

**Биоразнообразие бактериальных матов железосодержащих источников  
Калининградского региона**

**Супрунов Евгений Евгеньевич**  
*Студент (специалист)*

Балтийский федеральный университет имени Иммануила Канта, Химико-биологический институт, Калининград, Россия  
*E-mail: eugene\_es@outlook.com*

Некоторые группы бактерий используют окисление соединений железа в качестве основного источника энергии. Железоокисляющие бактерии составляют основную группу, представленную во многих наземных экосистемах, включая пресноводные источники воды [2, 3]. На территории Калининградского региона с конца XIX века известно несколько пресноводных железосодержащих источников, которые в настоящее время не используются. Они богаты двухвалентным железом, которое окисляется сообществами бактериальных матов. В состав которых входит множество различных таксономических групп, включая бактерий Zeta и Gammaproteobacteria, Actinobacteria, а также среди Archaea в типах Euryarchaeota. Изучение подобных пресных экосистем помогает понять детальнее биогеохимическую динамику железа в природных отложениях, и разнообразие таксономических групп прокариот, осуществляющих восстановление трехвалентного железа. Также исследование схожих местообитаний позволяет расширить наше понимание о функционировании о хемолитоавтотрофных бактериальных матов. Помимо всего, восстановление железа играет важную роль в разложении органических загрязнителей и биоремедиации токсичных соединений металлов [1].

Для профилирования микробных сообществ железосодержащих источников было взято 6 проб из четырёх географических точек Калининградской области: Две из города Калининград, одна из приморского города Светлогорск и четвертая из п. Краснолесье на юго-востоке области. Образцы шести бактериальных матов транспортировали в лабораторию микробиологии и биотехнологии БФУ им. И. Канта, где полученная тотальная ДНК была выделена с помощью набора Quick-DNA Fecal/Soil MicroPrep Kit Zymo Research USA. Библиотека ампликонов V4 переменного участка 16S рРНК была использована для секвенирования на платформе Illumina MiSeq. Таксономические данные обрабатывались в программной среде Quime2 с использованием базы данных Silva.

По результатам профилирования микробных сообществ железосодержащих источников были выявлены таксономические группы, относящиеся к типам: Actinobacteria, Desulfobacter, Bacilli, Cyanobacteria, Proteobacteria, Alphaproteobacteria, Nitrospiria, Gammaproteobacteria, Desulfuromonadia. Среди преобладающих типов выделяется гаммапротеобактерия рода Gallionella и цианобактерия рода Tychonema CCAP 1459-11B. Gallionella, это род семейства Gallionellaceae, являющийся одним из типовых представителей железоокисляющих бактерий, живущие в условия низкого содержания кислорода и играющие важную роль в окислении и фиксации железа в природе. Tychonema CCAP 1459-11B, это род семейства Rhormidiaceae являющиеся важным компонентом пресноводных экосистемы, ответственные за выработку анатоксина-а (АТХ).

**Источники и литература**

- 1) Emerson D. The role of iron-oxidizing bacteria in biocorrosion: a review. Biofouling. 2018 Oct;34(9):989-1000. doi: 10.1080/08927014.2018.1526281

- 2) Makita H. Iron-oxidizing bacteria in marine environments: recent progresses and future directions. *World J Microbiol Biotechnol.* 2018 Jul 4;34(8):110. doi: 10.1007/s11274-018-2491-y
- 3) Singh, V.K., Singh, A.L., Singh, R. et al. Iron oxidizing bacteria: insights on diversity, mechanism of iron oxidation and role in management of metal pollution. *Environmental Sustainability* 1, 221–231 (2018). doi: 10.1007/s42398-018-0024-0