

БИОЛОГИЯ

Научная статья
УДК 579.26
DOI: 10.18101/2542-0623-2023-1-6-17

ЭКОЛОГИЧЕСКИЕ УСЛОВИЯ И ТАКСОНОМИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА ВОДЫ ХОЛОДНОГО ИСТОЧНИКА БУКСЫХЕН (СЕВЕРНОЕ ПРИБАЙКАЛЬЕ)

Т. Г. Банзаракцаева, Е. Ц. Дамбинова, В. Л. Иванов

© **Банзаракцаева Туяна Геннадьевна**
кандидат биологических наук,
Институт общей и экспериментальной биологии СО РАН
Россия, 670043, г. Улан-Удэ, ул. Сахьяновой, 6
tu yana_banz@mail.ru

© **Дамбинова Екатерина Цыдыпжаповна**
студентка,
Республиканский базовый медицинский колледж имени Э. Р. Раднаева
Россия, 670031, г. Улан-Удэ, ул. Терешковой, д. 13
ekaterina_dambinova@mail.ru

© **Иванов Владимир Львович**
аспирант,
Институт общей и экспериментальной биологии СО РАН
Россия, 670043, г. Улан-Удэ, ул. Сахьяновой, 6
vova5631@mail.ru

Аннотация. Были изучены экологические условия обитания микробных сообществ источника Буксыхен. Анализ физико-химических параметров, макрокомпонентного и микрокомпонентного состава путем кластеризации выявил распределение пяти выходов источника Буксыхен в две группы. Впервые с применением молекулярно-генетических методов было изучено таксономическое разнообразие микробных сообществ воды пяти выходов холодных источников Буксыхен (Северное Прибайкалье). Анализ молекулярно-генетических исследований показал доминирование представителей классов *Betaproteobacteria* и *Gamma**proteobacteria* филума *Proteobacteria* в воде исследуемых источников. Сравнительный анализ библиотек на уровне семейств выявил, что во всех микробных сообществах доминантами и содоминантами были представители семейства *Comamonadaceae*, процент присутствия варьировал от 19 до 41%. Наибольшие отличия в таксономическом составе были обнаружены в микробном сообществе выхода Буксыхен-глазной. Использование метода ССА позволило установить, что для большинства семейств в составе исследуемых микробных сообществ значимыми оказались факторы содержания C_{org} , температуры, минерализации, рН и макрокомпонентов. **Ключевые слова:** холодные источники, микробные сообщества, экологические факторы, макрокомпонентный состав, микроэлементный состав, таксономическое разнообразие, Прибайкалье.

Благодарности. Работа выполнена в рамках темы госзадания № 121030100229-1

Для цитирования

Банзаракцаева Т. Г., Дамбинова Е. Ц., Иванов В. Л. Экологические условия и таксономическое разнообразие микробного сообщества воды холодного источника Буксыхен (Северное Прибайкалье) // *Природа Внутренней Азии. Nature of Inner Asia*. 2023. № 1(23). С. 6–17. DOI: 10.18101/2542-0623-2023-1-6-17

Введение

Изучение пресных и слабоминерализованных источников всегда является приоритетным направлением исследований в силу исключительной значимости водных ресурсов для человечества, в том числе и гидроминеральных ресурсов, которые активно используются в бальнеологических целях. Холодные пресные и слабоминерализованные источники являются природными подземными водами, различающимися по пространственной локализации, температуре, газовому, ионно-солевому и микроэлементному составу и другим показателям, так как формируются в толще земной коры с определенными геолого-структурными, гидрогеологическими и геохимическими условиями [Трухин, 2003]. Фундаментальные исследования показывают, что в холодных источниках, различных по своим физико-химическим свойствам, в условиях постоянно низких температур активно развивается микробное сообщество [Rudolph et al., 2001, Camacho et al., 2005, Perreault et al., 2007; Perreault et al., 2008, Chaudhary et al., 2009, Li et al., 2012; Guðmundsdóttir et al., 2019].

В настоящее время собраны данные о микробных сообществах холодных источников, и известно, что микроорганизмы играют ключевую экологическую роль в их среде обитания, однако малоизучено влияние экологических условий на таксономическое разнообразие этих микробных сообществ.

Цель данной работы — изучить таксономическое разнообразие микробного сообщества воды холодных источников Буксыхен (Северное Прибайкалье) и определить влияние экологических условий на состав микробного сообщества.

Материал и методика

Объектами исследования были холодные источники Буксыхен (Северное Прибайкалье, 53°59'41.2" с. ш., 110°02'00.9" в. д.). Источники Буксыхен расположены в 375 км от г. Улан-Удэ, недалеко от административной границы района, в 500 м от трассы у северо-западного борта Баргузинской впадины. Высота над уровнем моря 604 м. Источник представлен пятью выходами, которые берут начало из-под крутого скального выступа и сливаются в единый ручей. Местные жители используют источники в бальнеологических целях.

В местах отбора проб температуру воды измеряли сенсорным электротермометром Pt10a (Португалия), кислотность среды (pH) портативным pH-метром pHer2 (Португалия), значения общей минерализации портативным тестер-кондуктометром TDS-4 (Сингапур), Eh — измерителем редокс-потенциала ORP (Португалия).

Содержания карбонатов, гидрокарбонатов определяли титрованием [Резников и др., 1970]. Катионный и анионный состав воды определяли методом капиллярного электрофореза на системе Капель-105М (Россия) в ЦКП «Прогресс» ВСГУТУ (г. Улан-Удэ), сульфиды были определены колориметрическим методом на портативном фотоколориметре DR/890 (HACH, США). Микроэлементный состав

воды определен методом ИСП-МС на приборе высокого разрешения ELEMENT 2 фирмы Finnigan MAT в ЦКП ИГХ СО РАН (г. Иркутск).

Для молекулярно-генетических исследований были отфильтрованы образцы воды всех пяти выходов источника Буксыхен: сердечный (БС), желудочный (БЖ), щитовидный (БЩ), печеночный (БП) и глазной (БГ). Из фильтров тотальную ДНК выделяли комбинированным методом, включавшим механическую гомогенизацию в сочетании с методом ферментативного лизиса [Белькова, 2009]. Чистоту ДНК контролировали с помощью электрофореза в 1% агарозном геле и фотометрии на приборе NanoDrop 8000 (“Thermo Fisher Scientific Inc.”, США). Концентрацию ДНК определяли на флуориметре Quantus (“Promega”, США) с применением набора Quanti Fluor dsDNA (“Promega”, США). Высокопроизводительное секвенирование. ДНК-библиотеки для секвенирования были созданы по протоколу Illumina (http://support.illumina.com/documents/documentation/chemistry_documentation/16s/16s-metagenomic-library-prep-guide-15044223-b.pdf) с праймерами к варибельному участку V3–V4 гена 16S рРНК S-D-Bact-0341-b-S-17 и S-D-Bact-0785-a-A-21 [Klindworth et al., 2013]. Секвенирование проводили на платформе MiSeq (“Illumina”, США) с использованием набора реактивов MiSeq Reagent Kit V3 PE600 (“Illumina”, США) в центре коллективного пользования научным оборудованием «Персистенция микроорганизмов» Института клеточного и внутриклеточного симбиоза УрО РАН.

Оценку качества прочтений проводили с использованием программы FastQC v0.11.5. На следующем этапе объединяли парно-концевые риды в контиги (объединенные риды), используя программу PEAR [Zhang, 2014]. С помощью программы USEARCH v9.0.1623_win32 [Edgar, 2010] осуществляли фильтрацию объединенных ридов по качеству и длине, используя команду `fastq_filt`. Формирование ОТЕ (операционные таксономические единицы) проводили путем последовательной дерепликации и кластеризации на уровне 97%, что соответствует межвидовым различиям, используя алгоритм UPARSE [Edgar, 2013]. В процессе кластеризации удаляли химерные последовательности. Для оценки количественной представленности полученных ОТЕ в образцах применяли глобальное выравнивание последовательностей ОТЕ на первоначальные объединенные риды. Из полученных данных исключали синглтоны и даблтоны (последовательности, встречающиеся однократно или дважды).

Статистическая обработка данных проводилась с использованием программы Past 3.14 с предварительной нормализацией переменных [Hammer et al., 2001]. Кластерный анализ проводили методом попарного внутригруппового невзвешенного среднего (UPGMA), дистанция оценивалась на основе евклидова расстояния. Для анализа связей «виды-среда» использовали канонический анализ соответствий (ССА).

Результаты и обсуждение

Экологические условия обитания микробных сообществ источника Буксыхен.

Вода в источнике характеризовалась низкими температурами — от 4,2 до 7,4°C, значения рН воды были слабощелочными и находились в пределах 8,03–8,34, значения Eh варьировали от +134 до +210 (табл. 1). Минерализация не превышала

62 мг/дм³ и согласно классификации Иванова-Невраева могут быть отнесены к слабоминерализованным водам [Иванов, Невраев, 1964]. В исследуемых водах было определено содержание органического углерода, максимальное количество $C_{\text{орг}}$ мг/дм³ было определено в пробе БГ. Вода источника Буксыхен-глазной в период отбора проб отличалась более высокой температурой, большим содержанием $C_{\text{орг}}$ и более окисленными условиями, что, вероятно, связано с низким дебитом воды, который способствовал прогреванию, накоплению органического вещества и большей насыщенности молекулами кислорода.

Таблица 1

Физико-химические параметры воды источника Буксыхен

Источники Буксыхен	T, °C	pH	M, мг/дм ³	Eh, мВ	$C_{\text{орг}}$, мг/дм ³
Сердечный (БС)	4,5	8,16	51	+151	5,6
Желудочный (БЖ)	4,2	8,34	52	+135	5,1
Щитовидный (БЩ)	4,5	8,03	51	+161	5,2
Печеночный (БП)	4,2	8,24	55	+134	5,3
Глазной (БГ)	7,4	8,09	62	+210	6,5

M — минерализация.

В макрокомпонентном составе исследуемых вод преобладал катион кальция и анион гидрокарбоната (табл. 2). Однако необходимо отметить, что в пробах воды БГ и БП были отмечены наименьшее содержание катионов относительно остальных исследуемых проб.

Таблица 2

Макрокомпонентный состав воды источника Буксыхен, мг/л

Ионы	БС	БЖ	БЩ	БП	БГ
Na ⁺	15,4	11,8	15,1	9,5	8,6
K ⁺	3,8	2,3	3,5	1,9	1,1
Ca ²⁺	71,5	55,0	73,4	42,1	15,6
Mg ²⁺	10,1	7,7	10,2	5,9	2,1
HCO ₃ ⁻	46,0	47,0	45,0	49,0	56,0
Cl ⁻	0,121	0,164	0,173	0,152	0,199
SO ₄ ²⁻	3,85	3,87	4,07	3,95	4,09
NO ₃ ²⁻	0,251	0,476	0,822	0,664	0,182
PO ₄ ³⁻	0,118	0,096	0,111	0,105	0,222

Микроэлементный состав исследуемых вод представлен в таблице 3. Анализ микрокомпонентного состава также выявил некоторые особенности. Проба воды БП в целом отличалась наименьшими содержаниями микроэлементов. Проба воды БГ характеризовалась максимальным содержанием большинства микроэлементов.

Таблица 3

Микроэлементный состав воды источника Буксыхен, мкг/л

Элементы	БС	БЖ	БЩ	БП	БГ
B	10,17	8,062	9,941	7,087*	12,12
Rb	0,3248	0,3156	0,3661	0,2764	1,077
Mo	6,924	6,113	7,617	5,366	1,640
Sn	0,1033	0,0662	0,0627	0,0709	1,928
Sb	0,2222	0,1409	0,1967	0,0394	1,570
Li	8,501	6,648	8,545	5,474	6,464
V	7,163	5,951	7,971	4,374	1,215
Cr	1,563	1,455	1,597	1,103	228,25
Mn	0,5237	1,146	0,5884	<ПО	25,72
Fe	<ПО	1,676	1,496	<ПО	1394
Ni	1,110	0,6046	0,7455	0,6188	1360
Cu	1,793	2,229	4,995	1,382	72,07
Zn	27,02	33,41	28,95	21,16	1253
Ba	42,01	32,88	40,14	27,35	13,72
Pb	1,126	0,7619	2,107	0,4209	91,22
Al	7,217	25,32	4,702	2,866	111,40
As	0,2170	0,5184	0,1781	0,0989	1,091
Sr	631,15	375,02	605,77	301,66	144,91

* жирным шрифтом отмечены максимальные и минимальные концентрации.

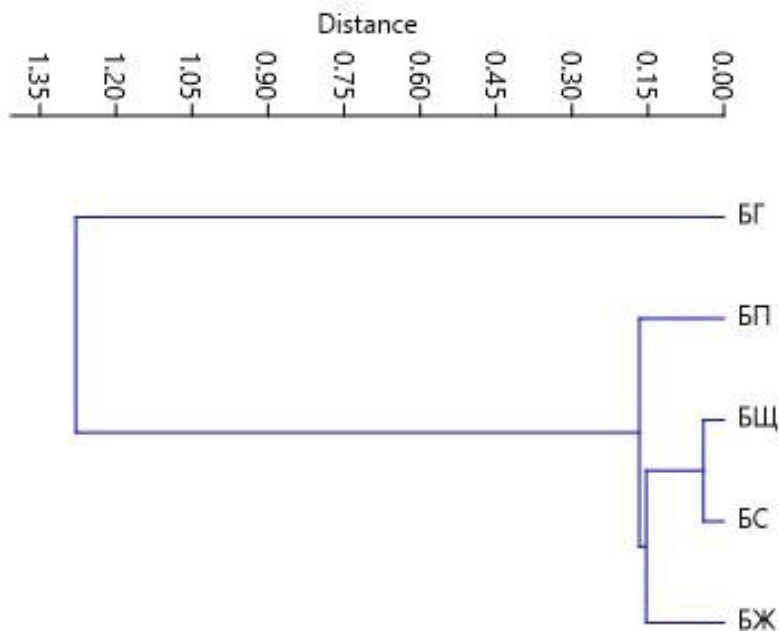


Рис. 1. Иерархическая дендрограмма кластеризации воды пяти выходов источника Буксыхен по экологическим параметрам

Для выявления сходства и различий между водами пяти различных выходов источника Буксыхен нами был проведен кластерный анализ вод исследуемого источника по массиву экологических параметров: физико-химическому, макрокомпонентному и микрокомпонентному составам (рис. 1). По результатам кластеризации воды источника распределились в две группы: 1) БГ; 2) БЦ, БС, БЖ; БП. Наибольшим сходством обладают воды выходов Буксыхен-сердечный и Буксыхен-щитовидный.

Таксономическое разнообразие

В результате применения высокопроизводительного секвенирования гена 16S рРНК были получены библиотеки гена 16S рРНК для каждой из пяти проб воды исследуемых источников. В анализируемых библиотеках генов 16S рРНК были выявлены только бактерии, архейный компонент не был обнаружен. Таксономическое распределение филотипов бактерий на уровне филумов, а для *Proteobacteria* — на уровне классов, показано на рисунке 2. Анализ полученных данных показал в целом сходство качественного состава на уровне филумов. Однако количественное распределение доминантных, содоминантных и минорных филумов имело различия. В воде БС, БЖ и БЦ преобладали представители филума *Proteobacteria* из классов *Betaproteobacteria* (27–56%) и *Gamma**proteobacteria* (26–40%). В источнике Буксыхен-глазной (БГ) подавляющее большинство ОТЕ (69%) было отнесено к *Betaproteobacteria*. В источнике Буксыхен-печеночный (БП) содоминировали представители класса *Betaproteobacteria* (45%) и *Bacteroidetes* (40%).

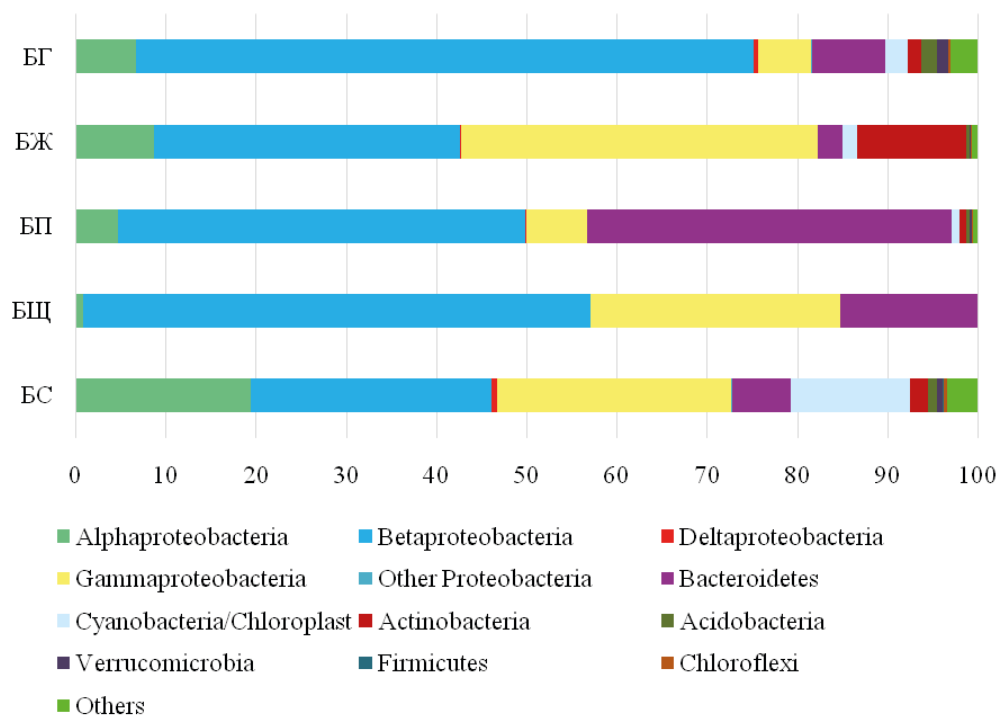


Рис. 2. Таксономическое разнообразие микробного сообщества на уровне филумов (для протеобактерий — классы) в воде пяти выходов источника Буксыхен

Сравнительный анализ библиотек на уровне семейств выявил и сходства, и различия в таксономическом составе исследуемых сообществ. Так, во всех микробных сообществах доминантами и содоминантами были представители семейства *Comamonadaceae*, процент присутствия варьировал от 19 до 41 (рис. 3). Семейство *Comamonadaceae* — большое и разнообразное семейство бактерий, включающее аэробные органотрофы, анаэробные денитрификаторы и Fe^{3+} -восстанавливающие бактерии, окислители водорода, фотоавтотрофные и фотогетеротрофные бактерии, ферментативные бактерии. Большинство из них экологические бактерии из водной и почвенной среды обитания [Willems, 2013]. Также во всех сообществах были отмечены последовательности, отнесенные к семейству *Moraxellaceae*, доля в сообществах варьировала в широких пределах — 34–1%. Семейство состоит из гетерогенной группы бактерий, распространенных в самых разных природных средах и имеющих различное экологическое значение [Teixeira, Merquior, 2014]. Семейство включает психрофильные и психротолерантные виды бактерий [Maruyama et al., 2000; Bozal, 2003;]. В сообществе БП доминировали (22%), в остальных являлись минорным компонентом (2–6%) последовательности, принадлежащим широко распространенному в наземных и пресноводных средах, а также в морских местообитаниях семейству *Flavobacteriaceae* [Kirchman, 2002]. В четырех сообществах (БС, БЖ, БЦ и БП) были обнаружены представители космополитного семейства *Pseudomonadaceae* (4–26%).

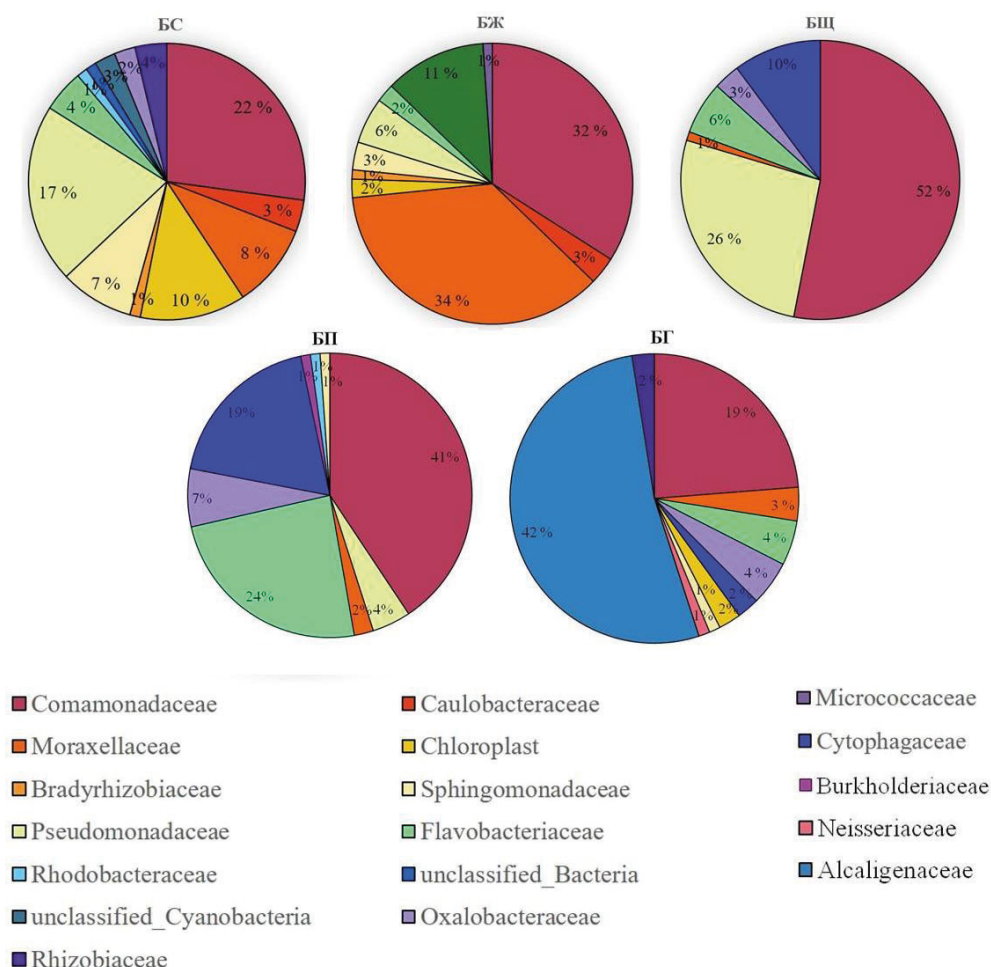


Рис. 3. Таксономическое разнообразие микробного сообщества на уровне семейств (представленность >1%) в воде пяти выходов источника Буксыхен

Наибольшие отличия в таксономическом составе были установлены в микробном сообществе БГ. В исследуемом сообществе БГ было выявлено явное доминирование представителей семейства *Alcaligenaceae* (42%). ОТЕ, отнесенные к этому семейству, присутствовали только в микробном сообществе БГ. Также характерной особенностью сообщества БГ было присутствие бактерий, принадлежащих семейству *Neisseriaceae*. Необходимо отметить, что оба семейства включают роды, являющиеся комменсалами млекопитающих или частью нормальной флоры, но также среди представителей этих семейств присутствуют патогенные для человека бактерии.

Для выявления взаимосвязи факторов среды и состава сообществ на уровне семейств был проведен *канонический анализ соответствий* (ССА, canonical correspondence analysis). Полученные результаты свидетельствуют о том, что большинство семейств имеют положительную корреляцию с макрокомпонентным составом и физико-химическими параметрами среды (рис. 4).

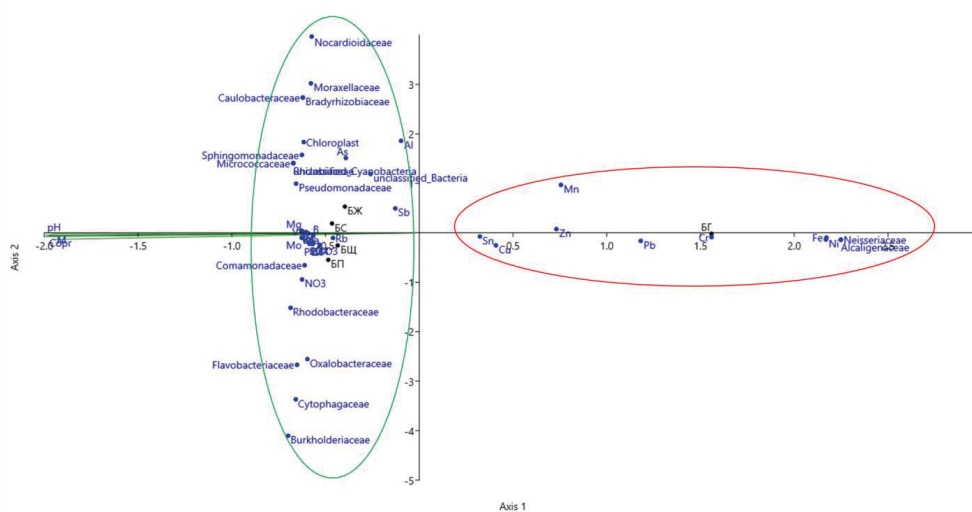


Рис. 4. Ординационная диаграмма ССА-взаимосвязи факторов среды и состава сообществ на уровне семейств

Особенности сообществ воды БГ также отражены в результате анализа. Так, согласно полученным данным можно предположить, что на таксономический состав микробного сообщества источника Буксыхен-глазной большее влияние имеет микроэлементный состав.

Заключение

Источник Буксыхен является постоянно холодным слабоминерализованным источником, изливающимся пятью выходами воды. По экологическим факторам воды исследуемых источников кластеризуются в две группы. Первая группа включает воды выходов Буксыхен-сердечный, Буксыхен-желудочный, Буксыхен-щитовидный, Буксыхен-печеночный, вторая группа представлена выходом Буксыхен-глазной.

Впервые проведенные молекулярные исследования таксономического разнообразия микробных сообществ воды 5 выходов источника Буксыхен выявили преобладание протеобактерий. Было установлено, что исследуемые микробные сообщества имеют как сходства, так и различия на уровне семейств.

В состав исследуемых сообществ входят виды бактерий, представляющих широкий метаболический спектр как для продукционных процессов, так и для деструкционных. В сообществах преобладали представители бактерий, ближайшие гомологи которых были выделены из пресных водоемов и холодных местообитаний.

Статистическая обработка данных позволила выявить некоторые закономерности распределения семейств в зависимости от экологических факторов. Для большинства семейств значимыми оказались факторы содержания $C_{опт}$, температуры, минерализации, pH и макрокомпонентов и они были приурочены к области группы

источников Буксыхен-сердечный, Буксыхен-желудочный, Буксыхен-щитовидный и Буксыхен-печеночный. Отличительные особенности микробного сообщества Буксыхен-глазной, вероятно, связаны с микрокомпонентным составом воды.

Литература

1. Белькова Н. Л. Модифицированная методика выделения суммарной ДНК из водных проб и грунтовых вытяжек методом ферментативного лизиса. Молекулярно-генетические методы анализа микробных сообществ. Разнообразие микробных сообществ внутренних водоемов России: учебно-методическое пособие. Ярославль : Принтхаус, 2009. С. 53–63. Текст : непосредственный.
2. Иванов В. В., Невраев Г. А. Классификация подземных минеральных вод. Москва : Недра, 1964. 168 с. Текст : непосредственный.
3. Трухин Ю. П. Геохимия современных геотермальных процессов и перспективные геотехнологии. Москва : Наука, 2003. 376 с. Текст : непосредственный.
4. Bozal N. Characterization of Several *Psychrobacter* Strains Isolated from Antarctic Environments and Description of *Psychrobacter luti* sp. nov. and *Psychrobacter fozii* sp. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2003; 53(4): 1093–1100. doi:10.1099/ijs.0.02457-0.PMID12892132
5. Camacho A., Rochera C., Silvestre J. José, Vicente E., Hahn M. W. Spatial Dominance and Inorganic Carbon Assimilation by Conspicuous Autotrophic Biofilms in a Physical and Chemical Gradient of a Cold Sulfurous Spring: The Role of Differential Ecological Strategies. *Microbial Ecology*. 2005; 50: 172–184. doi:10.1007/s00248-004-0156-x
6. Chaudhary A., Haack Sh. K., Duris J. W., Marsh T. L. Bacterial and Archaeal Phylogenetic Diversity of a Cold Sulfur-Rich Spring on the Shoreline of Lake Erie, Michigan. *Applied and Environmental Microbiology*. 2009; 75(15): 5025–5036. doi:10.1128/AEM.00112-09
7. Edgar R. C. Search and Clustering Orders of Magnitude Faster than BLAST. *Bioinformatics*. 2010; 26: 2460–2461.
8. Edgar R. C. UPARSE: Highly Accurate OTU Sequences from Microbial Amplicon Reads. *Nature Methods*. 2013; 10: 996–998.
9. Guðmundsdóttir R., Kreiling A. K., Kristjánsson B. K., Marteinsson V. Þ., Pálsson S. Bacterial Diversity in Icelandic Cold Spring Sources and in Relation to the Groundwater Amphipod *Crangonyx islandicus*. *PLoS One*. 2019; 14(10): e0222527. doi:10.1371/journal.pone.0222527
10. Hammer Ø., Harper D. A. T., Ryan P. D. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. *Palaeontologia Electronica*. 2001; 4(1): 1–9. http://palaeo-electronica.org/2001_1/past/issue1_01.htm
11. Kirchman D. L. The Ecology of *Cytophaga-Flavobacteria* in Aquatic Environments. *FEMS Microbiol Ecol*. 2002. 39(2): 91–100.
12. Klindworth A., Pruesse E., Schweer T., Peplies J., Quast C., Horn M., Glöckner F. O. Evaluation of General 16S Ribosomal RNA Gene PCR Primers for Classical and Next-Generation Sequencing-Based Diversity Studies. *Nucleic Acids Res*. 2013. 41(1): e1. doi 10.1093/nar/gks808
13. Li G., Jiang H., Hou W., Wang S., Huang L., Ren H., Deng S., Dong H.. Microbial Diversity in Two Cold Springs on the Qinghai-Tibetan Plateau. *Geosci. Front*. 2012; 3: 317–325. doi:10.1016/j.gsf.2011.12.004.
14. Maruyama A., Honda D. , Yamamoto H., Kitamura K., Higashihara T. Phylogenetic Analysis of Psychrophilic Bacteria Isolated from the Japan Trench, Including a Description of the Deep-Sea Species *Psychrobacter Pacificensis* sp. nov. *International Journal of Systematic*

and Evolutionary Microbiology. 2000; 50(2): 835–846. doi:10.1099/00207713-50-2-835. PMID10758895

15. Perreault N. N., Andersen D. T., Pollard W. H., Greer C. W., Whyte L. G. Characterization of the Prokaryotic Diversity in Cold Saline Perennial Springs of the Canadian High Arctic. *Applied and Environmental Microbiology*. 2007; 73(5): 1532–1543. doi.org/10.1128/AEM.01729-06

16. Perreault N. N., Greer C. W., Andersen D. T., Tille S., Lacrampe-Couloume G., Lollar B. Sh., Whyte, L. G. Heterotrophic and Autotrophic Microbial Populations in Cold Perennial Springs of the High Arctic. *Applied and Environmental Microbiology*. 2008; 74: 6898–6907. doi:10.1128/AEM.00359-08

17. Rudolph C., Wanner G., Huber R. Natural Communities of Novel Archaea and Bacteria Growing in Cold Sulfurous Springs with a String-of-Pearls-Like Morphology. *Applied and Environmental Microbiology*. 2001; 67(5): 2336–2344. doi:10.1128/aem.67.5.2336-2344.2001.

18. Teixeira L. M., Merquior V. L. C. The Family *Moraxellaceae*. In: Rosenberg E., DeLong E. F., Lory S., Stackebrandt E., Thompson F. (eds) *The Prokaryotes*. Springer, Berlin, Heidelberg. 2014. https://doi.org/10.1007/978-3-642-38922-1_245

19. Willems A. The Family *Comamonadaceae*. The Prokaryotes: Alphaproteobacteria and Betaproteobacteria. 2013: 777–851. 10.1007/978-3-642-30197-1_238.

20. Zhang J., Kobert K., Flouri T., Stamatakis A. PEAR: a Fast and Accurate Illumina Paired-End Read Merger. *Bioinformatics*. 2014; 30: 614–620.

Статья поступила в редакцию 13.12.2022; одобрена после рецензирования 16.01.2023; принята к публикации 19.01.2023

ECOLOGICAL CONDITIONS AND TAXONOMIC DIVERSITY
OF MICROBIAL COMMUNITY OF THE BUKSYKHEN COLD SPRING WATER
(NORTHERN PRIBAIKALYE)

T. G. Banzaraktsaeva, E. Ts. Dambinova, V. L. Ivanov

Tuyana G. Banzaraktsaeva

Cand. Sci. (Biol.),

Institute of General and Experimental Biology SB RAS

6 Sakhyanovoy St., Ulan-Ude 670043, Russia

tuyana_banz@mail.ru

Ekaterina Ts. Dambinova

Student,

Radnaev Republican Basic Medical College

13 Tereshkovoy St., Ulan-Ude 670031, Russia

ekaterina_dambinova@mail.ru

Vladimir L. Ivanov

Research Assistant,

Institute for General and Experimental Biology SB RAS

6 Sakhyanovoy St., Ulan-Ude 670043, Russia

vova5631@mail.ru

Abstract. The article studies the ecological living conditions of microbial communities of the Buksykh spring. The analysis of physico-chemical parameters, macrocomponent

and microcomponent composition by clustering has revealed the distribution of five outlets of the Buksyhen spring into two groups. For the first time, using molecular genetic methods, we have studied the taxonomic diversity of microbial communities of the five water outlets of the Buksykhén cold springs (Northern Pribaikalye). The analysis of molecular genetic studies has shown the dominance of representatives of *Betaproteobacteria* and *Gamma*proteobacteria classes of the Proteobacteria phylum in the water of the studied springs. A comparative analysis of family libraries has revealed that in all microbial communities, representatives of the *Comamonadaceae* family were dominant and codominant, the percentage of presence varied from 19 to 41%. The greatest differences in taxonomic composition were found in the microbial community of the Buksykhén-glaznoy (ophthalmic) outlet. The use of the SSA method allowed us to establish that the majority of families in the composition of the studied microbial communities are featured with the factors of C_{org} content, temperature, mineralization, pH-level and macrocomponents, which found to be significant.

Keywords: cold springs, microbial communities, environmental factors, macrocomponent composition and microcomponent composition, taxonomic diversity, Pribaikalye.

Acknowledgments

The work was carried out within the framework of the topic of the state assignment No. 121030100229-1.

For citation

Banzaraktsaeva T. G., Dambinova E. Ts., Ivanov V. L. Ecological Conditions and Taxonomic Diversity of the Microbial Community of the Buksykhén Cold Spring Water (Northern Pribaikalye). *Nature of Inner Asia*. 2023; 1(23): 6–17. (In Russ.) DOI: 10.18101/2542-0623-2023-1-6-17

The article was submitted 13.12.2022; approved after reviewing 16.01.2023; accepted for publication 19.01.2023.