

Функциональная метагеномика альго-бактериальных сообществ северных регионов методами высокопроизводительного секвенирования

Научный руководитель – Зайцев Пётр Андреевич

Ладнов Эдуард Олегович

Студент (бакалавр)

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

E-mail: eduardladnov@gmail.com

В современной микробной экологии и эколобиотехнологии важную роль занимают альго-бактериальные сообщества (АБС) — устойчивые системы из сожителяствующих оксигенных фототрофных микроорганизмов (ОФМ) и гетеротрофных микроорганизмов, вступающих с ними в симбиотические отношения. АБС с определенными свойствами может быть эффективно применено для очистки и биоремедиации сточных вод, производства биодобровений, биотоплива и ценных вторичных метаболитов [1]. Их поиск становится возможным благодаря современным технологиям высокопроизводительного секвенирования 2-го и 3-го поколений: second-generation sequencing (SGS) и third generation sequencing (TGS) соответственно [2].

Целью данной работы был анализ функционального потенциала АБС из северных регионов для использования при очистке бытовых сточных вод от избытка биогенных элементов.

Образцы АБС в северных регионах были собраны из водоемов близ второй апатито-нефелиновой обогатительной фабрики (АНОФ-2), а также в окрестностях Беломорской биологической станции имени Н.А. Перцова, и сравнивались с АБС из водоочистных сооружений города Звенигорода. Полный метагеном АБС был отсеквенирован технологиями SGS на платформе BGI и TGS на платформе Oxford Nanopore (ONT) соответственно. Сборку коротких чтений BGI провели алгоритмом metaSPAdes, а длинных чтений ONT — с помощью Flye. Кроме того, была сделана гибридная сборка из коротких и длинных чтений в metaSPAdes. Биннинг осуществляли в программе MetaBat2, а оценку качества бинов — в CheckM2, после чего для бинов проводили таксономическую классификацию в CAT tools. Структурную аннотацию бинов прокариот проводили в программе Prodigal, в то время как эукариотические бины аннотировали с помощью Augustus. Структурно размеченные геномы функционально аннотировали с помощью InterProScan2.

Результаты показали, что высокое качество коротких чтений при их гибридной сборке с длинными чтениями даёт большее таксономическое разрешение, позволяя оценивать участие минорных видов АБС. Ввиду ограниченности существующих биоинформатических алгоритмов в отношении эукариотических микроводорослей анализ их представленности в АБС по метагеномным данным остаётся сложной задачей, требующей комплексного подхода к её решению. Функциональный анализ таких результатов позволил более полно оценить вклад в биоизъятие биогенных элементов для прокариотической составляющей АБС, чем для эукариотической.

Источники и литература

- 1) Karunakaran E., Mukherjee J., Ramalingam B., Biggs C.A. “Biofilmology”: a multidisciplinary review of the study of microbial biofilms // Applied Microbiology and Biotechnology. 2011. V. 90. P. 1869–1881.

- 2) Zaytsev P.A., Rodin V.A., Zaytseva A.A., Zvereva M.I., Solovchenko A.E. Advances of high-throughput sequencing for unraveling biotechnological potential of microalgal-bacterial communities // Journal of Applied Phycology. 2024. V. 36. P. 1901–1919.