

Глубинные микробные сообщества железовосстанавливающих бактерий в озере Байкал

Захарюк А.Г., Щербакова В.А.

ФИЦ «Пушинский научный центр биологических исследований РАН»,
Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрябина РАН;
kuran82@mail.ru

В настоящее время уже не вызывает сомнения тот факт, что железо является неотъемлемым физиологическим требованием для жизни, а для многих микроорганизмов его роль выходит далеко за рамки метаболической необходимости. Сделано много принципиально важных открытий, способствующих пониманию роли железовосстанавливающих бактерий (ЖВБ) в природных микробных сообществах. Тем не менее, большая часть результатов получена для мезофильных либо термофильных условий и в отсутствие какого-либо стресса. Вопрос о филогенетическом составе, метаболических особенностях и механизмах формирования микробных железовосстанавливающих сообществ в низкотемпературных эконивах остается малоизученным и актуальным. Изучение донных осадков оз. Байкал, проводимые нами последние несколько лет, показали, что в данных экосистемах с постоянно низкой положительной температурой активно идет микробиологический процесс восстановления растворимых комплексов трехвалентного железа. Настоящая работа является продолжением этих исследований по изучению биоразнообразия анаэробных железовосстанавливающих сообществ, выделению чистых культур, определению их экофизиологических характеристик и роли в формировании устойчивых микробных сообществ.

В качестве объекта исследования была взята проба поверхностных донных отложений, отобранная в северной части оз. Байкал с глубины 409 м (4°C, pH 7.03). В результате длительной инкубации пробы в темноте при 5, 15 и 20°C с цитратом Fe(III), в качестве акцептора электронов, и формиатом, в качестве донора электронов, было получено несколько накопительных культур ЖВБ. Детальный анализ активностей накопительных культур показал, что сформировавшееся микробное сообщество одной накопительной культуры при 15°C способно к диссимиляционному восстановлению растворимых комплексов Fe(III), сопряженному с окислением формиата. Данная накопительная культура ЖВБ представляла для нас особый интерес и была выбрана для дальнейших экспериментов. На твердой среде в анаэробных условиях накопительная культура образовывала отдельные мелкие колонии черного цвета. В результате переноса отдельных колоний в жидкую среду того же состава, была получена чистая культура ЖВБ – штамм Bk11. Клетки штамма представлены Г(-) подвижными палочками. С лактатом в качестве донора электронов, штамм Bk11 восстанавливал аморфную гидроокись окисного железа (АГОЖ) и хинон (AQDS).

Анализ нуклеотидной последовательности гена 16S рРНК штамма Bk11 выявил, что изолят принадлежит к роду *Pelosinus*. Его ближайшими родственниками являлись виды *P. fermentans* (99.17% сходства), *P. propionicus* (99.05% сходства) и *P. defluvii* (97.03% сходства). Род *Pelosinus* был описан в 2007 году для определения таксономического положения новой бактерии, принадлежащей к группе *Sporomusa–Pectinatus–Selenomonas* филума *Firmicutes*, семейства *Sporomusaceae* (Shelobolina et al., 2007). На сегодняшний день описано три вида рода *Pelosinus*, выделенных из различных природных и антропогенных мест, расположенных в разных странах (Moe et al., 2012). Все виды данного рода мезофильные спорообразующие анаэробы, способные восстанавливать растворимые комплексы Fe(III) при наличии в среде сбраживаемого субстрата. Как и другие ферментативные бактерии, они используют трехвалентное железо для стока электронов.

Филогенетический анализ показал, что выделенный штамм Bk11 кластеризуется с двумя видами рода *Pelosinus*, образуют при этом отдельную ветвь (рис. 1).

Дальнейшее изучение выделенной нами чистой культуры ЖВБ позволит более полно сказать о ее физиологических особенностях и роли в железовосстанавливающем микробном сообществе низкотемпературных донных отложений пресноводных экосистем.

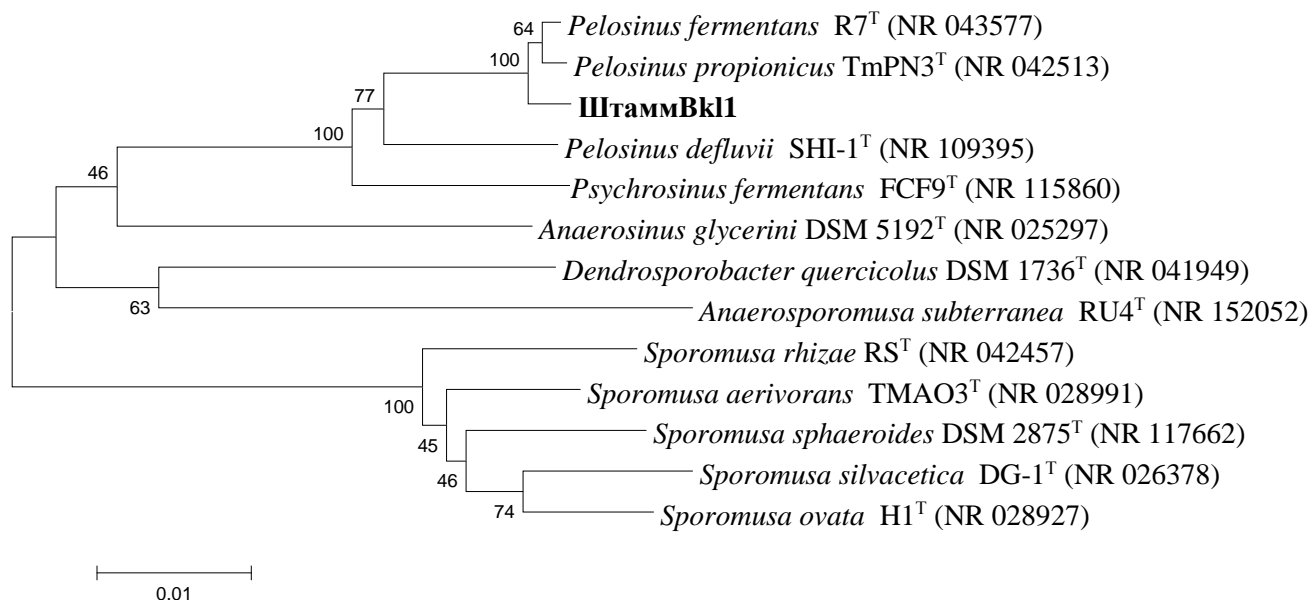


Рис. 1. Филогенетическое древо (метод Neighbor-Joining), построенное на основе анализа нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК, показывающее положение штамма Bk11 среди представителей семейства *Sporomusaceae*. Масштаб соответствует 1 нуклеотидной замене на каждые 100 нуклеотидов. Данные “bootstrap”-анализа указаны в узлах ветвления.

Литература

1. Shelobolina E. S., Nevin K. P., Blakeney-Hayward J. D., Johnsen C. V., Plaia T. W., Krader P., Woodard T., Holmes D. E., VanPraagh C. G and D. R. Lovley. *Geobacter pickeringii* sp. nov., *Geobacter argillaceus* sp. nov. and *Pelosinus fermentans* gen. nov., sp. nov., isolated from subsurface kaolin lenses // IJSEM. 2007. V. 57. P. 126 – 135.
2. Moe W. M., Stebbing R. E., Rao J. U., Bowman K. S, Nobre M. F., M. S. da Costa and Rainey F. A. *Pelosinus defluvii* sp. nov., isolated from chlorinated solvent-contaminated groundwater, emended description of the genus *Pelosinus* and transfer of *Sporotalea propionica* to *Pelosinus propionicus* comb. nov. // IJSEM. 2012. V. 62. P. 1369 – 1376.