

Исследование таксономического разнообразия и метаболизма микробных сообществ сероводородных гидротерм Республики Дагестан при помощи shotgun-метагеномики

Научный руководитель – Тощаков Степан Владимирович

Тутубалина Нина Алексеевна

Студент (специалист)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

E-mail: nina.tutubalina@gmail.com

На Северном Кавказе распространены сероводородные термальные источники, но их микробиота до недавнего времени изучалась лишь классическими микробиологическими методами [1, 3]. В таких источниках встречаются, а иногда и доминируют, некультивируемые и неизученные микроорганизмы, метаболизирующие соединения серы [2, 8].

В этой работе было проведено секвенирование проб из девяти сероводородных источников Республики Дагестан разной температуры, дополняющее ранее полученные результаты 16S-профилирования.

Для всех проб были получены парные короткие прочтения shotgun-библиотек (Illumina), а для четырех — дополнительно длинные (Oxford Nanopore).

Метагеномы были собраны с помощью metaSPAdes [5] (короткие прочтения) или metaFlye [4] с дальнейшей полировкой (длинные). Анализ представленности метаболических путей был выполнен в DiTing [7], биннинг отдельных геномов (MAG) — в metaWRAP [6].

В результате биннинга было получено 316 прокариотических MAG (полнота >70%, контаминация <10%). Самыми представленными были филумы Pseudomonadota, Desulfobacterota и Campylobacterota. В источнике Талги около 40% MAG принадлежало археям суперфилума DPANN, филумов Micrarchaeota, Aenigmataarchaeota, Iainarchaeota и других.

Также в Талги был обнаружен MAG, соответствующий новому, не описанному даже по метагеномным данным, порядку бактерий некультивируемого класса Koll11 филума Omnitrophota. 17 MAG принадлежали неописанным семействам прокариот.

Анализ представленности путей метаболизма серы показал, что микробные сообщества исследуемых источников могут осуществлять практически все реакции цикла метаболизма серы, кроме диспропорционирования и восстановления элементарной серы.

Работа проведена при поддержке государственного задания НИЦ Курчатовский институт.

Источники и литература

- 1) Chernousova E.Y. et al. Biodiversity and monitoring of colorless filamentous bacterioplankton sulfide aquatic systems of North Caucasus region // Microbiology. 2010. Vol. 79, № 5. P. 672–678.
- 2) Frolov E.N. et al. Diversity and Activity of Sulfate-Reducing Prokaryotes in Kamchatka Hot Springs // Microorganisms. 2021. Vol. 9, № 10.
- 3) Gorlenko V.M., Burganskaya E.I., Bryantseva I.A. Phototrophic Communities of the Berikei Highly Mineralized Mesothermal Sulfide Springs (Dagestan, Russia) // Microbiology. 2019. Vol. 88, № 2. P. 146–155.
- 4) Kolmogorov M. et al. metaFlye: scalable long-read metagenome assembly using repeat graphs // Nat. Methods. 2020. Vol. 17, № 11. P. 1103–1110.

- 5) Nurk S. et al. metaSPAdes: a new versatile metagenomic assembler // Genome Res. 2017. Vol. 27, № 5. P. 824–834.
- 6) Uritskiy G.V., DiRuggiero J., Taylor J. MetaWRAP—a flexible pipeline for genome-resolved metagenomic data analysis // Microbiome. 2018. Vol. 6, № 1.
- 7) Xue C.-X. et al. DiTing: A Pipeline to Infer and Compare Biogeochemical Pathways From Metagenomic and Metatranscriptomic Data // Front. Microbiol. 2021. Vol. 12.
- 8) Zhou Z. et al. Diversity and ecology of microbial sulfur metabolism // Nat. Rev. Microbiol. Nature Research, 2024. Vol. 23, № 2. P. 122–140.