

Метагеномное профилирование техногенно-преобразованных почв на территории озера Атаманское

Научный руководитель – Горовцов Андрей Владимирович

Дёмин Константин Алексеевич

Студент (магистр)

Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Дмитрия Иосифовича Ивановского, Кафедра биохимии и микробиологии, Ростов-на-Дону, Россия
E-mail: *kdyomin@sfedu.ru*

Благодаря метагеномике в современной микробиологии произошли революционные изменения, в том числе в исследовании микробоценозов антропогенно-преобразованных почв. Так, простым и широко распространённым методом изучения является профилирование сообществ организмов путём секвенирования пула консервативных генов, таких как ген 16S рРНК. Целью данного исследования было метагеномное профилирование микробных сообществ техногенно-преобразованных почв высохшего озера Атаманское, расположенного в Ростовской области. На протяжении 50 лет озеро использовалось как шламо-накопитель химического предприятия. Концентрации полиароматических углеводородов (ПАУ) и тяжелых металлов в данных почвах в сотни раз превышают допустимые [2]. Предполагается, что микробное сообщество данных почв находится на поздних стадиях адаптации к техногенному загрязнению.

Экстракция ДНК проводилась набором FastDNA SPIN Kit for soil (MP Biomedicals, UK). Амплификации подвергался регион V3-V4 гена 16S рРНК. Секвенирование проводили на платформе MiSeq (Illumina). Фильтрация, контроль качества, определение таксономического положения и визуализация проводились с помощью пакетов DADA2 (v. 1.22) и Phyloseq (v 1.38) для R (v 4.1.2).

Образцы с высоким уровнем загрязнения демонстрируют преобладание таких семейств как *Streptomyetaceae*, *Xanthobacteraceae*, *Micrococcaceae*, *Mycobacteriaceae* и *Nocardoidaceae* (рис. 1). Представители данных семейств известны способностью использовать ПАУ в качестве источников углерода и энергии [1]. В образцах 3, 5 и 8 данные таксоны представляют значительную (10-30%) долю от первых ста наиболее представленных семейств. Кроме факта утилизации поллютантов, это также свидетельствует и о меньшем биоразнообразии на определённых этапах адаптации сообщества, поскольку численно доминирует небольшое количество таксонов. Интересно также отметить, что среди первых ста семейств не обнаружилось семейство *Pseudomonadaceae*, представители которого также являются знаковыми ПАУ-деструкторами. Возможно, это связано с высокой ролью псевдомонад в сообществе на начальных этапах загрязнения ПАУ, но не на поздних стадиях адаптации, в которых находятся изучаемые сообщества.

Исследование выполнено при поддержке гранта РФФИ № 19-29-05265 мк.

Источники и литература

- 1) Haritash A. K., Kaushik C. P. Biodegradation aspects of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs): a review // Journal of hazardous materials. – 2009. – V. 169. – №. 1-3. – P. 1-15.
- 2) Zamulina I. V. et al. The influence of long-term Zn and Cu contamination in Spolic Technosols on water-soluble organic matter and soil biological activity // Ecotoxicology and Environmental Safety. – 2021. – V. 208. – P. 111471.

Иллюстрации

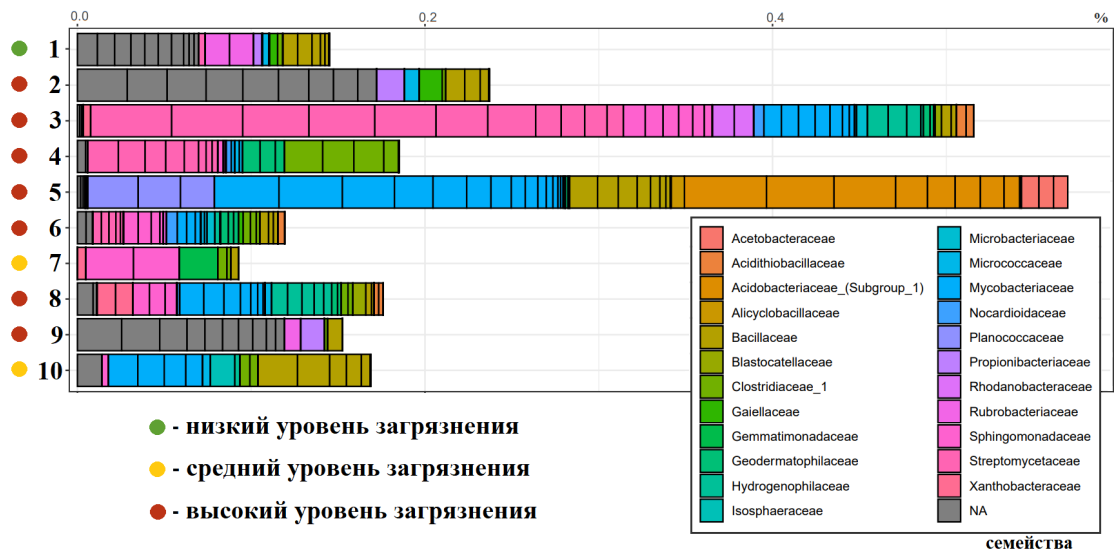


Рис. 1. Топ-100 семейств по численности в образцах почв контроля (1) и территории оз. Атаманское (2–10).