



Санкт-Петербургский
государственный университет



ИЭРиЖ
ИНСТИТУТ ЭКОЛОГИИ
РАСТЕНИЙ И ЖИВОТНЫХ



РАЗНООБРАЗИЕ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ ПОЧВ ЯМАЛО- НЕНЕЦКОГО АВТОНОМНОГО ОКРУГА: ТАКСОНОМИЧЕСКИЙ СОСТАВ И ПРОСТРАНСТВЕННО-ВЕРТИКАЛЬНАЯ ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ

Кушнов И.Д..(1), Низамутдинов Т.И.(1), Гладков Г.В.(2), Кимеклис А.К.(1,2), Абакумов Е.В.(1,2)

(1) Санкт-Петербургский государственный университет, г. Санкт-Петербург

(2) Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, г. Санкт-Петербург

Актуальность и цель исследования

- Почвенные микробные сообщества субарктических тундр являются ключевыми регуляторами биогеохимических циклов углерода и азота полярных территорий
- ЯНАО расположен в зоне распространения многолетнемерзлых пород и может являться модельным регионом для изучения вертикальной и пространственной структуры почвенных микроорганизмов
- Изменение климата в Арктике ускоряет протаивание многолетнемерзлых пород, что напрямую затрагивает активность и состав микробных сообществ, участвующих в разложении органического вещества

Цель работы: охарактеризовать разнообразие и состав микробных сообществ репрезентативных почв полуострова Ямал, оценить роль глубины и пространственного положения в их дифференциации

Разнообразие почв и ландшафтов ЯНАО



Кольцо пучения



Криозем
легкосуглинистый



Бурозем ожелезненный



Петрозем
глееватый



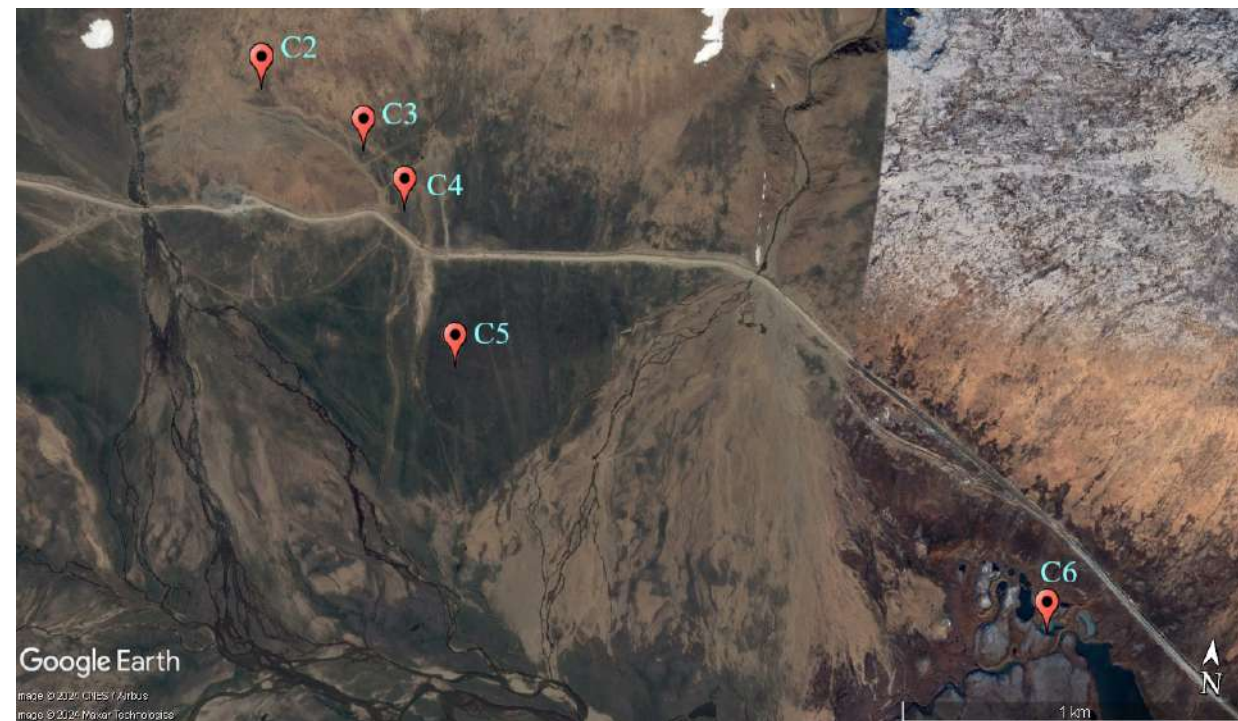
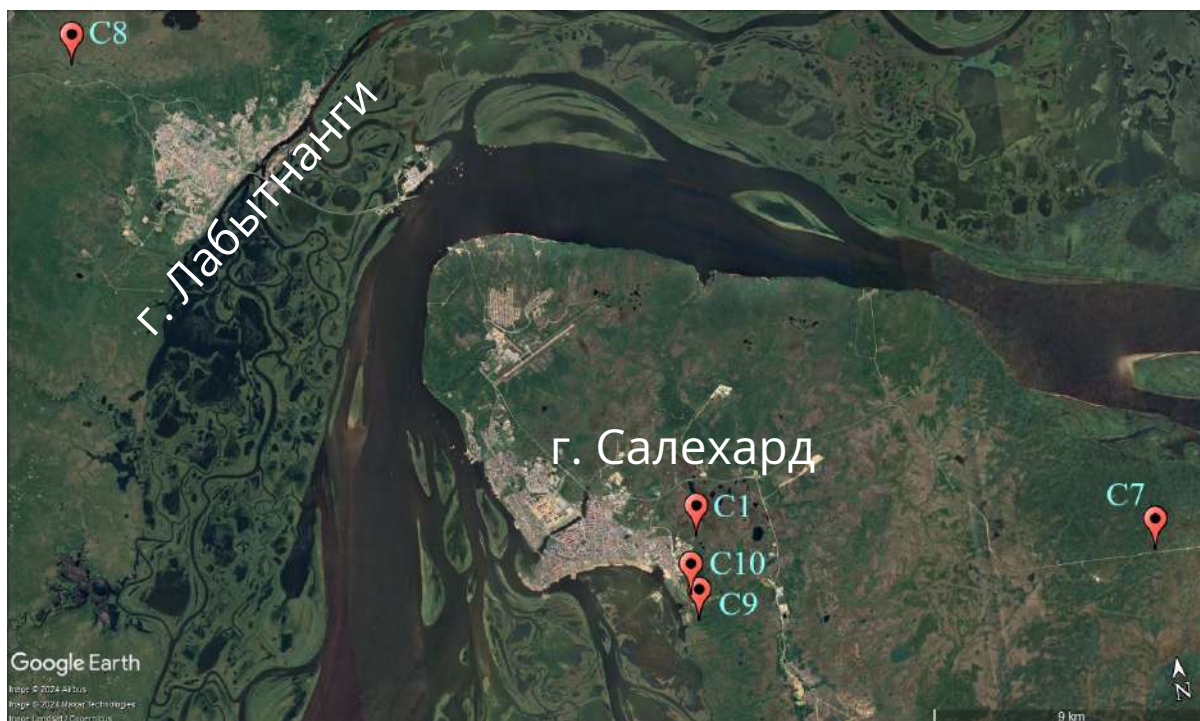
Глеезем суглинистый



Криозем окисленно-глеевый



Географическое положение территорий исследования



Участки отбора:

1. Салехард – правобережье р. Обь
2. Лабытнанги – левобережье р. Обь
3. Горный массив Рай-Из – горная тундра Полярного Урала

Контраст высот, промывных условий и горных пород обеспечивает широкий диапазон условий
почвообразования

Исследуемые почвы



Подзол иллювиально-
железистый поверхностно
турбированный



Торфяная эутрофная
мерзлотная



Подзол поверхностно-
турбированный

Исследуемые почвы



Серогумусовая глеевая



Петрозем типичный



Криозем глееватый

Материалы и методы исследования

- Отбор проб почв с доставкой в лабораторию в замороженном состоянии
- Секвенирование гена 16S рРНК на платформе Illumina
- Биоинформатическая обработка в программной среде R
- Таксономическая классификация по базе данных SILVA 138.1
- Анализ таксономического состава на нескольких уровнях
- Оценка альфа-разнообразия по числу наблюдаемых ASV, индексу Шеннона и обратного индекса Симпсона
- Оценка бета-разнообразия с использованием индекса Брея-Кертиса

5 типов почв
3 участка
исследования

589 953
нуклеотидов
(объём библиотек
16S рРНК)

4 818
ампликонных
вариантов
последовательностей
(ASV)

Альфа-разнообразие в верхней и нижней частях профилей

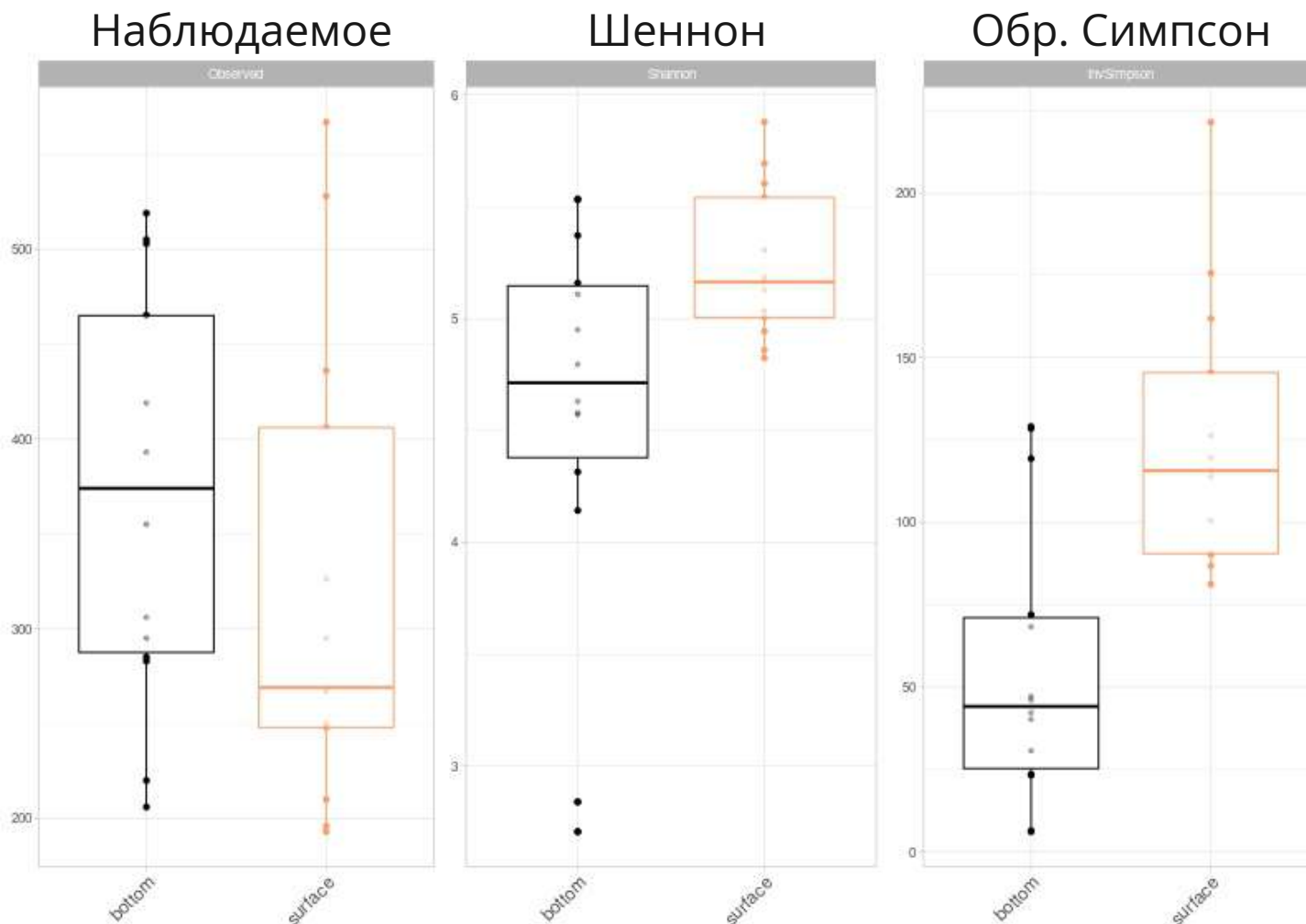
В нижних горизонтах видовое богатство в среднем выше: ~370 ASV против ~265 ASV в поверхностных

Индексы Шеннона и обратный индекс Симпсона, напротив, выше в поверхностных горизонтах

Нижние горизонты характеризуются более высоким таксономическим богатством, а поверхностные более высокой выровненностью сообщества

Высокий разброс значений между образцами

Вертикальные различия обусловлены типом почвы и локальными условиями среды

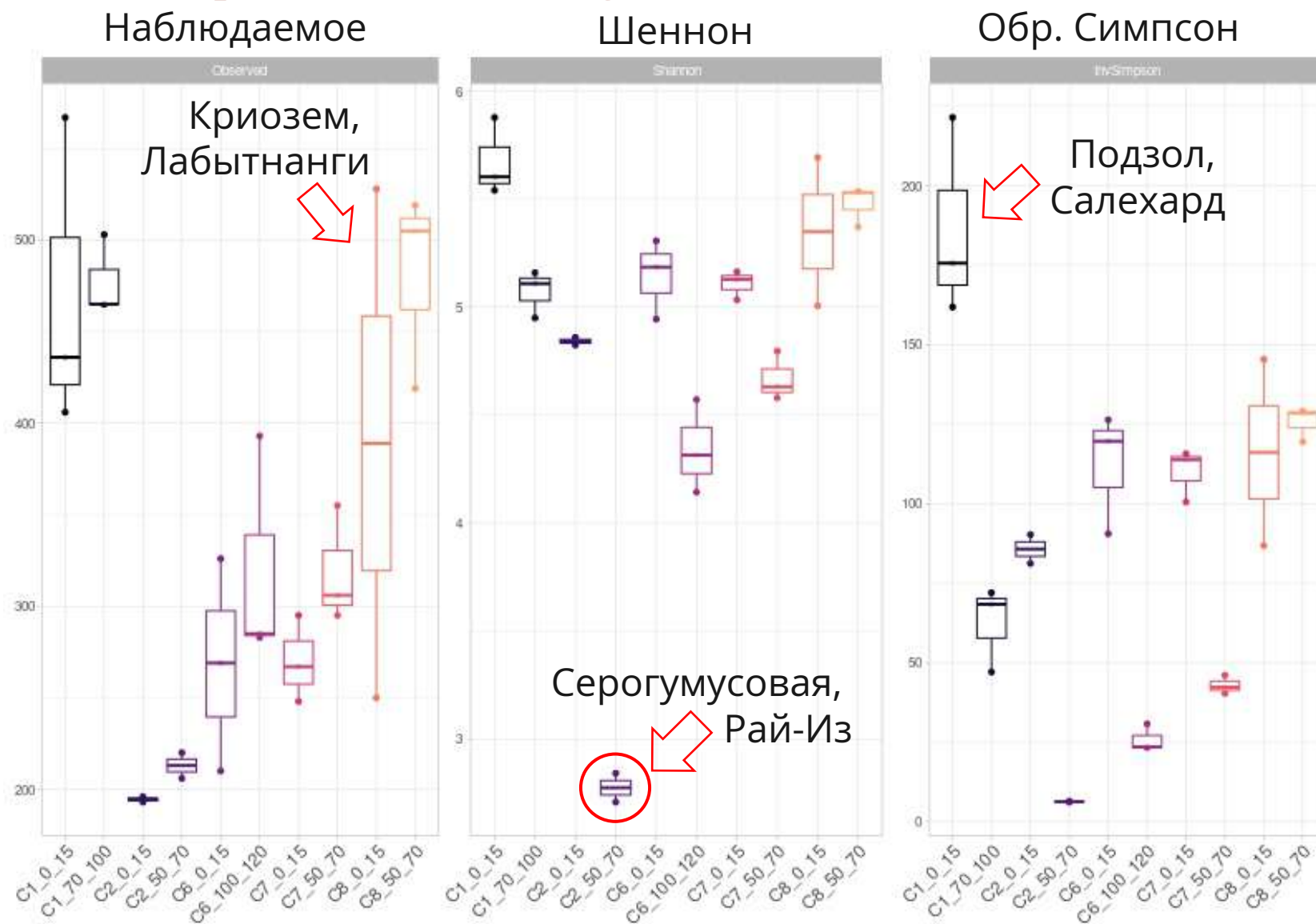


Альфа-разнообразие по горизонтам и участкам

Максимальные значения всех индексов отмечались в подзоле Салехарда (C1)

Минимальное значение отмечалось в горных серогумусовых почвах Рай-Из (C2)

Высокая вариабельность значений, в особенности в криоземах и торфяных почвах, отражает микроландшафтную мозаичность тундровых почв



Анализ бета-разнообразия (Брей-Кертис, NMDS)

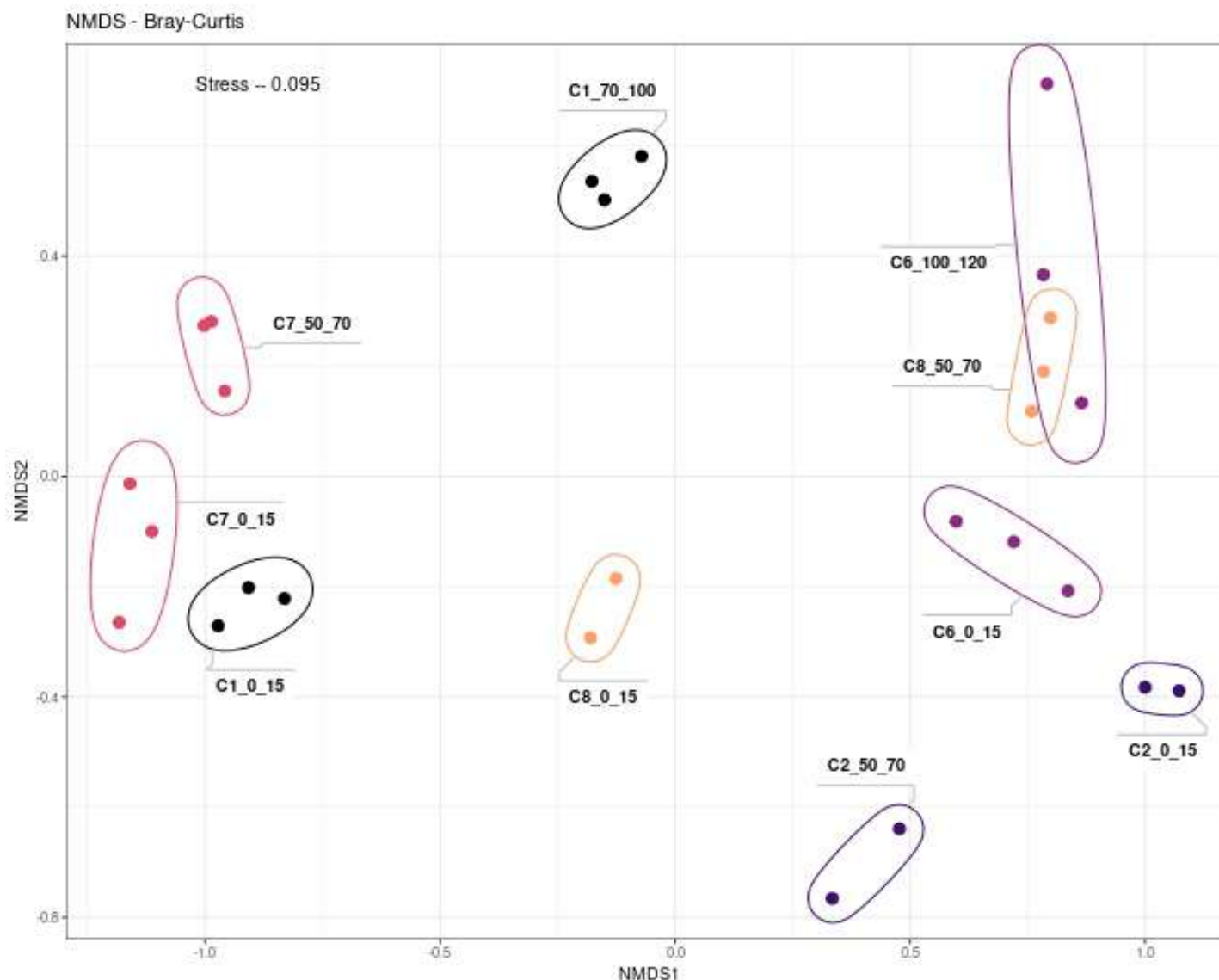
Качество ординации = 0,095

Поверхностные и нижние горизонты различаются по полному составу микробных сообществ

Глубина является важным фактором структурирования микробных сообществ

Нижние горизонты почв горного массива Рай-Из и Приобья сходны, несмотря на пространственную удалённость

Сходство условий формирования горизонта может быть важнее географического расстояния между участками



Таксономическая структура на уровне фил, с детализацией Pseudomonadota до классов

Во всех профилях доминируют Actinobacteriota, Proteobacteria классов Alphaproteobacteria и Gammaproteobacteria, а также Acidobacteriota, Chloroflexota и Bacteroidota

Вертикальная дифференциация почв сопровождается сменой доминирующих фил и классов микроорганизмов, однако направление этих изменений зависит от конкретного типа почвы и ландшафтной позиции

	C1		C2		C6		C7		C8	
Bacteria; Actinobacteriota	24	11.3	50.4	7.4	35	18.4	27.6	36.9	19	29.1
Bacteria; Alphaproteobacteria	16.2	10.7	2.6	30.5	12.2	1	19	20.9	21.4	4.3
Bacteria; Acidobacteriota	20	13.1	1.6	0.7	8.8	9	23.2	9.7	13.5	12.2
Bacteria; Chloroflexota	10.5	33.4	18.2	0.9	8.1	7.6	1	0.9	3.5	21.4
Bacteria; Bacteroidota	2.7	6.4	1.5	42.5	2.4	22.1	2.4	9	5.7	4.3
Bacteria; Gammaproteobacteria	6.5	5.1	4.6	12.9	8	20.2	7.3	4.4	14.6	8.8
Bacteria; Verrucomicrobiota	7.3	6.3	3.4	0.1	10.5	2.1	5.3	2.6	9	3.7
Bacteria; Gemmatimonadota	0.1	2.1	6.3	0.2	2.3	14.1	0.2	3.8	0.7	7.2
Bacteria; Planctomycetota	6	2.2	0.8	0.1	0.6	0.1	6.1	1	4.9	0.9
Bacteria; Patescibacteria	0.8	2.1	0.1	0.1	0.2	1.7	1.6	5.7	1.8	2.5
Archaea; Thermoproteota	0.2	0.5	6.1	0.1	7.4	0.2	0.1	0	0	0.9
Bacteria; Myxococcota	1.5	0.4	0.5	0	0.9	1	1	0.2	3	0.6
Bacteria; WPS-2	1.7	0.3	0	0	0	0	3.5	1.8	0.2	0
Bacteria; Bacillota	0.1	1.5	0.4	2.6	0.1	1.3	0.2	0.4	0.1	0.1
Bacteria; Methylomirabilota	0	0.4	2.2	0.1	1.2	0.1	0	0	0	1
Bacteria; Dependitiae	0.7	0.4	0	0.1	0	0.1	0.4	1.4	0.6	0.1
Bacteria; Thermodesulfobacteriota	0	0	0.6	0	0.5	0.5	0	0	0	1.4
Remaining taxa (42)	1.8	3.7	0.8	1.6	1.7	0.4	1.3	1.3	2.1	1.6
	C1_0_15	C1_70_100	C2_0_15	C2_50_70	C6_0_15	C6_100_120	C7_0_15	C7_50_70	C8_0_15	C8_50_70

Таксономическая структура микробных сообществ на уровне рода

Род *Helimonas* достигает 36,3% в нижнем горизонте серогумусовой почвы (Рай-Из)

В нижнем горизонте криозема (Рай-Из) возрастает доля рода *Bacteroidetes* до 14,1%

Поверхностные и нижние горизонты различаются по соотношению доминирующих родов

Каждый профиль характеризуется уникальным сочетанием доминирующих таксонов

«Прочие» таксоны составляют от 48,7 % до 72,4% общего обилия

На уровне рода пространственно-вертикальная дифференциация микробиома выражена особенно отчётливо

	C1		C2		C6		C7		C8	
Bacteroidota; Helimonas-	0	2.6	0	36.3	0	0.4	0	0	0	0
Actinobacteriota; Acidothermus-	10.5	0	0	0	0	0	8.6	0.5	3.5	0
Verrucomicrobiota; Candidatus Udaeobacter-	0.4	4	3	0	9.2	0.5	0	0	3.2	2
Bacteroidota; f__Bacteroidetes vadinHA17_Seq4-	0	0	0	0	0	14.1	0	0	0	0
Actinobacteriota; Conexibacter-	4.8	1.1	0.5	0.1	1.3	0.1	2.7	2.1	1.1	0
Actinobacteriota; Gaiella-	0	0.4	4.4	0.2	2.8	1.1	0	0	0.3	5.5
Pseudomonadota; Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia-	0	0.5	0	8.9	0	0.1	1.4	0.1	4.7	0
Pseudomonadota; Ellin6055-	0	1.5	0	13.9	0.1	0.2	0	0	0	0
Gemmatimonadota; f__Gemmatimonadaceae_Seq6-	0	0	0	0	0	9.9	0	0	0	0.8
Pseudomonadota; f__Xanthobacteraceae_Seq5-	1.2	0.9	0.2	0.1	1	0	1.9	2.2	4.2	0.2
Acidobacteriota; Bryobacter-	2.3	1	0	0.1	0.1	0	1.6	1.3	5.4	0
Bacteroidota; Puia-	1.2	0.9	0	5.9	0.1	0.1	1.1	0.3	3	0.1
Acidobacteriota; RB41-	0.1	3.2	0.3	0.1	3.7	0.3	0	0	0.1	1.9
Acidobacteriota; Candidatus Solibacter-	2.2	1	0.1	0.1	0.4	0	1.8	1.9	0.8	0.2
Pseudomonadota; Bradyrhizobium-	1.8	0.4	0	4.7	0.8	0.1	0	0.6	1.7	0
Actinobacteriota; c__Acidimicrobia_Seq18-	0	0	0	0	0	0	0.2	7.6	0	0
Chloroflexota; c__AD3_Seq15-	0	7.7	0	0	0	0	0	0	0	0
Pseudomonadota; Roseiarcus-	1.9	0	0	0	0	0	4.5	0.2	0.7	0
Actinobacteriota; c__Acidimicrobia_Seq22-	0.1	0	0	0	0	0	0.4	6.2	0	0
Pseudomonadota; Pseudolabrys-	0.2	1.2	0	0	0.4	0	0	4.3	0.1	0
Verrucomicrobiota; Candidatus Xiphinematobacter-	2.8	0	0	0	0.1	0	1.7	0	1.5	0
Acidobacteriota; Occallatibacter-	0.3	0	0	0	0	0	2.3	2.8	0.1	0
Acidobacteriota; Granulicella-	0.2	0	0	0	0	0	2.2	2.6	0.6	0
Chloroflexota; c__AD3_Seq28-	0	5.3	0	0	0	0	0	0	0	0
Actinobacteriota; Oryzihumus-	0.2	0	0	0	0.4	1.5	0	1.4	0	1.7
Acidobacteriota; Acidipila-Silvibacterium-	0.6	0	0	0	0	0	4	0.1	0.3	0
Pseudomonadota; Aminobacter-	0	0.6	0	6.2	0	0.1	0	0	0.2	0
Pseudomonadota; GOUTA6-	0	0.6	0	0	0.4	3.6	0	0	0	0.2
Chloroflexota; c__KD4-96_Seq101-	0	0	3	0.1	1.6	0.3	0	0	0.1	0.6
Actinobacteriota; c__MB-A2-108_Seq94-	0	0	3.2	0.1	0.8	0.2	0	0	0	1.4
Pseudomonadota; o__Burkholderiales_Seq31-	0	0.4	0	0	0	4.1	0	0	0	0
Pseudomonadota; Ellin6067-	0.1	0	0.2	0	0.4	0.2	0	0	1.8	2.2
Bacteroidota; Mucilaginibacter-	0.5	0	0	0	0	0	0.8	2.5	0.6	0
Actinobacteriota; o__Gaiellales_Seq38-	0	0	0	0	0	0	0	3.7	0.8	0
Actinobacteriota; Solirubrobacter-	0	0	0	0.1	2.6	0.3	0	0	0.1	1.1
Pseudomonadota; Phenyllobacterium-	0.4	0.3	0	3.4	0	0	0.1	0.2	1	0
Actinobacteriota; f__Solirubrobacteraceae_Seq21-	1.7	1.3	0	0	0	0	0.6	0.3	0.1	0
Chloroflexota; c__KD4-96_Seq71-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3.9
Pseudomonadota; o__WD260_Seq77-	1.2	0	0	0	0	0	1.2	0.7	0.8	0
Gemmatimonadota; Gemmatimonas-	0	0	0.4	0	0	0	0	2.8	0.5	0.2
Thermoproteota; f__Nitrososphaeraceae_Seq177-	0	0	1.6	0	2.5	0.1	0	0	0	0
Gemmatimonadota; f__Gemmatimonadaceae_Seq73-	0	1.9	1.9	0	0.2	0	0	0	0	0.2
Pseudomonadota; MND1-	0	0	0.5	0.1	0.3	0.2	0	0	0.2	2.5
Gemmatimonadota; f__Gemmatimonadaceae_Seq82-	0	0	0	0	0.1	0.1	0	0	0	3.4
Chloroflexota; c__Gilt-GS-136_Seq90-	0	0.2	0.4	0.1	0.7	0.3	0	0	0	2
Actinobacteriota; o__Gaiellales_Seq205-	0	0	4.5	0.2	0.3	0.1	0	0	0	0
Actinobacteriota; CL500-29 marine group-	0	0	0.1	0	1	0.8	0	0	0.5	1.1
Actinobacteriota; c__Acidimicrobia_Seq86-	0	0	0	0	0	0	1	2.3	0	0
Actinobacteriota; Microlunatus-	0	0	2.5	0	1.4	0.2	0	0	0	0
Patescibacteria; o__Saccharimonadales_Seq59-	0	0	0	0	0	0	0	3.3	0	0
Thermoproteota; f__Nitrososphaeraceae_Seq188-	0	0	0	0	3.2	0.1	0	0	0	0
Planctomycetota; Aquisphaera-	0.7	0	0	0	0	0	2.3	0.1	0	0
Actinobacteriota; c__MB-A2-108_Seq50-	0	0	0	0	0	3.1	0	0	0	0
Acidobacteriota; o__Vicinamibacteriales_Seq57-	0	0	0	0	0	2.8	0	0	0	0.2
Verrucomicrobiota; Chthoniobacter-	0.4	0.5	0.3	0	0.3	0	0.7	0	0.9	0.2
Actinobacteriota; Amycolatopsis-	0	0.1	0	4	0	0	0	0	0	0
Verrucomicrobiota; Opitutus-	0.5	0	0	0	0.2	0.9	0.7	0.1	0.4	0.1
Actinobacteriota; Cryobacterium-	0	0	0	0	0	2.7	0	0	0	0
Pseudomonadota; Sideroxydans-	0	0	0	0	0	2.6	0	0	0	0
Pseudomonadota; Hyphomicrobium-	0.1	0	0.6	0	1.4	0.1	0	0.1	0.3	0.3
Remaining taxa (3402)-	63.9	62.2	72.4	15.3	62.1	48.7	58.3	49.2	60.2	67.6
	C1_0_15_	C1_70_100_	C2_0_15_	C2_50_70_	C6_0_15_	C6_100_120_	C7_0_15_	C7_50_70_	C8_0_15_	C8_50_70_

Сравнение с данными из других исследований

Альфа-разнообразие в мерзлотных почвах преимущественно снижается с глубиной, но эти изменения зависят от типа почвы, гидрологического режима и свойств горизонта

Филы Pseudomonadota и Actinobacteriota являются важными компонентами мерзлотных микробиомов, в среднем составляя 41 % и 20 % сообщества

Для глубоко залегающих горизонтах мерзлотных почв характерно снижение разнообразия и доминирование анаэробных спорообразующих Bacillota, что связано с длительной изоляцией, дефицитом элементов питания и восстановительными условиями

Почвы Ямала в данном исследовании демонстрируют выраженную вертикальную дифференциацию микроорганизмов с локальной спецификой – доминирование *Helimonas* в горном участке и выраженное различие между типами почв



Applied and
Environmental Microbiology®

MICROBIAL ECOLOGY
August 2019 Volume 85 Issue 15 e00560-19
<https://doi.org/10.1128/AEM.00560-19>

Predominance of Anaerobic, Spore-Forming Bacteria in Metabolically Active Microbial Communities from Ancient Siberian Permafrost

Renxing Liang^a, Maggie Lau^{a,*}, Tatiana Vishnivetskaya^{b,c}, Karen G. Lloyd^b, Wei Wang^d, Jessica Wiggins^d, Jennifer Miller^d, Susan Pfiffner^b, Elizaveta M. Rivkina^c, Tullis C. Onstott^a



ARTICLE OPEN



Permafrost microbial communities and functional genes are structured by latitudinal and soil geochemical gradients

Mark P. Waldrop^{1,ES}, Christopher L. Chabot², Susanne Liebner^{3,4}, Stine Holm³, Michael W. Snyder², Megan Dillon², Steven R. Dudgeon², Thomas A. Douglas^{5,6}, Mary-Cathrine Leewis², Katey M. Walter Anthony⁸, Jack W. McFarland¹, Christopher D. Arp⁸, Allen C. Bondurant⁸, Neslihan Tas⁹ and Rachel Mackelprang^{2,ES}

© The Author(s) 2023

Ren et al. *Ecological Processes* (2022) 11:6
<https://doi.org/10.1186/s13717-021-00348-8>

Ecological Processes

RESEARCH

Open Access

Vertical distribution patterns and drivers of soil bacterial communities across the continuous permafrost region of northeastern China

Baihui Ren^{1,2}, Yuanman Hu² and Rencang Bu^{2*}



Основные результаты

Показатель	Результат
Богатство ASV: низ / верх профиля	~370 / ~265
Максимум таксономического разнообразия	подзол, окр. Салехарда
Минимум таксономического разнообразия	горные серогумусовые почвы (Рай-Из)
Доминирующие филы	Pseudomonadota, Actinobacteriota, Chloroflexota
Ключевой род-индикатор	<i>Helimonas</i> – до 36,3% в серогумусовых почвах (Рай-Из)
Доля «прочих» таксонов	до 72 % (более 3 тыс. таксонов)

Выводы

- Микробиом тундровых почв Ямала характеризуется высоким таксономическим разнообразием
- Глубина почвенного профиля является важным фактором организации микробиома, однако ее влияние неоднозначно для разных показателей разнообразия
- Вертикальная дифференциация проявляется не только в показателях альфа-разнообразия, но и в полном таксономическом составе сообществ
- Экологическое сходство горизонтов может быть важнее их пространственной удаленности
- Смена условий по профилю сопровождается перераспределением ведущих таксономических групп
- Серогумусовые почвы горного массива Рай-Из формируют наиболее специализированное сообщество с доминированием *Helimonas*



Санкт-Петербургский
государственный университет

Контакты

Кушнов Иван

i.kushnov@spbu.ru

kushnovi33@yandex.ru



ResearchGate

Благодарю
за
внимание!



Работа выполнена
в рамках проекта
РНФ № 24-44-00006