

**Разнообразие микроорганизмов, населяющих донные отложения
Кандалакшского залива Белого моря, и структура их сообществ*****Бадмадашиев Доржи Владимирович****Аспирант*

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

E-mail: dbadmadashiev@gmail.com

Белое море является единственным внутренним морем российской Арктики; оно отличается малой средней глубиной - 60 м. В Кандалакшском заливе располагается самая глубокая точка моря - 343 м. Температура воды в заливе на глубине ниже 15 м может достигать -1.5 °С, а мощность отложений - десятков метров [1]. Имеющиеся данные по микробным сообществам донных отложений Белого моря довольно скудны. Большинство работ содержат исследования состава микробных сообществ в ассоциированных с Кандалакшским заливом меромиктических водоемах. В настоящей работе мы попытались оценить разнообразие микроорганизмов в сообществах и их структуру, а также выявить основные метаболические функции микроорганизмов, населяющих донные отложения Белого моря.

Образцы донных отложений были отобраны на территории пролива Великая Салма с помощью гравитационной трубы, из слоев, располагающихся на глубине 10 см ниже поверхности дна.

Анализ таксономической структуры прокариотных сообществ производился методом NGS профилирования по вариабельным участкам генов 16S рРНК. Обработку результатов производили с помощью QIIME2 [2].

Количество обнаруженных ОТЕ составляло от 277 до 991 в образце, а индекс разнообразия Шеннона имел разброс значений от 7.45 до 9.00. Таксономическая структура прокариотных сообществ донных отложений показала, что наибольшую долю среди филумов домена *Bacteria* (91.41-99.09%) занимали *Proteobacteria* (18.00-54.88%) и *Desulfobacterota* (8.00-42.62%), совокупно занимающие около половины от всего обилия обнаруженных ОТЕ. Среди представителей *Archaea* (до 8.55%) преобладали филумы *Crenarchaeota* (*Nitrosopumilus* - 9-88% от всего обилия *Archaea*) и *Nanoarchaeota* (*Woeseearchaeales* - 12-73% от всего обилия *Archaea*) и составляли в сумме до 99% от всех последовательностей, отнесенных к домену *Archaea*. Среди наиболее распространенных таксонов хемогетеротрофных организмов следует отметить *Woeseia* (до 7.54%), *Colwellia* (до 7.47%) и некультивируемую *Sandaracinaceae* (до 10.76%). Самым многочисленным микроорганизмом, вовлеченным в круговорот азота, был *Nitrosopumilus* (до 6.91%). Также была высока доля сульфатредуцирующих бактерий, среди которых наиболее обильными были представители групп SEEP-SRB1 (*Desulfobacterota*, до 7.02%) и Sva0081 (*Desulfobacterota*, до 5.92%). Многочисленными были представители сероокисляющих бактерий родов *Sulfurovum* (до 15.46%) и *Thiohalophilus* (до 7.01%).

Таким образом, полученные данные по таксономическому составу и α -разнообразию свидетельствуют о высоком разнообразии прокариот, населяющих донные отложения Кандалакшского залива, а также об активно протекающих там процессах циклов углерода, азота и серы, которые, несомненно, связаны между собой.

Источники и литература

- 1) Berger V. Y., Naumov A. D. General features of the White Sea //Berichte Polarf. 2000. Т. 359. – С. 3-9.

- 2) Bolyen E. et al. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2 //Nature biotechnology. 2019. Т. 37. №. 8. С. 852-857.