Comparative analysis of microbial communities from phosphorus-polluted sites from Northern (Russia) and Southern (Israel) latitudes

Kublanovskaya A.A., Zaytsev P.A., Chekanov K.A., Fedorenko T.A., Vasilieva S.G., Solovchenko A.E., Lobakova E.S.
Faculty of Biology, Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia
E-mail: annakublanovskaya@gmail.com

Key message. the biodiversity of microbial communities from phosphorus-polluted sites from Northern and Southern regions was investigated, groups of microorganisms with biotechnological potential were detected. According to the results, samples from Southern regions were characterized by lower biodiversity than the northern ones.

Keywords: microbial communities, metagenomics, phosphorus pollution

Microbial communities formed in inorganic phosphorus-polluted habitats are potential source of microorganism strains capable of luxury phosphorus uptake. These microorganisms hold promise for application in the environmental biotechnologies for phosphorus biocapture from waste streams.

Water and soil samples were collected at two phosphorus-polluted sites near the rock phosphate mines (i) in Russia (67°34'03"N, 33°23'36"E; five samples referred to as Northern samples) and (ii) drying wastewater lagoons in Israel (31°09'00.1"N 35°22'38.3"E; two samples referred to below as Southern samples). The samples were investigated by bright field and luminescent microscopy. Their bacterial biodiversity was studied by 16S rRNA metabarcoding (Illumina sequencing of V4 fragment of 16S rRNA gene amplicons with subsequent analysis of the resulting sequences with QIIME v 1.9.1 and SILVA 119 reference database; the α - and β -diversity was estimated using VAMPS software).

A significant difference was found between the bacterial biodiversity of the Northern and Southern phosphorus-polluted sites, although their oxygenic phototroph composition exhibited a certain degree of similarity.

The samples from the Northern group displayed a highly similar, rich biodiversity (excepting the sample from an ephemeral reservoir). A broad range of prokaryotes from Proteobacteria, Firmicutes, and Actinobacteria phyla was detected including those from the genera *Microbacterium*, *Arthrobacter*, *Rhizobium*, *Sphingomonas*, *Pseudomonas*, and *Chthoniobacter*.

A narrower biodiversity with a major fraction of cyanobacteria was observed both in dry and liquid Southern samples. Our 16S rRNA metabarcoding study showed the abundance of representatives of Proteobacteria and Bacteroidetes phyla. In their low biodiversity, the Southern samples were similar to the Northern sample from the ephemeral reservoir. It is likely that the limited biodiversity reflects the ephemeral type of these reservoirs. A high cyanobacterial abundance in the Southern samples can be explained by their competitive advantage in warm, phosphorus-enriched waters.

Financial support of Russian Foundation for basic Research (project 18-29-25050) is greatly appreciated.

Сравнительный анализ микробных сообществ из южных (Израиль) и северных (Россия, г. Апатиты) регионов с повышенным содержанием фосфора в среде

Кублановская А.А., Зайцев П.А., Чеканов К.А., Федоренко Т.А., Васильева С.Г., Соловченко А.Е., Лобакова Е.С.
Московский Государственный Университет имени М.В. Ломоносова, биологический факультет, Москва, Россия

Аннотация. Изучено биоразнообразие сообществ из регионов северных и южных широт с повышенным содержанием фосфора в среде, выявлены группы микроорганизмов с биотехнологическим потенциалом.

Ключевые слова: микробные сообщества, метабаркодинг, фосфор

Микробные сообщества, сформировавшиеся в местообитаниях с повышенным содержанием фосфора в среде, – источник штаммов, потенциально способных к его избыточному поглощению. Такие микроорганизмы перспективны для изучения и последующего применения в биотехнологиях для изъятия фосфора из сточных вод.

Образцы воды и грунта были отобраны в двух регионах с повышенным содержанием фосфатов в среде. В окрестностях г. Апатиты (северный регион, Россия, 67°34'03"N, 33°23'36"E) отобрано пять проб, из пересыхающих водоемов со сточными водами (южный регион, Израиль, 31°09'00.1"N 35°22'38.3"E) – два образца. Оценка биоразнообразия сообществ проведена с помощью световой микроскопии и 16S-метабаркодинга. Анализ библиотек ампликонов проведен с помощью программы QIIME v.1.9.1 и референсной базы SILVA 119. Изучение α - и β -разнообразия сообществ проведено с помощью онлайн ресурса VAMPS.

Сообщества микроорганизмов, выделенные из северных и южных широт, значительно различались по разнообразию прокариот. Первая группа образцов характеризовалась повышенным биоразнообразием, за исключением пробы эфемерного водоема (тип «лука»). Среди бактерий доминирующими являлись представители филумов Proteobacteria, Firmicutes и Actinobacteria. Общими для данных проб являлись представители родов *Microbacterium*, *Arthrobacter*, *Rhizobium*, *Sphingomonas*, *Pseudomonas* и *Chthoniobacter*. По-видимому, данные бактерии являются компонентами корового микробиома фикосферы узкого круга окислительных фототрофных микроорганизмов, отмеченных в сообществах.

Пробы из южного региона характеризовались более низким разнообразием бактерий по сравнению с образцами северных широт. Были отмечены представители филумов Proteobacteria и Bacteroidetes, а также высокое содержание цианобактерий. Сниженное биоразнообразие сближало данные образцы с пробой водоема «лука» из северного региона. По-видимому, это отражает эфемерный характер данных водоемов. Более широкая представленность цианобактерий по сравнению с пробами из северного региона в пробах из южного региона является, вероятно, следствием большей приспособленности цианобактерий к теплым водам с высоким содержанием фосфора.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ 18-29-25050.