41	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;_;;_	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Caulobacterales;f_Caulobacteraceae	0,00	0,00	0,18	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Caulobacterales;f_Hyphomonadaceae	0,00	0,25	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Holosporales;f_Holosporaceae	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Kordiimonadales;f_Iodidimonadaceae	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Kordiimonadales;f_Kordiimonadaceae	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Micavibrionales;f_Micavibrionaceae	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Micavibrionales;f_uncultured	0,00	0,10	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Paracaedibacterales;f_Paracaedibacteraceae	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Parvibaculales;f_Parvibaculaceae	0,00	0,01	0,47	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Reyranellales;f_Reyranellaceae	0,51	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Amb-16S-1323	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Beijerinckiaceae	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Hyphomicrobiaceae	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Rhizobiaceae	0,00	0,03	0,11	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Rhizobiales Incertae Sedis	0,00	0,00	4,18	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodobacterales;f_Rhodobacteraceae	0,00	19,96	57,02	57,14	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Magnetospiraceae	0,00	0,56	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Magnetospirillaceae	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Rhodospirillaceae	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Terasakiellaceae	0,00	1,79	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_uncultured	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rickettsiales;f_AB1	0,00	0,05	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rickettsiales;f_Mitochondria	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rickettsiales;f_SM2D12	0,00	0,01	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rickettsiales;_	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Sphingomonadales;f_Sphingomonadaceae	0,00	0,01	0,09	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;_;	0,00	1,41	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Bdellovibrionales;f_Bacteriovoraceae	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Bdellovibrionales;f_Bdellovibrionaceae	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Deltaproteobacteria Incertae Sedis;f_Syntrophorhabdaceae	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Deltaproteobacteria Incertae Sedis;f_Unknown Family	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfarculales;f_Desulfarculaceae	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfobacterales;f_Desulfobacteraceae	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfobacterales;f_Desulfobulbaceae	0,00	0,01	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfovibrionales;f_Desulfomicrobiaceae	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfovibrionales;f_Desulfovibrionaceae	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfuromonadales;f_Desulfuromonadaceae	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfuromonadales;f_Geobacteraceae	0,00	0,06	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfuromonadales;_	0,00	0,28	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_MBNT15;f_Nitrospirae bacterium CG2_30_70_394	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Myxococcales;f_Blrii41	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Myxococcales;f_bacteriap25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_NB1-j;_	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_NKB15;f_uncultured bacterium	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Oligoflexales;f_053A03-B-DI-P58	0,00	0,00	0,08	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_PB19;_	0,00	0,00	0,16	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Sva0485;_	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Syntrophobacterales;f_Syntrophaceae	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;_;	0,00	0,60	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_1013-28-CG33;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Aeromonadales;f_Aeromonadaceae	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Alteromonadales;f_Alteromonadaceae	1,95	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Alteromonadales;f_Shewanellaceae	0,00	0,05	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Burkholderiaceae	7,19	0,26	4,64	42,86	14,23
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Chromobacteriaceae	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Gallionellaceae	0,00	1,96	1,83	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Hydrogenophilaceae	0,00	0,58	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Methylophilaceae	0,00	8,49	0,69	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Nitrosomonadaceae	0,00	0,00	0,57	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Rhodocyclaceae	0,00	4,05	1,21	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Sulfuricellaceae	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_TRA3-20	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;_	0,00	0,00	0,83	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_CCM19a;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Cellvibrionales;f_Cellvibrionaceae	0,10	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Cellvibrionales;f_Spongiibacteraceae	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Chromatiales;f_Sedimenticolaceae	0,00	1,60	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Coxiellales;f_Coxiellaceae	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Diplorickettsiales;f_Diplorickettsiaceae	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Enterobacteriales;f_Enterobacteriaceae	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Francisellales;f_Francisellaceae	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Gammaproteobacteria Incertae Sedis;f_Unknown Family	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Immundisolibacterales;f_Immundisolibacteraceae	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Legionellales;f_Legionellaceae	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Methylococcales;f_Methylococcaceae	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Methylococcales;f_Methylomonaceae	0,00	1,11	0,11	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Nitrosococcales;f_Methylophagaceae	0,00	4,38	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Oceanospirillales;f_Halomonadaceae	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Oceanospirillales;f_Marinomonadaceae	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_PLTA13;_	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Pseudomonadales;f_Moraxellaceae	3,08	0,00	1,94	0,00	85,77
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Pseudomonadales;f_Pseudomonadaceae	85,82	1,03	0,14	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Thiotrichales;f_Thiotrichaceae	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Vibrionales;f_Vibrionaceae	0,21	0,12	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Xanthomonadales;f_Rhodanobacteraceae	0,00	0,00	0,39	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Xanthomonadales;f_Xanthomonadaceae	0,00	0,03	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;_;	0,00	0,01	0,22	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Zetaproteobacteria;o_Mariprofundales;f_Mariprofundaceae	0,00	0,07	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;_;	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Rokubacteria;c_NC10;o_Methylomirabilales;f_Methylomirabilaceae	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Rokubacteria;c_NC10;o_Rokubacteriales;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Spirochaetes;c_Leptospirae;o_Leptospirales;f_Leptospiraceae	0,00	0,95	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Spirochaetes;c_MVP-15;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Spirochaetes;c_Spirochaetia;o_Brevinematales;f_Brevinemataceae	0,00	0,05	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Spirochaetes;c_Spirochaetia;o_Spirochaetales;f_Spirochaetaceae	0,00	0,70	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Synergistetes;c_Synergistia;o_Synergistales;f_Synergistaceae	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Tenericutes;c_Mollicutes;_;	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Thermotogae;c_Thermotogae;o_Thermotogales;f_Fervidobacteriaceae	0,00	0,69	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Verrucomicrobiae;o_Chthoniobacterales;f_Terrimicrobiaceae	0,00	0,01	0,10	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Verrucomicrobiae;o_Chthoniobacterales;f_Xiphinematobacteraceae	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Verrucomicrobiae;o_Methylacidiphilales;f_Methylacidiphilaceae	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Verrucomicrobiae;o_Opitutales;f_Puniceicoccaceae	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Verrucomicrobiae;o_Opitutales;_	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Verrucomicrobiae;o_Verrucomicrobiales;f_Akkermansiaceae	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_WOR-1;c_uncultured bacterium;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_WPS-2;c_hydrothermal vent metagenome;o_hydrothermal vent metagenome;f_hydrothermal vent metagenome	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_WPS-2;c_metagenome;o_metagenome;f_metagenome	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Zixibacteria;c_uncultured bacterium;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium	0,00	0,09	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;_;;_;	0,00	0,18	0,88	0,00	0,00
Unassigned;_;;_;	0,00	0,00	0,09	0,00	0,00

*Torda (B1), Slankamen Banja (B2), Lomnica (B3), Velika Vrbnica (B4), Obrenovačka Banja (B5).

Prilog 3. Prikaz svih identifikovanih rodova u mineralnim vodama odabranih pojava*

Detektovani rodovi	B1	B2	B3	B4	B5
k_Archaea;p_Crenarchaeota;c_Bathyarchaeia;_;;_	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Archaea;p_Diapherotrites;c_Micrarchaeia;o_uncultured archaeon;f_uncultured archaeon;g_uncultured archaeon	0,00	0,00	0,10	0,00	0,00
k_Archaea;p_Diapherotrites;c_Micrarchaeia;o_uncultured euryarchaeote;f_uncultured euryarchaeote;g_uncultured euryarchaeote	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Methanobacteria;o_Methanobacteriales;f_Methanobacteriaceae;g_Methanobacterium	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Methanobacteria;o_Methanobacteriales;f_Methanothermobacteracea;g_Methanothermobacter	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Thermoplasmata;o_Marine Group II;f_uncultured archaeon;g_uncultured archaeon	0,00	0,00	0,12	0,00	0,00
k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Thermoplasmata;o_Marine Group II;_;;_	0,00	0,00	0,13	0,00	0,00
k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Thermoplasmata;o_uncultured;f_uncultured archaeon;g_uncultured archaeon	0,31	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Archaea;p_Euryarchaeota;_;;_	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Archaea;p_Nanoarchaeaeota;c_Woeseearchaeia;o_uncultured archaeon;f_uncultured archaeon;g_uncultured archaeon	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Archaea;p_Nanoarchaeaeota;c_Woeseearchaeia;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Archaea;p_Nanoarchaeaeota;c_Woeseearchaeia;_;;_	0,00	0,00	0,78	0,00	0,00
k_Archaea;p_Thaumarchaeota;c_Nitrososphaeria;o_Nitrosopumilales;f_Nitrosopumilaceae;g_Candidatus Nitrosoarchaeum	0,21	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Archaea;_;;_	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acetothermia;c_Acetothermiia;o_uncultured Chloroflexi bacterium;f_uncultured Chloroflexi bacterium;g_uncultured Chloroflexi bacterium	0,00	0,10	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Aminicenantia;o_Aminicenantales;f_Aminicenantes bacterium clone OPB95;g_Aminicenantes bacterium clone OPB95	0,00	0,80	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Holophagae;o_Acanthopleuribacteriales;f_Acanthopleuribacteraceae;g_Acanthopleuribacter	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Holophagae;o_Holophagales;f_Holophagaceae;g_Geothrix	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Holophagae;o_Holophagales;f_Holophagaceae;g_uncultured	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Subgroup 18;_;;_	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Subgroup 21;_;;_	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Subgroup 6;_;;_	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Thermoanaerobaculia;o_Thermoanaerobaculales;f_Thermoanaerobaculaceae;g_Thermoanaerobaculum	0,00	0,59	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Acidimicrobiia;o_IMCC26256;_;;_	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Acidimicrobiia;o_Microtrichales;f_Ilumatobacteraceae;g_CL500-29 marine group	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Acidimicrobiia;o_Microtrichales;f_uncultured;_	0,00	0,00	0,11	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Corynebacteriales;f_Dietziaceae;g_Dietzia	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Corynebacteriales;f_Mycobacteriaceae;g_Mycobacterium	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Brevibacteriaceae;g_Brevibacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Dermacoccaceae;g_Dermacoccus	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Micrococcaceae;g_Micrococcus	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Micrococcaceae;g_Nesterenkonia	0,00	0,00	0,05	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Propionibacteriales;f_Nocardoidaceae;g_Aeromicrobium	0,00	0,00	0,09	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Propionibacteriales;f_Propionibacteriaceae;g_Cutibacterium	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Coriobacteriia;o_OPB41;f_Coriobacteriaceae bacterium EMTCatB1;g_Coriobacteriaceae bacterium EMTCatB1	0,00	0,05	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Coriobacteriia;o_OPB41;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,09	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Coriobacteriia;o_OPB41;_;;_	0,00	0,10	0,00	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_MB-A2-108;o_uncultured Actinomycetales bacterium;f_uncultured Actinomycetales bacterium;g_uncultured Actinomycetales bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_MB-A2-108;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,05	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Nitriliruptoria;o_Euzebyales;f_Euzebyaceae;g_uncultured	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_RBG-16-55-12;o_unidentified Actinomycete OPB41;f_unidentified Actinomycete OPB41;g_unidentified Actinomycete OPB41	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophilia;o_Gaiellales;f_uncultured;g_unidentified	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophilia;o_Solirubrobacterales;f_67-14;g_uncultured soil bacterium	0,00	0,00	0,14	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Armatimonadetes;c_Chthonomonadetes;o_Chthonomonadales;f_Armatimonadetes bacterium JGI 0000077-K19;g_Armatimonadetes bacterium JGI 0000077-K19	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Armatimonadetes;c_Chthonomonadetes;o_Chthonomonadales;f_candidate division OP10 clone OPB80;g_candidate division OP10 clone OPB80	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Armatimonadetes;c_uncultured;o_uncultured Armatimonadetes bacterium;f_uncultured Armatimonadetes bacterium;g_uncultured Armatimonadetes bacterium	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_BRC1;c_uncultured bacterium;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	1,05	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_BRC1;c_uncultured organism;o_uncultured organism;f_uncultured organism;g_uncultured organism	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Bacteroidaceae;g_Bacteroides	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Bacteroidetes BD2-2;g_unidentified	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Bacteroidetes vadinHA17;g_uncultured microorganism	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Bacteroidetes vadinHA17;g_unidentified	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Barnesiellaceae;g_uncultured	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Dysgonomonadaceae;g_Proteiniphilum	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_LKC2.127-25;g_uncultured bacterium	0,00	0,02	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Muribaculaceae;g_CAG-873	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Prevotellaceae;g_Prevotella 9	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Prolixibacteraceae;g_WCHB1-32	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Prolixibacteraceae;g_uncultured	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Rikenellaceae;g_Blvi28 wastewater-sludge group	0,00	9,54	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Rikenellaceae;g_Rikenellaceae RC9 gut group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidetes VC2.1 Bac22;f_uncultured bacterium GR-WP33-68;g_uncultured bacterium GR-WP33-68	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidetes VC2.1 Bac22;f_uncultured planctomycete;g_uncultured planctomycete	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Chitinophagales;f_Saprosiraceae;g_Phaeodactylibacter	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Chitinophagales;f_Saprosiraceae;g_uncultured	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Cytophagales;f_Cyclobacteriaceae;g_Indibacter	0,00	0,00	0,05	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Cytophagales;f_Hymenobacteraceae;g_Hymenobacter	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Cytophagales;f_Microscillaceae;g_Ohtaekwangia	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Flavobacteriales;f_Crocinitomicaceae;g_Crocinitomix	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Flavobacteriales;f_Cryomorphaceae;g_uncultured	0,00	0,00	0,40	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Flavobacteriales;f_Flavobacteriaceae;g_Citreitalea	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Flavobacteriales;f_Flavobacteriaceae;g_Flavobacterium	0,00	4,60	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Flavobacteriales;f_Flavobacteriaceae;g_Lutibacter	0,00	0,02	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Flavobacteriales;f_Flavobacteriaceae;g_Maritimimonas	0,00	0,32	5,83	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Flavobacteriales;f_Flavobacteriaceae;g_Planktosalinus	0,00	0,01	2,71	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Flavobacteriales;f_Flavobacteriaceae;g_unidentified	0,00	0,32	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Sphingobacteriales;f_Lentimicrobiaceae;g_unidentified	0,00	0,04	0,07	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Sphingobacteriales;f_NS11-12 marine group;g_unidentified	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;_;;_	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Ignavibacteria;o_Ignavibacteriales;f_Ignavibacteriaceae; g_Ignavibacterium	0,00	0,44	0,17	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Ignavibacteria;o_Ignavibacteriales;f_Melioribacteraceae; g_TheB3-7	0,00	0,01	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Ignavibacteria;o_Ignavibacteriales;f_Melioribacteraceae; g_Melioribacter	0,00	3,74	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Ignavibacteria;o_Ignavibacteriales;f_SM1H02;g_Chlorobi bacterium enrichment culture clone phylotype P1	0,00	10,27	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Ignavibacteria;o_Ignavibacteriales;f_SM1H02;g_uncultured bacterium	0,00	0,64	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Ignavibacteria;o_OPB56;_;;_	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Ignavibacteria;o_SJA-28;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,09	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Rhodothermia;o_Rhodothermales;f_Rhodothermaceae; g_uncultured	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chlamydiae;c_Chlamydiae;o_Chlamydiales;f_Parachlamydiaceae; g_Candidatus Protochlamydia	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chlamydiae;c_Chlamydiae;o_Chlamydiales;f_Parachlamydiaceae;g_Neochlamydia	0,00	0,03	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chlamydiae;c_Chlamydiae;o_Chlamydiales;f_Parachlamydiaceae;_	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chlamydiae;c_Chlamydiae;o_Chlamydiales;f_Simkaniaceae;g_uncultured	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chlamydiae;c_Chlamydiae;o_Chlamydiales;f_cvE6;_	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chlamydiae;c_Chlamydiae;o_Chlamydiales;_;;_	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_Anaerolineales;f_Anaerolineaceae;g_Bellilinea	0,00	1,19	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_Anaerolineales;f_Anaerolineaceae;g_Longilinea	0,00	0,17	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_Anaerolineales;f_Anaerolineaceae;g_uncultured	0,00	0,27	0,32	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_Anaerolineales;f_Anaerolineaceae;_	0,00	0,00	0,17	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_Caldilineales;f_Caldilineaceae;g_Caldilinea	0,00	0,05	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_Caldilineales;f_Caldilineaceae;g_uncultured	0,00	0,00	0,31	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_RBG-13-54-9;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_RBG-13-54-9;f_uncultured prokaryote;g_uncultured prokaryote	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_SBR1031;f_A4b;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_SBR1031;f_A4b;g_uncultured organism	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_SBR1031;f_A4b;_	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_SBR1031;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_SBR1031;_;;_	0,00	0,09	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;_;;_	0,00	0,03	0,08	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Chloroflexia;o_Chloroflexales;f_Roseiflexaceae;g_uncultured	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Chloroflexia;o_Kallotenuales;f_AKIW781;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Chloroflexia;o_Thermomicrobiales;f_JG30-KF-CM45;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Dehalococcoidia;o_Dehalococcoidales;f_Dehalococcoidaceae; g_Dehalogenimonas	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Dehalococcoidia;o_S085;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,29	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Dehalococcoidia;_;;_	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_JG30-KF-CM66;_;;_	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_OLB14;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_OLB14;_;;_	0,00	0,00	0,05	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Melainabacteria;o_Gastranaerophilales;f_uncultured organism;g_uncultured organism	0,00	0,16	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Melainabacteria;o_Gastranaerophilales;_;;_	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Melainabacteria;o_Vampirovibrionales;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Oxyphotobacteria;o_Chloroplast;f_Planoglbratella opercularis;g_Planoglbratella opercularis	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Oxyphotobacteria;o_Chloroplast;_;;_	0,00	0,00	0,11	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Oxyphotobacteria;o_Nostocales;f_Chroococciopsaceae;g_uncultured	0,00	0,00	0,13	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Oxyphotobacteria;o_Nostocales;f_Cyanobacteriaceae;g_Geminocystis PCC-6308	0,00	0,00	1,25	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Sericytochromatia;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Deinococcus-Thermus;c_Deinococci;o_Deinococcales;g_Deinococcus	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Deinococcus-Thermus;c_Deinococci;o_Deinococcales;f_Trueperaceae;g_Truepera	0,00	0,00	0,19	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Deinococcus-Thermus;c_Deinococci;o_Thermales;f_Thermaceae;g_Thermus	0,00	0,16	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Dependentiae;c_Babeliae;o_Babeliales;f_UBA12411;g_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Dependentiae;c_Babeliae;o_Babeliales;f_Vermiphilaceae;g_uncultured Candidatus Dependentiae bacterium;g_uncultured Candidatus Dependentiae bacterium	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Dependentiae;c_Babeliae;o_Babeliales;f_uncultured Candidatus Dependentiae bacterium;g_uncultured Candidatus Dependentiae bacterium	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Dependentiae;c_Babeliae;o_Babeliales;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Dependentiae;c_Babeliae;o_Babeliales;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,07	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Elusimicrobia;c_Elusimicrobia;o_Lineage IV;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,73	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Elusimicrobia;c_Elusimicrobia;o_MVP-88;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Elusimicrobia;c_Lineage IIc;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Epsilonbacteraeota;c_Campylobacteria;o_Campylobacteriales;f_Arcobacteraceae;g_Arcobacter	0,00	1,30	0,09	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Epsilonbacteraeota;c_Campylobacteria;o_Campylobacteriales;f_Thiovulaceae;g_Sulfurimonas	0,00	0,86	0,27	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Planococcaceae;g_Lysinibacillus	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Planococcaceae;g_Planococcus	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Lactobacillales;f_Lactobacillaceae;g_Lactobacillus	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Caldicoprobacteraceae;g_Caldicoprobacter	0,00	0,16	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Clostridiaceae 4;g_Caminicella	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Clostridiaceae 4;g_Thermotalea	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Eubacteriaceae;g_Acetobacterium	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Family XI;g_Anaerococcus	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Family XIII;g_uncultured	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Lachnospiraceae;g_Epulopiscium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Lachnospiraceae;g_uncultured	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Peptococcaceae;g_Thermincola	0,00	1,40	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Peptococcaceae;g_uncultured	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Peptostreptococcaceae;g_Peptoclostridium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Peptostreptococcaceae;g_Proteocatella	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Ruminococcaceae;g_Caproiciproducens	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Ruminococcaceae;g_Oscillibacter	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Ruminococcaceae;g_Ruminococcaceae UCG-002	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Ruminococcaceae;g_Ruminococcaceae UCG-014	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Ruminococcaceae;g_Subdoligranulum	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Ruminococcaceae;g_[Eubacterium] coprostanoligenes group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Syntrophomonadaceae;g_Syntrophothermus	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Syntrophothermus	0,00	0,06	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_D8A-2;f_uncultured	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_D8A-2;f_uncultured	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Negativicutes;o_Selenomonadales;f_Acidaminococcaceae;g_Phascolarctobacterium	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Gemmatimonadetes;c_BD2-11 terrestrial group;o_metagenome;f_metagenome;g_metagenome	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Gemmatimonadetes;c_Gemmatimonadetes;o_Gemmatimonadales; f_Gemmatimonadaceae;g_uncultured	0,00	0,00	0,22	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Hydrogenedentes;c_Hydrogenedentia;o_Hydrogenedentiales; f_Hydrogenedensaceae;g_uncultured bacterium	0,00	0,02	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Hydrogenedentes;c_Hydrogenedentia;o_Hydrogenedentiales; f_Hydrogenedensaceae;g_uncultured organism	0,00	0,06	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Kiritimatiellaeota;c_Kiritimatiellae;o_WCHB1-41;f_uncultured Chlorobi bacterium;g_uncultured Chlorobi bacterium	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Kiritimatiellaeota;c_Kiritimatiellae;o_WCHB1-41;f_uncultured eubacterium WCHB1- 25;g_uncultured eubacterium WCHB1-25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Kiritimatiellaeota;c_Kiritimatiellae;o_WCHB1-41; ; _	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Latescibacteria;c_uncultured Bacteroidetes bacterium;o_uncultured Bacteroidetes bacterium;f_uncultured Bacteroidetes bacterium;g_uncultured Bacteroidetes bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Latescibacteria;c_uncultured planctomycete;o_uncultured planctomycete;f_uncultured planctomycete;g_uncultured planctomycete	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae;c_Lentisphaeria;o_Victivallales;f_BD2-3; _	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae;c_Lentisphaeria;o_Victivallales;f_GWF2-44-16;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,10	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae;c_Lentisphaeria;o_Victivallales;f_PRD18C08; _	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae;c_Lentisphaeria;o_Victivallales;f_Victivallaceae;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae;c_Lentisphaeria;o_Victivallales; ; _	0,00	0,35	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae;c_Oligosphaeria;o_Oligosphaerales;f_Lenti-02;g_uncultured Lentisphaerae bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae;c_Oligosphaeria;o_P.palmC41;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Lentisphaerae; ; ; ; _	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Margulisbacteria;c_uncultured organism;o_uncultured organism;f_uncultured organism;g_uncultured organism	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Nitrospinae;c_P9X2b3D02; ; ; _	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_4-29-1;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_BMS9AB35;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_Nitrospira;o_Nitrospirales;f_Nitrospiraceae;g_Nitrospira	0,00	0,00	0,16	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_Thermodesulfovibrionia;o_Thermodesulfovibrionales;f_Thermodesulfov ibrionaceae;g_Thermodesulfovibrion	0,00	0,18	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_Thermodesulfovibrionia;o_uncultured;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,15	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_Thermodesulfovibrionia;o_uncultured; ; _	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Omnitrophicaeota;c_Candidatus Omnitrophica bacterium CG1_02_44_16;o_Candidatus Omnitrophica bacterium CG1_02_44_16;f_Candidatus Omnitrophica bacterium CG1_02_44_16;g_Candidatus Omnitrophica bacterium CG1_02_44_16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Omnitrophicaeota;c_Omnitrophia;o_Omnitrophales;f_Omnitrophaceae;g_Candidatus Omnitrophus	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Omnitrophicaeota;c_uncultured bacterium;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,07	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Omnitrophicaeota; ; ; ; _	0,00	0,03	0,10	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Buchananbacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,21	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Falkowbacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Falkowbacteria; ; _	0,00	0,00	0,09	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Kerfeldbacteria;f_Parcubacteria group bacterium GW2011_GWD2_43_10;g_Parcubacteria group bacterium GW2011_GWD2_43_10	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Kerfeldbacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	1,25	0,36	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Kerfeldbacteria; ; _	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Komeilibacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Kuenenbacteria; ; _	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Magasanikbacteria;f_Candidatus Magasanikbacteria bacterium RIFOXYD12_FULLL_33_17;g_Candidatus Magasanikbacteria bacterium RIFOXYD12_FULLL_33_17	0,00	0,00	0,26	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Magasanikbacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,07	0,23	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Magasanikbacteria;_;	0,00	0,00	0,25	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Uhrbacteria;f_Candidatus Uhrbacteria bacterium RIFCSPHIGO2_01_FULL_47_10;g_Candidatus Uhrbacteria bacterium RIFCSPHIGO2_01_FULL_47_10	0,00	0,00	0,12	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Uhrbacteria;f_marine metagenome;g_marine metagenome	0,00	0,00	0,24	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Uhrbacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,96	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;o_Candidatus Uhrbacteria;_;	0,00	0,00	0,29	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_ABY1;_;	0,00	0,02	0,24	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Berkelbacteria;o_Candidatus Berkelbacteria bacterium RIFOXYA2_FULL_43_10;f_Candidatus Berkelbacteria bacterium RIFOXYA2_FULL_43_10;g_Candidatus Berkelbacteria bacterium RIFOXYA2_FULL_43_10	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Berkelbacteria;o_candidate division WS2 bacterium ADurb.Bin280;f_candidate division WS2 bacterium ADurb.Bin280;g_candidate division WS2 bacterium ADurb.Bin280	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Berkelbacteria;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Berkelbacteria;_;	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_CPR2;o_uncultured Firmicutes bacterium;f_uncultured Firmicutes bacterium;g_uncultured Firmicutes bacterium	0,00	0,07	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_CPR2;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_CPR2;o_uncultured microorganism;f_uncultured microorganism;g_uncultured microorganism	0,00	0,17	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_CPR2;_;	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Gracilibacteria;o_Candidatus Peregrinibacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,04	0,08	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Gracilibacteria;o_Candidatus Peregrinibacteria;_;	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Gracilibacteria;o_Candidatus Peribacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,08	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Gracilibacteria;o_GJI 000069-P22;_;	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Gracilibacteria;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Gracilibacteria;o_uncultured organism;f_uncultured organism;g_uncultured organism	0,00	0,29	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Gracilibacteria;_;	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Kazania;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Chisholmbacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,07	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Collierbacteria;f_Microgenomates group bacterium ADurb.Bin238;g_Microgenomates group bacterium ADurb.Bin238	0,00	0,05	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Collierbacteria;f_uncultured Anaerolineales bacterium;g_uncultured Anaerolineales bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Collierbacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Collierbacteria;_;	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Curtissbacteria;f_uncultured Microgenomates group bacterium;g_uncultured Microgenomates group bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Curtissbacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Pacebacteria;f_bacterium enrichment culture clone Anammox_46;g_bacterium enrichment culture clone Anammox_46	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Pacebacteria;f_marine metagenome;g_marine metagenome	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Pacebacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,11	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Pacebacteria;f_uncultured organism;g_uncultured organism	0,00	0,01	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Pacebacteria;_;	0,00	0,05	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Woesebacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,18	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_Candidatus Woesebacteria;_;	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Microgenomatia;_:_;	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Azambacteria;f_Candidatus Azambacteria bacterium GW2011_GWF2_42_22;g_Candidatus Azambacteria bacterium GW2011_GWF2_42_22	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Giovannonibacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Jorgensenbacteria;f_Candidatus Adlerbacteria bacterium GW2011_GWC1_50_9;g_Candidatus Adlerbacteria bacterium GW2011_GWC1_50_9	0,00	0,00	0,39	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Kaiserbacteria;f_Parcubacteria group bacterium CG1_02_50_68;g_Parcubacteria group bacterium CG1_02_50_68	0,00	0,00	0,17	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Kaiserbacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Kaiserbacteria;f_uncultured organism;g_uncultured organism	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Liptonbacteria;_:_;	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Moranbacteria;f_Candidatus Moranbacteria bacterium GW2011_GWE1_49_15;g_Candidatus Moranbacteria bacterium GW2011_GWE1_49_15	0,00	0,13	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Moranbacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,31	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Moranbacteria;f_uncultured soil bacterium;g_uncultured soil bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Moranbacteria;_:_;	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Nomurabacteria;f_Candidatus Nomurabacteria bacterium GW2011_GWB1_35_20;g_Candidatus Nomurabacteria bacterium GW2011_GWB1_35_20	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Nomurabacteria;f_Candidatus Nomurabacteria bacterium GW2011_GWE1_32_28;g_Candidatus Nomurabacteria bacterium GW2011_GWE1_32_28	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Nomurabacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,23	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Nomurabacteria;_:_;	0,00	0,00	0,10	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Vogelbacteria;f_Parcubacteria group bacterium GW2011_GWC1_51_35;g_Parcubacteria group bacterium GW2011_GWC1_51_35	0,00	0,00	0,10	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Vogelbacteria;f_Parcubacteria group bacterium GW2011_GWF2_52_12;g_Parcubacteria group bacterium GW2011_GWF2_52_12	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Vogelbacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,42	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Wolfebacteria;_:_;	0,00	1,42	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Yanofskybacteria;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Yanofskybacteria;_:_;	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_Candidatus Zambryskibacteria;f_Parcubacteria group bacterium GW2011_GWA2_40_14;g_Parcubacteria group bacterium GW2011_GWA2_40_14	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Parcubacteria;_:_;	0,00	0,00	0,38	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Saccharimonadia;o_Saccharimonadales;f_Saccharimonadaceae;g_uncultured bacterium	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Saccharimonadia;o_Saccharimonadales;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,07	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Saccharimonadia;o_Saccharimonadales;f_uncultured candidate division WS5 bacterium;g_uncultured candidate division WS5 bacterium	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Saccharimonadia;o_Saccharimonadales;f_uncultured prokaryote;g_uncultured prokaryote	0,00	0,08	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_Saccharimonadia;o_Saccharimonadales;_:_;	0,00	0,00	0,20	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WS6 (Dojkabacteria);o_uncultured anaerobic bacterium;f_uncultured anaerobic bacterium;g_uncultured anaerobic bacterium	0,00	1,28	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WS6 (Dojkabacteria);o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WS6 (Dojkabacteria);o_uncultured marine bacterium;f_uncultured marine bacterium;g_uncultured marine bacterium	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WS6 (Dojkabacteria);o_uncultured organism;f_uncultured organism;g_uncultured organism	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WS6 (Dojkabacteria);_:_;	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WWE3;o_Candidatus Berkelbacteria bacterium RIFCSPHIGH02_12_FULL_50_11;f_Candidatus Berkelbacteria bacterium RIFCSPHIGH02_12_FULL_50_11;g_Candidatus Berkelbacteria bacterium RIFCSPHIGH02_12_FULL_50_11	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WWE3;o_candidate division WWE3 bacterium GW2011_GWD1_43_201;f_candidate division WWE3 bacterium GW2011_GWD1_43_201;g_candidate division WWE3 bacterium GW2011_GWD1_43_201	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WWE3;o_metagenome;f_metagenome;g_metagenome	0,00	0,06	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WWE3;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,10	0,16	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WWE3;o_uncultured candidate division WWE3 bacterium;f_uncultured candidate division WWE3 bacterium;g_uncultured candidate division WWE3 bacterium	0,00	0,05	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;c_WWE3;_:_:_	0,00	0,03	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Patescibacteria;_:_:_	0,00	0,10	0,36	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Brocadiae;o_Brocadiales;f_Brocadiaceae;g_Candidatus Brocadia	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_OM190;o_uncultured Planctomycetales bacterium;f_uncultured Planctomycetales bacterium;g_uncultured Planctomycetales bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Phycisphaerae;o_CCM11a;f_bacterium enrichment culture clone SRAO_10;g_bacterium enrichment culture clone SRAO_10	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Phycisphaerae;o_CCM11a;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Phycisphaerae;o_Phycisphaerales;f_Phycisphaeraceae;g_I-8	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Phycisphaerae;o_Phycisphaerales;f_Phycisphaeraceae;g_SM1A02	0,00	0,02	0,10	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Phycisphaerae;o_Phycisphaerales;f_Phycisphaeraceae;g_uncultured	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Phycisphaerae;o_S-70;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Pla3 lineage;_:_:_	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Planctomycetacia;o_Gemmatales;f_Gemmataceae;g_Gemmata	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Planctomycetacia;o_Pirellulales;f_Pirellulaceae;g_Bythopirellula	0,00	0,00	0,05	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Planctomycetacia;o_Pirellulales;f_Pirellulaceae;g_Candidatus Anamnoximicrobium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Planctomycetacia;o_Pirellulales;f_Pirellulaceae;g_Roseimaritima	0,21	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Planctomycetacia;o_Pirellulales;f_Pirellulaceae;g_Thermogutta	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Planctomycetacia;o_Pirellulales;f_Pirellulaceae;g_uncultured	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Planctomycetacia;o_Planctomycetales;f_Gimesiaceae; g_uncultured	0,41	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Planctomycetes;_:_:_	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Caulobacterales;f_Caulobacteraceae; g_Brevundimonas	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Caulobacterales;f_Caulobacteraceae; g_Phenylobacterium	0,00	0,00	0,16	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Caulobacterales;f_Hyphomonadaceae; g_Hyphomonas	0,00	0,25	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Holosporales;f_Holosporaceae; g_uncultured	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Kordiimonadales;f_Iodidimonadaceae; g_Iodidimonas	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Kordiimonadales;f_Kordiimonadaceae; g_Kordiimonas	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Micavibrionales;f_Micavibrionaceae; g_uncultured	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Micavibrionales;f_uncultured;g_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Micavibrionales;f_uncultured;_	0,00	0,10	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Paracaedibacterales;f_Paracaedibacteraceae; g_uncultured	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Parvibaculales;f_Parvibaculaceae; g_Parvibaculum	0,00	0,01	0,47	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Reyranellales;f_Reyranellaceae;g_Reyranella	0,51	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Amb-16S-1323;g_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Beijerinckiaceae; g_Methylobacterium	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Hyphomicrobiaceae; g_Hyphomicrobium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Rhizobiaceae;g_Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	0,00	0,00	0,05	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Rhizobiaceae;g_Hoeflea	0,00	0,02	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Rhizobiaceae;g_Ochrobactrum	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Rhizobiaceae;g_	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Rhizobiales Incertae Sedis;g_Phreatobacter	0,00	0,00	4,18	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodobacterales;f_Rhodobacteraceae;g_Paracoccus	0,00	0,02	0,13	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodobacterales;f_Rhodobacteraceae;g_Pseudorhodobacter	0,00	0,00	0,00	57,14	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodobacterales;f_Rhodobacteraceae;g_Roseovarius	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodobacterales;f_Rhodobacteraceae;g_	0,00	19,94	56,87	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Magnetospiraceae;g_Magnetovibrio	0,00	0,53	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Magnetospiraceae;g_uncultured	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Magnetospirillaceae;g_Magnetospirillum	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Rhodospirillaceae;g_BRH-c57	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Terasakiellaceae;g_Terasakiella	0,00	1,79	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_uncultured;g_alpha proteobacterium MTB-KTN90	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_uncultured;g_	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rickettsiales;f_AB1;g_Sinorickettsia chlamys	0,00	0,05	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rickettsiales;f_Mitochondria;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rickettsiales;f_SM2D12;g_metagenome	0,00	0,01	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rickettsiales;f_SM2D12;g_uncultured Phyllobacteriaceae bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rickettsiales;f_	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Sphingomonadales;f_Sphingomonadaceae;g_Sphingomonas	0,00	0,00	0,09	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Sphingomonadales;f_Sphingomonadaceae;g_	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_	0,00	1,41	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Bdellovibrionales;f_Bacteriovoracaceae;g_Peredibacter	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Bdellovibrionales;f_Bacteriovoracaceae;g_	0,00	0,07	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Bdellovibrionales;f_Bdellovibrionaceae;g_Bdellovibrio	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Bdellovibrionales;f_Bdellovibrionaceae;g_OM27 clade	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Deltaproteobacteria Incertae Sedis;f_Syntrophorhabdaceae;g_Syntrophorhabdus	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Deltaproteobacteria Incertae Sedis;f_Unknown Family;g_Deferrisoma	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfarculales;f_Desulfarculaceae;g_Desulfatiglans	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfobacterales;f_Desulfobacteraceae;g_Sva0081 sediment group	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfobacterales;f_Desulfobulbaceae;g_Desulfobulbus	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfobacterales;f_Desulfobulbaceae;g_uncultured	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfovibrionales;f_Desulfomicrobiaceae;g_Desulfomicrobium	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfovibrionales;f_Desulfovibrionaceae;g_Desulfovibrio	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfuromonadales;f_Desulfuromonadaceae;g_Desulfuromonas	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfuromonadales;f_Desulfuromonadaceae;g_Desulfuromusa	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfuromonadales;f_Geobacteraceae;g_Geopsychrobacter	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfuromonadales;f_Geobacteraceae;g_Geothermobacter	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfuromonadales;_;	0,00	0,28	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_MBNT15;f_Nitrospirae bacterium CG2_30_70_394;g_Nitrospirae bacterium CG2_30_70_394	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Myxococcales;f_Blrri41;_	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Myxococcales;f_bacteriap25;_	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_NB1-j;_;	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_NKB15;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Oligoflexales;f_053A03-B-DI-P58;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Oligoflexales;f_053A03-B-DI-P58;_	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_PB19;_;	0,00	0,00	0,16	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Sva0485;_;	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Syntrophobacterales;f_Syntrophaceae;g_Syntrophus	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Syntrophobacterales;f_Syntrophaceae;g_uncultured	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;_;	0,00	0,60	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_1013-28-CG33;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Aeromonadales;f_Aeromonadaceae;g_Aeromonas	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Alteromonadales;f_Alteromonadaceae;g_Rheinheimera	1,95	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Alteromonadales;f_Shewanellaceae;g_Shewanella	0,00	0,05	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Burkholderiaceae;g_Acidovorax	0,00	0,00	0,80	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Burkholderiaceae;g_Delftia	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Burkholderiaceae;g_Herbaspirillum	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Burkholderiaceae;g_Hydrogenophaga	0,41	0,04	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Burkholderiaceae;g_Limnobacter	6,78	0,17	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Burkholderiaceae;g_Limnohabitans	0,00	0,00	0,00	33,33	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Burkholderiaceae;g_Massilia	0,00	0,00	0,08	0,00	12,53
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Burkholderiaceae;g_Polynucleobacter	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Burkholderiaceae;g_Rhodoferax	0,00	0,00	0,36	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Burkholderiaceae;g_Sutterella	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Burkholderiaceae;g_Tepidimonas	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Burkholderiaceae;g_uncultured	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Burkholderiaceae;_	0,00	0,02	3,40	9,52	1,70
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Chromobacteriaceae;g_Vogesella	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Gallionellaceae;g_Gallionella	0,00	0,61	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Gallionellaceae;g_Sideroxydans	0,00	0,02	0,38	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Gallionellaceae;_	0,00	1,33	1,45	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Hydrogenophilaceae;g_Hydrogenophilus	0,00	0,57	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Hydrogenophilaceae;g_Thiobacillus	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Hydrogenophilaceae;g_uncultured	0,00	0,01	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Methylophilaceae;g_Methylotenera	0,00	8,49	0,69	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales; f_Methylophilaceae;_	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales; f_Nitrosomonadaceae;g_GOUTA6	0,00	0,00	0,08	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales; f_Nitrosomonadaceae;g_Nitrosomonas	0,00	0,00	0,49	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Rhodocyclaceae; g_Azoarcus	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Rhodocyclaceae; g_Dechloromonas	0,00	3,16	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Rhodocyclaceae; g_Denitratisoma	0,00	0,10	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Rhodocyclaceae; g_Sulfuritalea	0,00	0,12	1,15	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Rhodocyclaceae; g_uncultured	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Rhodocyclaceae;_	0,00	0,62	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_Sulfuricellaceae; g_Ferritrophicum	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;f_TRA3-20;_	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Betaproteobacteriales;_;	0,00	0,00	0,83	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_CCM19a;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Cellvibrionales;f_Cellvibrionaceae; g_Cellvibrio	0,10	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Cellvibrionales;f_Spongiibacteraceae; g_Zhongshania	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Chromatiales;f_Sedimenticolaceae; g_Sedimenticola	0,00	1,60	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Coxiellales;f_Coxiellaceae;g_Coxiella	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Diplorickettsiales;f_Diplorickettsiaceae; g_Aquicella	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Enterobacteriales;f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Enterobacteriales;f_Enterobacteriaceae; g_Klebsiella	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Enterobacteriales;f_Enterobacteriaceae;_	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Francisellales;f_Francisellaceae; g_Francisella	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Gammaproteobacteria Incertae Sedis;f_Unknown Family;g_Candidatus Berkiella	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Immunitisolibacterales; f_Immunitisolibacteraceae;_	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Legionellales;f_Legionellaceae;g_Legionella	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Methylococcales;f_Methylococcaceae; g_Methylalcaldum	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Methylococcales;f_Methylococcaceae; g_Methylparacoccus	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Methylococcales;f_Methylomonaceae; g_Methylobacter	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Methylococcales;f_Methylomonaceae; g_Methylomonas	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Methylococcales;f_Methylomonaceae; g_Methyl profundus	0,00	1,06	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Methylococcales;f_Methylomonaceae; g_Methylolum	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Methylococcales;f_Methylomonaceae;_	0,00	0,02	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Nitrosococcales;f_Methylophagaceae; g_uncultured	0,00	4,38	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Oceanospirillales;f_Halomonadaceae; g_Halomonas	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Oceanospirillales;f_Marinomonadaceae; g_Marinomonas	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_PLTA13;_;	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Pseudomonadales;f_Moraxellaceae; g_Acinetobacter	3,08	0,00	1,48	0,00	85,77
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Pseudomonadales;f_Moraxellaceae; g_Enhydrobacter	0,00	0,00	0,09	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Pseudomonadales;f_Moraxellaceae; g_Perlucidibaca	0,00	0,00	0,30	0,00	0,00

k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Pseudomonadales;f_Moraxellaceae; g_[Agitococcus] lubricus group	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Pseudomonadales;f_Pseudomonadaceae; g_Pseudomonas	85,82	1,03	0,14	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Thiotrichales;f_Thiotrichaceae;g_Thiothrix	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Vibrionales;f_Vibrionaceae; g_Photobacterium	0,21	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Vibrionales;f_Vibrionaceae;g_Vibrio	0,00	0,12	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Xanthomonadales;f_Rhodanobacteraceae; g_uncultured	0,00	0,00	0,39	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Xanthomonadales;f_Xanthomonadaceae; g_Arenimonas	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Xanthomonadales;f_Xanthomonadaceae; g_Luteimonas	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Xanthomonadales;f_Xanthomonadaceae; g_Pseudoxanthomonas	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Xanthomonadales;f_Xanthomonadaceae; g_Thermomonas	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Xanthomonadales;f_Xanthomonadaceae; g_uncultured	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;_ ; _ ; _	0,00	0,01	0,22	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Zetaproteobacteria;o_Mariprofundales;f_Mariprofundaceae; g_Mariprofundus	0,00	0,07	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Proteobacteria;_ ; _ ; _	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Rokubacteria;c_NC10;o_Methylomirabilales;f_Methylomirabilaceae;g_Candidatus Methylomirabilis	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Rokubacteria;c_NC10;o_Rokubacteriales;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Spirochaetes;c_Leptospirae;o_Leptospirales;f_Leptospiraceae;g_Leptonema	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Spirochaetes;c_Leptospirae;o_Leptospirales;f_Leptospiraceae;g_RBG-16-49-21	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Spirochaetes;c_Leptospirae;o_Leptospirales;f_Leptospiraceae;g_Turneriella	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Spirochaetes;c_Leptospirae;o_Leptospirales;f_Leptospiraceae;g_uncultured	0,00	0,91	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Spirochaetes;c_MVP-15;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Spirochaetes;c_Spirochaetia;o_Brevinematales;f_Brevinemataceae;g_Brevinema	0,00	0,05	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Spirochaetes;c_Spirochaetia;o_Spirochaetales;f_Spirochaetaceae;g_Salinispira	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Spirochaetes;c_Spirochaetia;o_Spirochaetales;f_Spirochaetaceae; g_Sediminispirochaeta	0,00	0,25	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Spirochaetes;c_Spirochaetia;o_Spirochaetales;f_Spirochaetaceae;g_Spirochaeta 2	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Spirochaetes;c_Spirochaetia;o_Spirochaetales;f_Spirochaetaceae;g_Treponema	0,00	0,17	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Spirochaetes;c_Spirochaetia;o_Spirochaetales;f_Spirochaetaceae;g_uncultured	0,00	0,19	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Synergistetes;c_Synergistia;o_Synergistales;f_Synergistaceae;g_Acetomicrobium	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Synergistetes;c_Synergistia;o_Synergistales;f_Synergistaceae;g_Aminiphilus	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Synergistetes;c_Synergistia;o_Synergistales;f_Synergistaceae;g_Thermovirga	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Tenericutes;c_Mollicutes;_ ; _ ; _	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Thermotogae;c_Thermotogae;o_Thermotogales;f_Fervidobacteriaceae; g_Fervidobacterium	0,00	0,69	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Verrucomicrobiae;o_Chthoniobacteriales;f_Terrimicrobiaceae; g_Terrimicrobium	0,00	0,01	0,10	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Verrucomicrobiae;o_Chthoniobacteriales; f_Xiphinematobacteraceae; g_Candidatus Xiphinematobacter	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Verrucomicrobiae;o_Methylacidiphilales;f_Methylacidiphilaceae; g_uncultured	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Verrucomicrobiae;o_Opitutales;f_Puniceicoccaceae;g_Verruc-01	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Verrucomicrobiae;o_Opitutales;f_Puniceicoccaceae;_	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Verrucomicrobiae;o_Opitutales;_ ; _ ; _	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Verrucomicrobiae;o_Verrucomicrobiales;f_Akkermansiaceae; g_Akkermansia	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
k_Bacteria;p_WOR-1;c_uncultured bacterium;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
k_Bacteria;p_WPS-2;c_hydrothermal vent metagenome;o_hydrothermal vent metagenome;f_hydrothermal vent metagenome;g_hydrothermal vent metagenome	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00

k_Bacteria;p_WPS-2;c_metagenome;o_metagenome;f_metagenome;g_metagenome	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
k_Bacteria;p_Zixibacteria;c_uncultured bacterium;o_uncultured bacterium;f_uncultured bacterium;g_uncultured bacterium	0,00	0,09	0,03	0,00	0,00
k_Bacteria;_:_:_:_	0,00	0,18	0,88	0,00	0,00
Unassigned;_:_:_:_	0,00	0,00	0,09	0,00	0,00

*Torda (B1), Slankamen Banja (B2), Lomnica (B3), Velika Vrbnica (B4), Obrenovačka Banja (B5).

OPŠTI PODACI O AUTORSKIM PRAVIMA

Biografija

Vladimir Šaraba rođen je 7. 7. 1992. godine u Nikšiću, Crna Gora. Završio je Gimnaziju „Jovan Dučić“, 2011. godine u Trebinju, BiH, sa odličnim uspehom. Osnovne i master studije hidrogeologije na Rudarsko-geološkom fakultetu Univerziteta u Beogradu (dalje: RGF) završio je sa prosečnom ocenom 9,36, odnosno 10,00, i time stekao profesionalni status master inž. geol. Dobitnik je nagrade RGF-a za postignuti uspeh na osnovnim akademskim studijama. Oktobra 2016. godine upisao je doktorske studije hidrogeologije na RGF-u. Od 2017. godine, postaje stipendista Ministarstva prosvete, nauke i tehnološkog razvoja Republike Srbije (dalje: Ministarstvo). Tokom 2017/18. godine, bio je angažovan je u programu tehnološkog razvoja Ministarstva koji realizuje RGF, na projektu „Istraživanje i primena obnovljivih subgeotermalnih podzemnih vodnih resursa u konceptu povećanja energetske efikasnosti u zgradarstvu“, evidencioni broj TR 33053. Iste akademske godine učestvovao je u pripremi i održavanju vežbi iz predmeta „Mineralne vode“ i „Regionalna hidrogeologija“ na RGF-u. Dobitnik je prve nagrade za 2017. godinu Srpskog geološkog društva za najbolji rad mladih geologa i studenata. Od 2018. godine, angažovan je na projektu „Metodologija ocene, projektovanja i održavanja izvorišta podzemnih voda u aluvijalnim sredinama u zavisnosti od stepena aerobnosti“, evidencioni broj TR 37014, u Institutu za vodoprivredu „Jaroslav Černi“. Iste godine, od strane Nastavno-naučnog veća RGF-a, izabran je u istraživačko zvanje istraživač-pripravnik. Do danas, objavio je dva naučna rada u časopisima međunarodnog značaja kao prvi autor, petnaest saopštenja sa međunarodnih skupova i skupova nacionalnog značaja, te pet radova u časopisima nacionalnog značaja. Član je domaćih i međunarodnih strukovnih organizacija.

образац изјаве о ауторству

Изјава о ауторству

Име и презиме аутора Владимир С. Шараба

Број индекса Г801/16

Изјављујем

да је докторска дисертација под насловом

„Микроорганизми – биохидрогеолошки индикатори одабраних појава
минералних вода Србије“

- резултат сопственог истраживачког рада;
- да дисертација у целини ни у деловима није била предложена за стицање друге дипломе према студијским програмима других високошколских установа;
- да су резултати коректно наведени и
- да нисам кршио/ла ауторска права и користио/ла интелектуалну својину других лица.

Потпис аутора

У Београду, 20.1.2021. године

Изјава о истоветности штампане и електронске верзије докторског рада

Име и презиме аутора _____ Владимир С. Шараба _____

Број индекса _____ Г801/16 _____

Студијски програм _____ Хидрогеологија _____

Наслов рада „Микроорганизми – биохидрогеолошки индикатори одабраних појава _____
_____ минералних вода Србије“ _____

Ментор _____ др Веселин Драгишић, ред. проф. у пензији _____

_____ др Ивица Димкић, виши научни сарадник _____

Изјављујем да је штампана верзија мог докторског рада истоветна електронској верзији коју сам предао/ла ради похрањивања у **Дигиталном репозиторијуму Универзитета у Београду**.

Дозвољавам да се објаве моји лични подаци везани за добијање академског назива доктора наука, као што су име и презиме, година и место рођења и датум одбране рада.

Ови лични подаци могу се објавити на мрежним страницама дигиталне библиотеке, у електронском каталогу и у публикацијама Универзитета у Београду.

Потпис аутора

У Београду, 20.1.2021. године

образац изјаве о коришћењу

Изјава о коришћењу

Овлашћујем Универзитетску библиотеку „Светозар Марковић“ да у Дигитални репозиторијум Универзитета у Београду унесе моју докторску дисертацију под насловом:

„Микроорганизми – биохидрогеолошки индикатори одабраних

појава минералних вода Србије“

која је моје ауторско дело.

Дисертацију са свим прилозима предао/ла сам у електронском формату погодном за трајно архивирање.

Моју докторску дисертацију похрањену у Дигиталном репозиторијуму Универзитета у Београду и доступну у отвореном приступу могу да користе сви који поштују одредбе садржане у одабраном типу лиценце Креативне заједнице (CreativeCommons) за коју сам се одлучио/ла.

1. Ауторство (CC BY)

2. Ауторство – некомерцијално (CC BY-NC)

3. Ауторство – некомерцијално – без прерада (CC BY-NC-ND)

4. Ауторство – некомерцијално – делити под истим условима (CC BY-NC-SA)

5. Ауторство – без прерада (CC BY-ND)

6. Ауторство – делити под истим условима (CC BY-SA)

(Молимо да заокружите само једну од шест понуђених лиценци.
Кратак опис лиценци је саставни део ове изјаве).

Потпис аутора

У Београду, 20.1.2021. године

1. **Ауторство.** Дозвољаваате умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, и прераде, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце, чак и у комерцијалне сврхе. Ово је најслободнија од свих лиценци.
2. **Ауторство – некомерцијално.** Дозвољаваате умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, и прераде, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце. Ова лиценца не дозвољава комерцијалну употребу дела.
3. **Ауторство – некомерцијално – без прерада.** Дозвољаваате умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, без промена, преобликовања или употребе дела у свом делу, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце. Ова лиценца не дозвољава комерцијалну употребу дела. У односу на све остале лиценце, овом лиценцом се ограничава највећи обим права коришћења дела.
4. **Ауторство – некомерцијално – делити под истим условима.** Дозвољаваате умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, и прераде, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце и ако се прерада дистрибуира под истом или сличном лиценцом. Ова лиценца не дозвољава комерцијалну употребу дела и прерада.
5. **Ауторство – без прерада.** Дозвољаваате умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, без промена, преобликовања или употребе дела у свом делу, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце. Ова лиценца дозвољава комерцијалну употребу дела.
6. **Ауторство – делити под истим условима.** Дозвољаваате умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, и прераде, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце и ако се прерада дистрибуира под истом или сличном лиценцом. Ова лиценца дозвољава комерцијалну употребу дела и прерада. Слична је софтверским лиценцама, односно лиценцама отвореног кода.