

Научная статья
УДК 579.26
DOI: 10.18101/2542-0623-2025-4-15-22

**ТАКСОНОМИЧЕСКИЙ СОСТАВ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ
В ЗИМНИЙ ПЕРИОД В СОЛЕННЫХ ОЗЕРАХ БАРГУЗИНСКОЙ КОТЛОВИНЫ
(РОССИЯ) НА ОСНОВЕ SHOTGUN МЕТАГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ**

**Е. В. Лаврентьева, Т. Г. Банзаракцаева, Е. С. Клименко,
Ю. С. Новокович, Н. Л. Белькова**

© **Лаврентьева Елена Владимировна**
кандидат биологических наук, старший научный сотрудник,
Институт общей и экспериментальной биологии СО РАН
Россия, 670047, г. Улан-Удэ, ул. Сахьяновой, 6
доцент кафедры зоологии и экологии,
Бурятский государственный университет имени Доржи Банзарова
Россия, 670000, г. Улан-Удэ, ул. Смолина, 24а
lena_1@mail.ru

© **Банзаракцаева Туяна Геннадьевна**
кандидат биологических наук, старший научный сотрудник,
Институт общей и экспериментальной биологии СО РАН
Россия, 670047, г. Улан-Удэ, ул. Сахьяновой, 6
aspigeb@mail.ru

© **Клименко Елизавета Станиславовна**
младший научный сотрудник,
Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека,
Институт эпидемиологии и микробиологии
Россия, 664003, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 3
klimenko.elizabet@gmail.com

© **Новокович Юлия Сергеевна**
коммерческий директор,
Центр геномных технологий «Сербалаб»
Россия, 199106, г. Санкт-Петербург, Большой пр-т Васильевского острова, 90, стр. 2
ynovokovich@serbalab.ru

© **Белькова Наталья Леонидовна**
кандидат биологических наук, руководитель лаборатории,
Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека,
Институт эпидемиологии и микробиологии
Россия, 664003, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 3
nlbelkova@gmail.com

Аннотация. В работе представлены результаты сравнительного анализа таксономического состава микробных сообществ в двух соленых озерах, отобранных в зимний

период с помощью shotgun метагеномного секвенирования. В озере Гуджирганское доминирует *Actinomycetota* (55,18%) при значительной доле *Pseudomonadota* (19,28%) и *Balneolaeota* (7,19%). Установлено, что доминирующими филумами в озере Нухэ-Нур являются *Pseudomonadota* (78,04%) и *Bacillota* (13,89%), что указывает на потенциально более высокую гетеротрофную активность. Выявленные различия, такие как высокая доля *Balneolaeota* (7,2%) в озере Гуджирганское и доминирование *Cyano-bacteriota* (3,02%) только в озере Нухэ-Нур, подчеркивают высокую специфичность изученных микробных сообществ соленых экосистем.

Ключевые слова: таксономический состав, микробные сообщества, shotgun метагеномное секвенирование, зимний период, соленые озера, сравнительный анализ, доминирующие таксоны.

Благодарности

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-24-20050, <https://rscf.ru/project/24-24-20050/>.

Для цитирования

Таксономический состав микробных сообществ в зимний период в соленых озерах Баргузинской котловины (Россия) на основе shotgun метагеномного секвенирования / Е. В. Лаврентьева, Т. Г. Банзаракцаева, Е. С. Клименко, Ю. С. Новокович, Н. Л. Белькова // Природа Внутренней Азии. Nature of Inner Asia. 2025. № 4(33). С. 15–22. DOI: 10.18101/2542-0623-2025-4-15-22

Введение

Сульфатное озеро Гуджирганское и содовое озеро Нухэ-Нур, расположенные на территории Баргузинской котловины, — это полиэкстремальные системы, которые демонстрируют щелочные значения pH (до 11,6) в сочетании с высокой минерализацией (до 136 г/л) [Lavrentyeva et al., 2023]. Баргузинская котловина относится к Байкальской рифтовой зоне, для которой характерны криоаридный климат и значительные перепады температуры в течение года. Годовая амплитуда абсолютных температур воздуха достигает 90 °С, максимальная температура воздуха летом составляет +38 °С, минимальная зимой –52 °С [Намсараев и др., 2007]. Несмотря на небольшую площадь водосбора, озера в засушливые годы не пересыхают. Это связано с тем, что они питаются в основном за счет сброса подземных вод и лишь частично за счет атмосферных осадков и наземного стока [Плюснин и др., 2020].

В соленых озерах микроорганизмы являются ключевыми компонентами с их высоким генетическим разнообразием, играющим важную роль в круговороте элементов [Sorokin et al., 2014]. Микробные сообщества соленых озер чувствительны к факторам окружающей среды (концентрация солей, pH, температура и др.) и эти экологические условия в целом определяют состав, структуру и функциональную активность микробного сообщества. Однако данные о таксономическом разнообразии микробного сообщества соленых озер в зимний период все еще остаются фрагментарными [Lavrentyeva et al., 2023].

Цель — провести сравнительный анализ таксономической структуры микробных сообществ двух соленых озер Баргузинской котловины в зимний период для выявления ключевых доминирующих таксонов.

Материал и методы

Объектами исследования являлись содово-соленое озеро Гуджирганское (54°01'890» с. ш. 110°16'537» в. д., высота 493 м над ур. м.) и содовое озеро Нухэ-Нур (южное) (54°01'252" с. ш. 110°15'870" в. д., высота 472 м над ур. м.). Озеро Гуджирганское является мелководным (до 0,2 м) и имеет относительно малую площадь — 0,3 км². Глубина озера Нухэ-Нур 1,6 м, площадь составляла 2–2,5 км². В зимний период озера полностью покрыты льдом.

Образцы донных осадков отбирали в феврале 2025 г. с помощью ледобура в пяти случайно выбранных участках озер (слой осадков 0–10 см) по 10 г стерильной ложкой и помещали в стерильный пластиковый контейнер [Pawlowski et al., 2022]. Затем интегральную пробу перемешивали до гомогенизированного состояния. Для метагеномного анализа 1 мг образцов донных осадков из интегральной пробы отбирали в стерильные пластиковые пробирки эппендорф объемом 1,5 мл и доставляли в лабораторию. Выделение ДНК с использованием набора РИБО-преп (производитель «АмплиСенс») и подготовку библиотеки с использованием КАРА HyperPrep Kit проводили согласно рекомендациям производителя в центре геномных технологий «Сербалаб», г. Санкт-Петербург (<https://cerbalab.ru/>). Секвенирование осуществлялось на приборе DNBSEQ-G400 (MGI, Китай / США) в режиме парноконцевых прочтений с длиной прочтений 150 п. н. Сборка метагенома осуществлялась в программе MEGAHIT (v1.2.9), предназначенной для сборки фрагментированных метагеномных данных. Качество полученных библиотек было оценено на приборе TapeStation — Agilent 2100 (Bioanalyzer systems). В качестве входных данных использовались очищенные риды, минимальная длина контигов при сборке составляла 500 п. о. Качество сборки оценивалось по стандартным показателям (число контигов, N50, средняя длина). Таксономическое профилирование выполнялось с использованием MetaPhlan v4.0.6 [Blanco-Míguez et al., 2023]. Все полученные последовательности зарегистрированы в мировой базе данных NCBI (PRJNA1376216 winter Gudzh; PRJNA1376219 winter N-N).

Результаты и обсуждение

В зимний период рН талой воды в озере Гуджирганское составил 8,7, минерализация — 109 г/дм³. Определение катионно-анионного состава талой воды в зимний период показало доминирование среди катионов натрия (33 440 мг/дм³), в анионном составе воды доминировали сульфаты — 49 174 мг/дм³. Значение рН талой воды в озере Нухэ-Нур составило 9,6, минерализации — 11 г/дм³.

Исследование гидрохимического состава воды озера Нухэ-Нур в зимний период показало, что доминирующим катионом являлся Na⁺ — 2941 мг/дм³, концентрация ионов Mg²⁺ составила 37 мг/дм³. Щелочная рН воды озера создается за счет высоких концентраций ионов HCO₃⁻ и CO₃²⁻, содержание которых достигало 4 639 мг/дм³ и 599 мг/дм³. Концентрация сульфатов в воде была незначительной и составила 83,2 мг/дм³. Температура воздуха в феврале 2025 г. составила –23 °С.

Таксономический состав микробных сообществ в изученных озерах представлен доменами Bacteria и Archaea. Доля бактерий в озере Гуджирганское составила 98,7%, тогда как доля архей — 0,7% (рис. 1). Археи были представлены только филой *Euryarchaeota*, бактерии были представлены филами

Actinomycetota (55,1%), *Pseudomonadota* (19,3%), *Bacillota* (11,9%), *Balneolota* (7,1%) и *Bacteroidota* (3,49%). В составе сообщества озера Нухэ-Нур доля бактерий составила 99,1 %, а доля архей составила 0,8%. Археи были также представлены только филой *Euryarchaeota*, бактерии — филами *Pseudomonadota* (78%), *Cyanobacteriota* (3%), *Planctomycetota* (1,69%), *Actinomycetota* (1,5%) и *Bacteroidota* (0,9%).

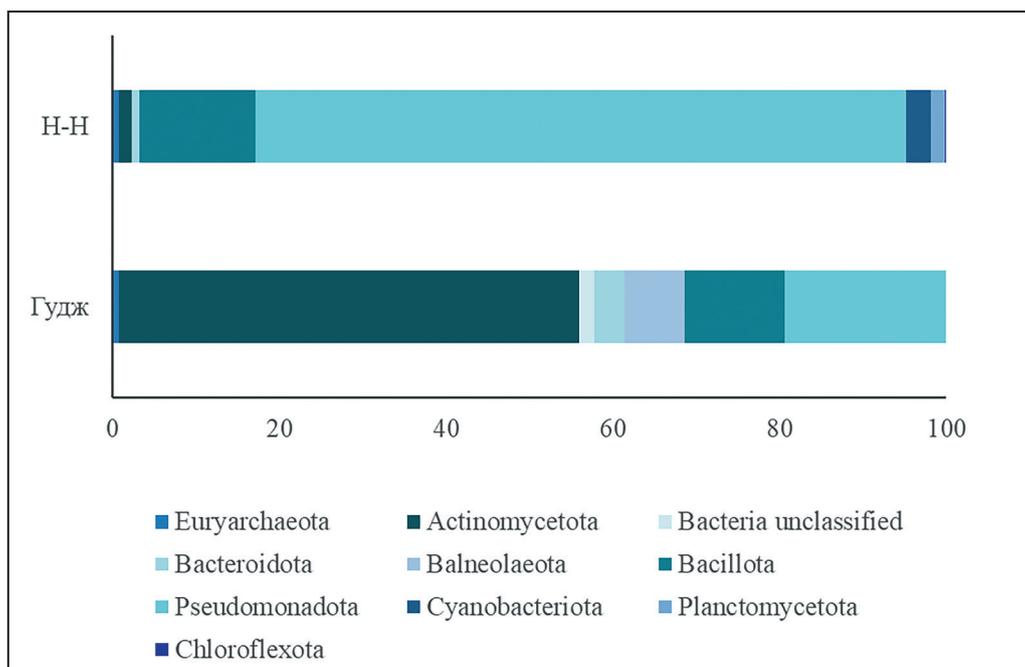


Рис. 1. Таксономический состав на уровне филумов в изученных озерах

На уровне рода показаны различия в структуре доминирующих компонентов микробных сообществ двух исследуемых озер (рис. 2). В структуре сообщества озера Гуджирганское доминировал род *Cutibacterium* (ранее *Propionibacterium*, фила *Actinomycetota*) с долей 48,7%, что не характерно для классических гиперсоленых сред. *Cutibacterium* — липофильный, грамположительный, аэротолерантный анаэроб, представители этого рода в основном ассоциированы с микробиотой кожи животных и человека [Shafiuddin et al., 2025].

Их массовое присутствие может указывать на сильный антропогенный или зоогенный фактор (например, наличие водопоя) в озере Гуджирганское или может указывать на локальное обогащение среды липидами или другими сложными органическими соединениями, например, вследствие разложения растительных остатков. В то же время можно допустить, что это может быть уникальная линия водных актинобактерий, адаптированная к специфическому составу органического вещества в соленых озерах.

Вторую по значимости группу (около 20%) составляют облигатно алкалофильные и галоалкалофильные фотогетеротрофы и хемолитотрофы: *Roseinatronobacter* (7,47%), *Rhodohalobacter* (6,90%) и *Thioalkalivibrio* (5,24%) [Boldareva et al., 2008;

Xia et al., 2017; Sorokin et al., 2015]. Хемолитоавтотрофные галоалкалофильные бактерии *Thioalkalivibrio* (5,2%), окисляющие серу, процветают в высокощелочной среде с pH 9,5–11,0 и ранее были выделены из различных содовых озер по всему миру. Представители этого рода характеризуются универсальным энергетическим метаболизмом, поскольку они способны использовать различные доноры и акцепторы электронов [Ahn et al., 2017].

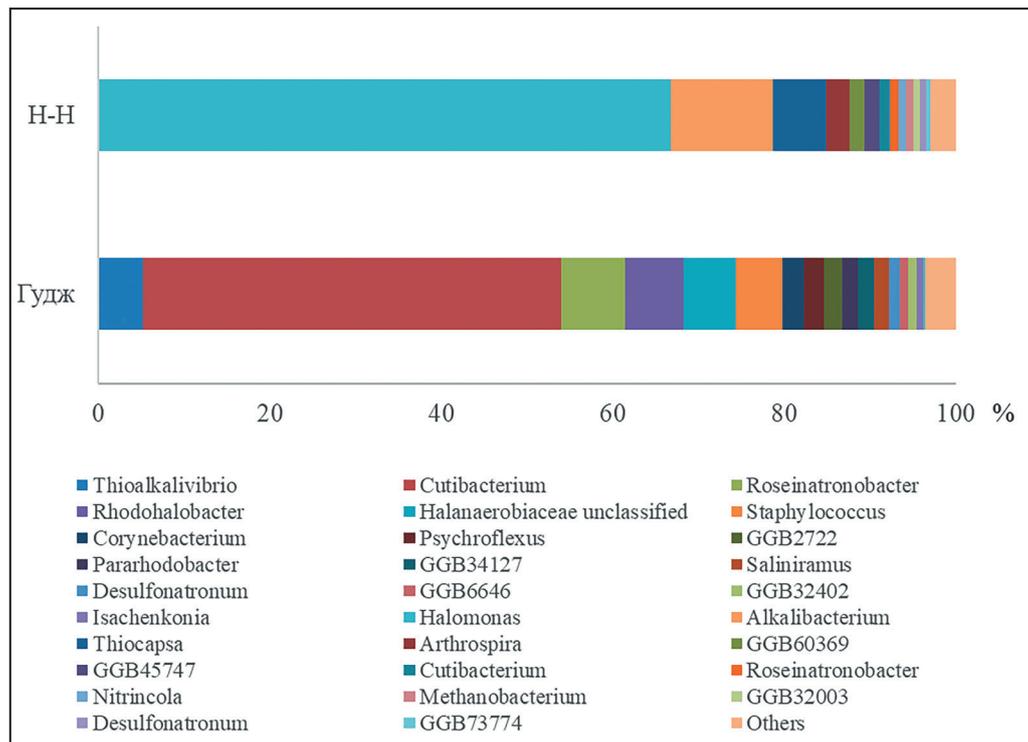


Рис. 2. Таксономический состав на уровне родов в изученных озерах

Подавляющее количество представителей рода *Halomonas* (66,7%) филума *Pseudomonadota* зафиксировано в донных осадках озера Нухэ-Нур. Этот род объединяет гетеротрофные, чаще всего гало- и алкалитолерантные, бактерии, которые обнаружены во многих соленых щелочных системах по всему миру [Hernández-Soto et al., 2023]. В ранее проведенных нами исследованиях этим же методом в летний период также обнаружены представители рода *Halomonas*. Их численность в летний период составила 10,83%. Способность *Halomonas* к разнообразному метаболизму (окисление углеводов, ароматических соединений, белков, в некоторых случаях нитратное дыхание), вероятно, обуславливает их обилие в этих экстремальных условиях. Содоминантами являлись представители филумов *Bacillota* (*Alkalibacterium*, 11,8%) — облигатно алкалофильные бактерии и *Pseudomonadota* (класс *Gamma*proteobacteria) рода *Thiocapsa* — 5,9%, аноксигенная фототрофная пурпурная серная бактерия [Asao et al., 2007]. Вероятно, в придонных бескислородных зонах происходят процессы восстановления серы.

Присутствие *Methanobacterium* (0,8%) в озере Нухэ-Нур подтверждает распространение анаэробных зон.

Высокая доля классифицированных только до уровня гипотетических групп (GGB), особенно в озере Нухэ-Нур, подчеркивает, что изученные экосистемы могут содержать уникальное микробное разнообразие, еще не представленное в референсных базах данных. Эти некультивируемые линии могут играть в биогеохимических циклах озер важную, но пока неизвестную роль.

Таким образом, анализ таксономического разнообразия микробных сообществ на уровне филумов и родов показал их различия между озерами. Показана высокая доля *Balneolaeota* в озере Гуджирганское и доминирование *Cyanobacteriota* только в озере Нухэ-Нур. Полученные данные подчеркивают высокую специфичность изученных микробных сообществ щелочных экосистем. В озере Гуджирганское отмечено доминирование нетипичного представителя филума *Actinomycetota* — *Cutibacterium*. Возможно, на развитие данной бактерии повлияло сочетание специфического органического субстрата и экстремальных факторов среды. Для подтверждения необходимы дальнейшие исследования, включающие определение органического состава донных осадков и оценку функционального потенциала в донных осадках двух изученных соленых озер.

Литература

1. Водные системы Баргузинской котловины / Б. Б. Намсараев, В. В. Хахинов, Е. Ж. Гармаев [и др.] Улан-Удэ : Изд-во Бурят. гос. ун-та, 2007. 154 с. Текст : непосредственный.
2. Генезис воды и растворенных веществ содовых озер Нижнего Куйтуна Баргузинской впадины / А. М. Плюснин, Е. Г. Перязева, М. К. Чернявский [и др.]. // География и природные ресурсы. 2020. № 14. С. 89–97. DOI: 10.21782/GIPR0206-1619-2020-3(89-97). Текст : непосредственный.
3. Ahn A. C., Meier-Kolthoff J. P., Overmars L. et al. Genomic Diversity within the Haloalkaliphilic Genus *Thioalkalivibrio*. *PloS One*. 2017; 12(3): e0173517. DOI: 10.1371/journal.pone.0173517
4. Asao M., Takaichi S., Madigan M. T. *Thiocapsaimhoffii*, sp. nov., An Alkaliphilic Purple Sulfur Bacterium of the Family *Chromatiaceae* from Soap Lake, Washington (USA). *Archives of Microbiology*. 2007; 188(6): 665–675. DOI: 10.1007/s00203-007-0287-9
5. Blanco-Míguez A., Beghini F., Cumbo F. et al. Extending and Improving Metagenomic Taxonomic Profiling with Uncharacterized Species Using MetaPhlAn 4. *Nature Biotechnology*. 2023; 41: 1633–1644. DOI: 10.1038/s41587-023-01688-w
6. Boldareva E. N., Akimov V. N., Boichenko V. A. et al. *Rhodobaca barguzinensis* sp. nov., A New Alkaliphilic Purple Nonsulfur Bacterium Isolated from a Soda Lake of the Barguzin Valley (Buryat Republic, Eastern Siberia). *Microbiology*. 2008; 77: 206–218. DOI: 10.1134/S0026261708020148
7. Hernández-Soto L. M., Martínez-Abarca F., Ramírez-Saad H. et al. Genome Analysis of Haloalkaline Isolates from the Soda Saline Crater Lake of Isabel Island; Comparative Genomics and Potential Metabolic Analysis within the Genus *Halomonas*. *BMC Genomics*. 2023; 24: 696. DOI: 10.1186/s12864-023-09800-9
8. Lavrentyeva E., Banzaraktsaeva T., Dambaev V. et al. Taxonomic Diversity and Functional Potential of Microbial Communities in Salt Lakes Gudzhirganskoe and Nukhe-Nur (Barguzin Depression, Baikal Rift Zone). *Bio. Comm*. 2023; 68(2): 86–96. DOI: 10.21638/spbu03.2023.203

9. Pawlowski J., Bruce K., Panksep K. et al. Environmental DNA Metabarcoding for Benthic Monitoring: A Review Of Sediment Sampling and DNA Extraction Methods. *Sci. Total Environ.* 2022; 818: 151783. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2021.151783

10. Shafiuddin M., Prather G. W., Huang W. C. et al. Cutibacterium Adaptation to Life on Humans Provides a Novel Biomarker of *C. Acnes* Infections. *J. Investig. Dermatol.* 2025; in press. DOI: 10.1016/j.jid.2025.03.048

11. Sorokin D. Y., Banciu H. L., Muyzer G. Functional Microbiology of Soda Lakes. *Current Opinion in Microbiology.* 2015; 25: 88–96. DOI: 10.1016/j.mib.2015.05.004

12. Sorokin D. Y., Berben T., Melton E. D. et al. Microbial Diversity and Biogeochemical Cycling in Soda Lakes. *Extremophiles.* 2014; 18: 791–809. DOI: 10.1007/s00792-014-0670-9

13. Xia J., Xie Z. H., Dunlap C. A. et al. *Rhodohalobacter halophilus* gen. nov., sp. nov., A Moderately Halophilic Member of the Family *Balneolaceae*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2017; 67(5): 1281–1287. DOI: 10.1099/ijsem.0.001806

Статья поступила в редакцию 27.10.2025; одобрена после рецензирования 12.11.2025; принята к публикации 10.12.2025.

TAXONOMIC COMPOSITION OF WINTER MICROBIAL COMMUNITIES
IN SALT LAKES OF THE BARGUZIN BASIN (RUSSIA) USING SHOTGUN
METAGENOMIC SEQUENCING

E. V. Lavrentyeva, T. G. Banzaraktsaeva, E. S. Klimenko,
Yu. S. Novokovich, N. L. Belkova

Elena V. Lavrentyeva

Cand. Sci. (Biol.), Senior Researcher,
Institute of General and Experimental Biology SB RAS
6 Sakhyanovoy St., Ulan-Ude, 670047, Russia;

Dorzhi Banzarov Buryat State University
24a Smolina St., Ulan-Ude 670000, Russia
lena_1@mail.ru

Tuyana G. Banzaraktsaeva

Cand. Sci. (Biol.), Senior Researcher,
Institute of General and Experimental Biology SB RAS
6 Sakhyanovoy St., Ulan-Ude 670047, Russia
aspigeb@mail.ru

Elizaveta S. Klimenko

Junior Researcher,
Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction,
Epidemiology and Microbiology Institute
3 K. Marksa St., Irkutsk 664003, Russia
klimenko.elizabet@gmail.com

Yulia S. Novokovich

Commercial Director,
Center for Genomic Technologies “Serbalab”

2/90 Bolshoy Prospect Vasilyevskogo Ostrova, St. Petersburg 199106, Russia
ynovokovich@cerbalab.ru

Natalia L. Belkova

Cand. Sci. (Biol.), Head of Laboratory,
Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction,
Epidemiology and Microbiology Institute
3 K. Marksa St., Irkutsk 664003 Russia
nlbelkova@gmail.com

Abstract. The study presents the results of a comparative analysis of the taxonomic composition of microbial communities in two salt lakes sampled during the winter using shotgun metagenomic sequencing. *Actinomycetota* (55,18%), *Pseudomonadota* (19,28%), and *Balneolaeota* (7,19%) dominate in Lake Gudzhirganskoye. The dominant phyla in Lake Nukhe-Nur are *Pseudomonadota* (78,04%) and *Bacillota* (13,89%), indicating potentially higher heterotrophic activity. The identified differences, such as the high proportion of *Balneolaeota* in Lake Gudzhirganskoye and the dominance of *Cyanobacteriota* (3,02%) only in Lake Nukhe-Nur, show the high specificity of the studied microbial communities in salt ecosystems.

Keywords: taxonomic composition, microbial communities, shotgun sequencing, winter period, salt lakes, comparative analysis, dominant taxa.

Acknowledgments

The research was supported by grant No. 24-24-20050 from the Russian Science Foundation, <https://rscf.ru/project/24-24-20050/>.

For citation

Lavrentyeva E. V., Banzaraktsaeva T. G., Klimentko E. S. et al. Taxonomic Composition of Winter Microbial Communities in Salt Lakes of the Barguzin Basin (Russia) Using Shotgun Metagenomic Sequencing. *Nature of Inner Asia*. 2025; 4(33): 15–22. (In Russ.). DOI: 10.18101/2542-0623-2025-4-15-22

The article was submitted 27.10.2025; approved after reviewing 12.11.2025; accepted for publication 10.12.2025.