

Микробные сообщества водной толщи Кандалакшского залива Белого моря**Научный руководитель – Бонч-Осмоловская Елизавета Александровна****Салова Варвара Дмитриевна***Студент (бакалавр)*

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра микробиологии, Москва, Россия

E-mail: salova_varvar@mail.ru

Белое море является уникальным водным объектом с особенным гидрологическим режимом: интенсивными течениями, большим речным стоком, а также поступлением более теплых вод Баренцева моря. На данный момент существуют единичные работы, направленные на изучение микробных сообществ Белого моря. Целью этой работы было изучение количественного и качественного состава микробных сообществ толщи воды Кандалакшского залива Белого моря.

Образцы для исследования были отобраны в открытой части Кандалакшского залива Белого моря в августе 2021 г. на глубине от 5 до 230 м, с помощью батометра. Отобранную в каждой точке воду (5 л) фильтровали через мембранные фильтры с диаметром пор 0,22 мкм, которые затем были зафиксированы в буфере и хранились при 4°C. Из полученных образцов была выделена геномная ДНК и получены библиотеки ампликонов V4 участка гена 16S рРНК. Библиотеки были отсековированы с применением Illumina MiSeq, и полученные риды были проанализированы с помощью сервиса SILVAngs для определения относительной представленности таксонов микроорганизмов в исследуемых пробах. Кроме того, небольшой объем воды для каждой точки был зафиксирован формалином. В них с помощью люминесцентной микроскопии с использованием красителя DAPI была определена общая численность микроорганизмов.

Общая численность микроорганизмов изменялась от $2,0 \times 10^6$ до $6,5 \times 10^6$ клеток/мл. В результате высокопроизводительного секвенирования по V4 региону гена 16S рРНК было определено 22 филума, из которых 20 принадлежали домену *Bacteria*, а оставшиеся 2 - к домену *Archaea*. Во всех пробах доминировал филум *Pseudomonadota*, который составил 72% на 5 м и 48% на 230 м. За ним следовал филум *Bacteroidota*, чья относительная представленность на всех горизонтах составляла 10-15%. Затем шел филум *Actinomycetota*, доля которого составила 2%-6%, причем большая часть этой группы на глубине от 30 до 230 м была представлена некультивируемой кладой Sva0996 marine group. В поверхностных горизонтах встречались представители филума *Cyanobacteria* (род *Synechococcus*), численность которого составила 2% и 5% на глубине 30 и 5 м соответственно. Филум *Verrucomicrobiota* достигал своего максимума численности на глубине 50 м (2,6%), причем наиболее представлен был род *Roseibacillus*. Численность архейного филума *Thaumarchaeota*, представленного родом *Nitrosopumilus*, на глубине 230 м достигала 11% от всего микробного сообщества. Кроме того, клады SAR324 (Marine group B) и SAR406 (*Marinimicrobia*) занимали значительные доли в сообществе начиная с 90 м, и на глубине 230 м достигают 8% и 4% соответственно.

Таким образом, численность микроорганизмов с известными типами метаболизма указывает на протекающие в соответствующих горизонтах микробиологические процессы. Также эти данные могут быть использованы для исследования доминирующих организмов, относящихся к некультивируемым филумам.