

УДК 57.083.18+579.266

МИКРОБНЫЕ СООБЩЕСТВА ДОННЫХ ОСАДКОВ АЛАСНЫХ ОЗЕР ЦЕНТРАЛЬНОЙ ЯКУТИИ КАК ИНДИКАТОРЫ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННОЙ НАГРУЗКИ

© 2025 г. О. С. Самылина^a, *, В. А. Габышев^b, А. И. Косякова^a, В. В. Кадников^c,
А. В. Белецкий^c, Н. В. Пименов^a

^aИнститут микробиологии им. С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, 117312, Россия

^bИнститут биологических проблем криолитозоны СО РАН – обособленное подразделение ФИЦ

“Якутский научный центр СО РАН”, Якутск, 677980, Россия

^cИнститут биоинженерии им. К.Г. Скрябина, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва, 117312, Россия

*e-mail: olga.samylina@gmail.com

Поступила в редакцию 22.10.2024 г.

После доработки 22.10.2024 г.

Принята к публикации 24.10.2024 г.

Аласные (термокарстовые) котловины с расположены в них озерами представляют собой уникальные ландшафты криолитозоны, широко распространенные на территории Центральной Якутии и традиционно используемые коренным населением для хозяйственных нужд (в качестве источников воды, пастбищных и сенокосных угодий). Кроме того, аласы имеют важное климатическое значение, поскольку являются активными источниками эмиссии парниковых газов. Микробные сообщества играют ключевую роль в трансформации захороненного и современного органического вещества, поступающего в аласные экосистемы в результате воздействия климатических и антропогенных факторов. Однако микробиологические исследования таких экосистем крайне редки. В данной работе охарактеризовано филогенетическое разнообразие микробных сообществ донных осадков трех аласных озер Центральной Якутии – Тюнгюлю, Табы и Харыялах. Установлено, что в осадках преобладают анаэробные хемогетеротрофные прокариоты, но вместе с тем выявлено большое разнообразие некультивируемых микрорганизмов с неизвестным метаболизмом. Показано, что микробные сообщества донных осадков могут быть индикаторами сельскохозяйственной нагрузки, которую испытывают озера. Микроорганизмы цикла метана имели высокую представленность в озере с наименьшей антропогенной нагрузкой.

Ключевые слова: термокарстовые озера, аласы, Центральная Якутия, климат, донные осадки, микробные сообщества, разнообразие, антропогенная нагрузка

DOI: 10.31857/S0026365625010063

На территории Центральной Якутии расположено большое количество озер различного происхождения, среди которых наиболее широко распространены термокарстовые. Термокарстовые котловины, или аласы, – это уникальные ландшафты криолитозоны, которые характеризуются сложной пространственной структурой и динамикой развития (Десяткин, 2021). В аласной котловине центральную часть, как правило, занимает озеро, а на склонах можно выделить несколько поясов прибрежноводной и луговой растительности. Такая структура обуславливает высокую хозяйственную значимость аласов (Desyatkin, Desyatkin, 2023). Озера являются источником пресной воды для хозяйственных и питьевых нужд, в то время как луга составляют значительную часть сенокосных и пастбищных

угодий республики. Местное население активно занимается животноводством, в первую очередь, выращиванием крупного рогатого скота и лошадей. Центральная Якутия является наиболее обжитой и заселенной частью Республики, поэтому хозяйственная деятельность приводит к высокой антропогенной нагрузке на аласные экосистемы этого региона (Босиков, 1991), в частности, к приносу значительного количества органического вещества и биогенов в озера.

Аласы занимают порядка 4.4 тыс. км², или 20–30% территории Центральной Якутии (Босиков, 1991), и являются климатически значимыми экосистемами вследствие высоких скоростей эмиссии парниковых газов с их территорий (Desyatkin et al., 2014; Hughes-Allen et al., 2021). Документально

зафиксированные климатические изменения (Кириллина, 2013; Горохов, Федоров, 2018), а также антропогенная нагрузка оказывают значимое влияние на ландшафт и гидрологию Центральной Якутии, приводя к постепенному увеличению суммарной площади озер, что должно повлиять на региональный цикл углерода через вероятное усиление эмиссии парниковых газов (Hughes-Allen et al., 2023). Высвобождение парниковых газов при этом может происходить как из тающих газонасыщенных многолетнемерзлых пород (Чербунина и соавт., 2017), так и в результате активности микробных сообществ, осуществляющих разложение захороненного и современного органического вещества (Kallistova et al., 2019). Таким образом, можно заключить, что на трансформацию органического вещества микробными сообществами аласных озер Центральной Якутии влияет комплекс климатических

и антропогенных факторов. В настоящее время нет ясности, какие из факторов более значимы.

Функциональный потенциал микробных сообществ в общих чертах может быть оценен по их филогенетическому составу. Поэтому целью данной работы стала первичная оценка влияния антропогенной нагрузки на разнообразие микробных сообществ донных осадков трех аласных озер (Тюнгюлю, Табы и Харыялах).

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

Объекты исследования. Озера Тюнгюлю (62.202739N; 130.655056E) и Табы (62.132187N; 130.268169E) расположены на правобережье Лены (рис. 1) на территории Мегино-Кангаласского

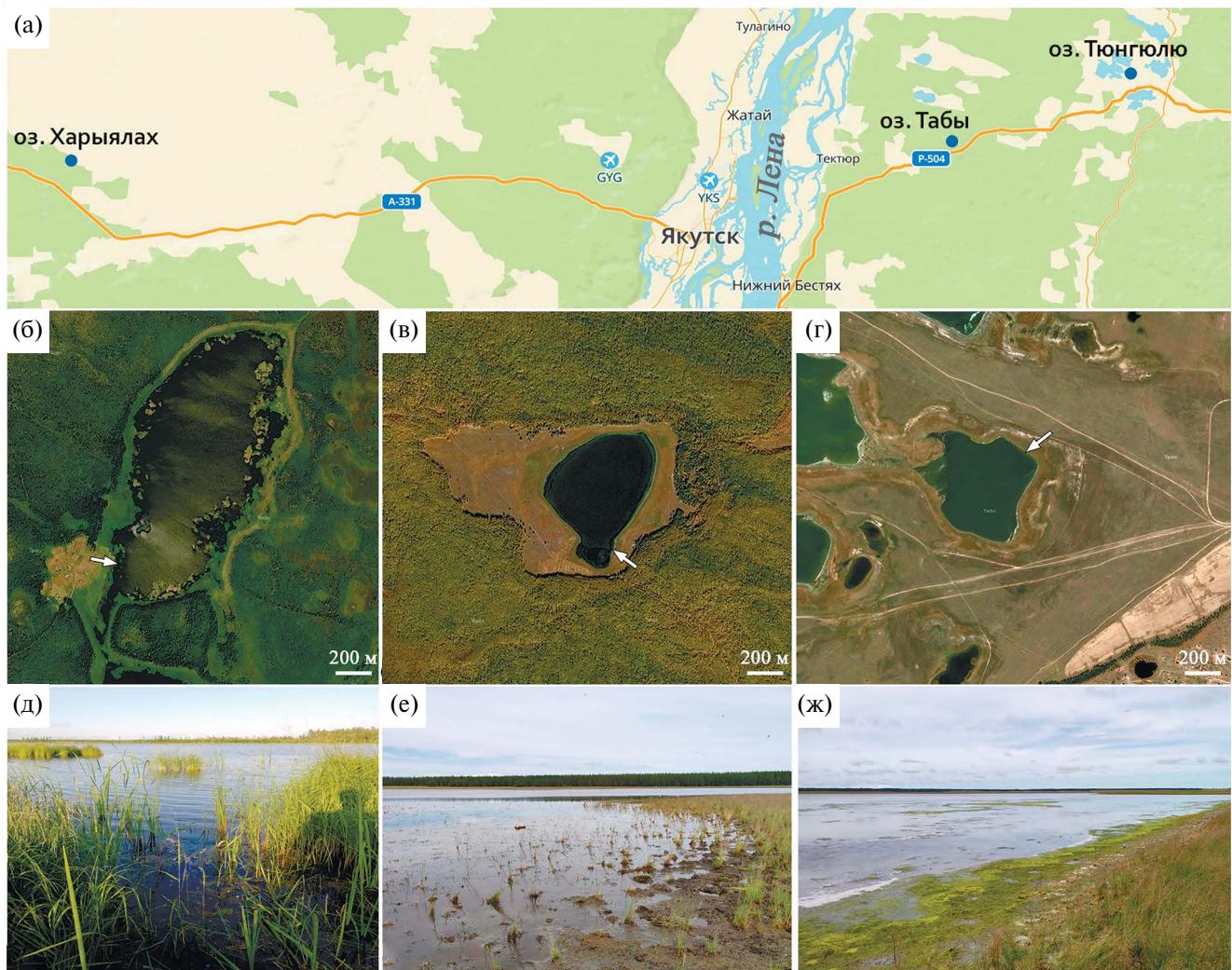


Рис. 1. Географическое положение (а), спутниковые снимки (б–г) и общий вид (д–ж) озер Харыялах (б, д), Табы (в, е) и Тюнгюлю (г, ж). Белые стрелки указывают на точки отбора образцов.

улуса (района) – самого маленького по площади, но при этом одного из наиболее населенных сельскохозяйственных улусов республики.

Здесь развито животноводство (мясо-молочное скотоводство, мясное табунное коневодство), а также выращивают зерновые, картофель, овощи и корневые культуры. Исследуемые озера расположены на территории двух сельских поселений – Тюнгюлюнского и Жанхадинского наслегов. По итогам Всероссийской переписи населения в 2020 г. численность постоянно проживающего населения в них составила 2137 и 1209 человек соответственно (Итоги ВПН, 2020). Озеро Тюнгюлю находится непосредственно в черте большого села Тюнгюлю, а на берегу лесного озера Табы производится выпас скота. Озера имеют небольшую площадь водной поверхности (0.24 и 0.31 км²). Озеро Харыялах (62.10725N; 128.37102E) расположено на левобережье Лены (рис. 1) рядом с одноименным селом в Горном улусе на особо охраняемой природной территории (ООПТ) ресурсного резервата республиканского значения “Харыалахский”. По итогам Всероссийской переписи населения в 2020 г. в селе Харыялах постоянно проживало 9 человек (Итоги ВПН, 2020). Площадь водной поверхности озера составляет 0.92 км². Таким образом, расположение исследованных озер указывает на неодинаковую степень антропогенной нагрузки, которую они испытывают, а разница в размерах – на разную способность микробных сообществ отвечать на эту нагрузку.

Физико-химические параметры исследованных озер были подробно описаны ранее (Самылина и соавт., 2024). Табы и Тюнгюлю являются

мезощелочными (рН 9.07 и 9.68 соответственно) мезогалинными (минерализация 1.72 и 3.15 г/л) озерами натриево-хлоридного типа. Харыялах является олигощелочным (рН 8.63) умеренно-пресным (минерализация 0.38 г/л) озером гидрокарбонатно-кальциевого типа. По концентрации фосфора все водоемы являются гипертрофными; по содержанию минерального азота оз. Тюнгюлю и Табы относятся к гипертрофным, а оз. Харыялах – к β-евтрофным водоемам.

Отбор образцов. Образцы донных осадков были отобраны в середине июля 2023 года одновременно с образцами воды, анализ которых был опубликован ранее (Самылина и соавт., 2024). Краткая характеристика отобранных образцов приведена в таблице. Содержание метана определяли методом фазово-равновесной дегазации (McAuliffe, 1971).

**Анализ филогенетического разнообразия про-
кариот в образцах.** Выделение ДНК, амплификацию, секвенирование, анализ фрагментов гена 16S рРНК, кластеризацию последовательностей в оперативные таксономические единицы (ОТЕ), удаление химерных последовательностей проводили по методикам, аналогичным работе с водой (Самылина и соавт., 2024). Таксономическую идентификацию ОТЕ проводили по базам данных Silva v.138.2, но названия таксонов высокого ранга корректировали согласно актуальным на октябрь 2024 года наименованиям. В частности, для домена Archaea произведены следующие переименования филумов: *Euryarchaeota* → *Methanobacteriota*, *Nanoarchaeota* → *Nanobdellota* (Göker, Oren, 2023), *Halobacterota* → *Halobacteriota* (Oren, Göker, 2024). Принадлежность таксонов более низкого ранга

Таблица. Краткая характеристика образцов донных осадков, собранных в трех исследованных алассных озерах Центральной Якутии

Озеро	Горизонт	Описание горизонтов	CH ₄ , мкМ	Индексы альфа-разнообразия микробных сообществ		
				Chao1	Simpson	Shannon_e
Табы	0–2 см	Обводненный серо-коричневый наилок	490.1	885.60	0.04	4.95
	2–10 см	Темный серо-коричневый мягкий, песчанистый, с газовыми пузырями и растительными остатками	32.6	916.40	0.02	5.26
	10–17 см	Темный серо-коричневый более плотный, песчанистый, с газовыми пузырями, много растительных остатков	233.0	853.50	0.02	5.06
Тюнгюлю	0–3 см	Обводненный серо-коричневый наилок	5.6	757.70	0.05	4.46
	3–8 см	Серый однородный плотный, с газовыми кавернами	100.7	661.20	0.03	4.69
	8–15 см	Серый однородный более плотный с газовыми кавернами	95.1	554.70	0.05	4.39
Харыялах	0–5 см	Рыжий рыхлый, состоит из разлагающихся растительных остатков	105.2	1414.10	0.01	6.11

к филумам приведена согласно публикациям с валидным описанием филумов. Последовательности, отнесенные по базам данных Silva v.138.2 к порядку *Woesearchaeales* филума *Nanoarchaeota*, при анализе данных были оставлены в составе филума *Nanobdellota* из-за невозможности корректного определения принадлежности большей части последовательностей, а также невалидного статуса филума “*Candidatus Woesearchaeota*” (Oren, Göker, 2023). В домене *Bacteria* произведено отделение порядка *Acholeplasmatales* от класса *Bacilli* филума *Bacillota* и отнесение его к классу *Mollicutes* филума *Mycoplasmatota* в соответствии с LPSN. Нуклеотидные последовательности фрагментов генов 16S рРНК, полученные в этой работе, депонированы в базу данных Sequence Read Archive NCBI в BioProject PRJNA1027611.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Диаграмма Венна для объединенных массивов данных (OTE всех горизонтов объединяли в общий массив для каждого озера) выявила существенные различия в составе микроорганизмов донных осадков трех озер – только 2.5% ОТЕ были общими (рис. 2).

При этом микробные сообщества как донных осадков, так и водной толщи (Самылина и соавт., 2024) из озер Табы и Тюнгюлю, близких по гидрохимическим параметрам и антропогенной нагрузке, имели больше сходства между собой, нежели с сообществами озера Харыялах, отличного по гидрохимии и антропогенной нагрузке. Индексы альфа-разнообразия (Chao1, Shannon_e, Simpson) указывают на высокое микробное разнообразие во всех образцах без явно выраженных доминант (таблица). При этом наибольшее разнообразие продемонстрировал образец из оз. Харыялах, тогда как образцы из оз. Тюнгюлю и Табы показали сравнительно меньшие богатство и выравненность.

Анализ разнообразия фрагментов гена 16S рРНК показал, что, хотя в микробных сообществах всех горизонтов донных осадков доминировали бактерии, доля архей была также высокой и составляла от 5.5 до 17.4% (рис. 3).

В осадках озера Табы среди архей преобладали представители филума *Nanobdellota* (до 10.6%), а среди бактерий – представители филумов *Mycoplasmatota* (до 29.5%), *Bacteroidota* (до 17.9%), “*Candidatus Patescibacteriota*” (до 17.3%), *Pseudomonadota* (до 15.9%) и *Acidobacteriota* (до 7.6%). В осадках озера Тюнгюлю среди архей преобладали *Thermoplasmata* (до 6.2%) и *Nanobdellota* (до 5.3%), среди бактерий – филумы *Mycoplasmatota* (до 35.6%), *Bacteroidota* (до 29.3%), “*Candidatus Patescibacteriota*” (до 13.5%), *Campylobacteriota* (до 13.1%) и *Acidobacteriota* (до 7.1%). В образце осадка из озера

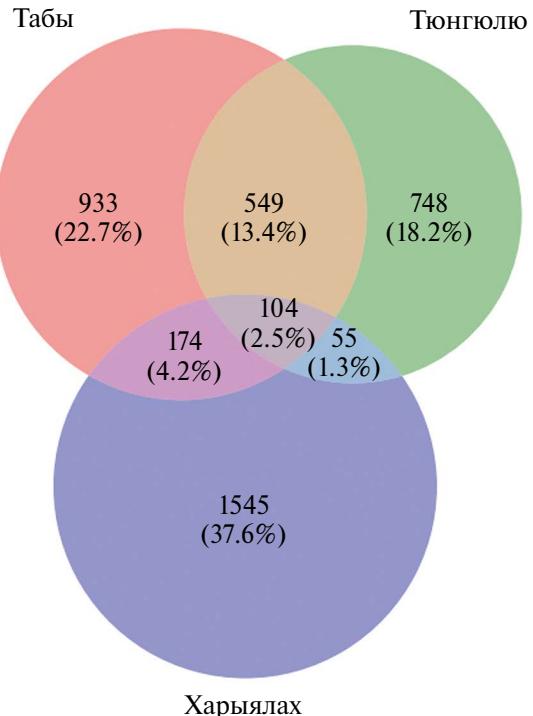


Рис. 2. Количество общих и уникальных ОТЕ в сообществах донных осадков трех алассных озер Центральной Якутии (диаграмма Венна). При построении диаграммы были объединены массивы данных всех горизонтов донных осадков для каждого озера; сравнивались объединенные массивы.

Харыялах доминировали археи филума *Halobacteriota* (11.8%) и бактерии филумов *Chloroflexota* (23.1%), *Bacteroidota* (17.4%) и *Pseudomonadota* (15.7%).

В осадках озер Табы и Тюнгюлю в значительном количестве (до 29.5 и до 35.6% соответственно) выявлены последовательности, отнесенные к порядку *Acholeplasmatales* (класс *Mollicutes*, филум *Mycoplasmatota*). Большая часть последовательностей (включая наиболее распространенные ОТЕ) могла быть идентифицирована только до уровня семейства *Acholeplasmataceae*, и лишь некоторые – до уровня рода *Acholeplasma*. Представители этого семейства – грамотрицательные факультативно анаэробные хемоорганотрофные бактерии, которые имеют различные экологические свойства и среду обитания. Бактерии рода *Acholeplasma* обычно присутствуют в биологических жидкостях позвоночных животных, особенно в верхних дыхательных и мочеполовых путях, и считаются преимущественно комменсалами (хотя не исключена и их патогенность). Известны также свободноживущие сапротрофные виды *Acholeplasma* (Brown et al., 2015). Другие некультивируемые представители семейства являются патогенами растений (“*Candidatus Phytoplasma*”), передающимися через равнокрылых насекомых,

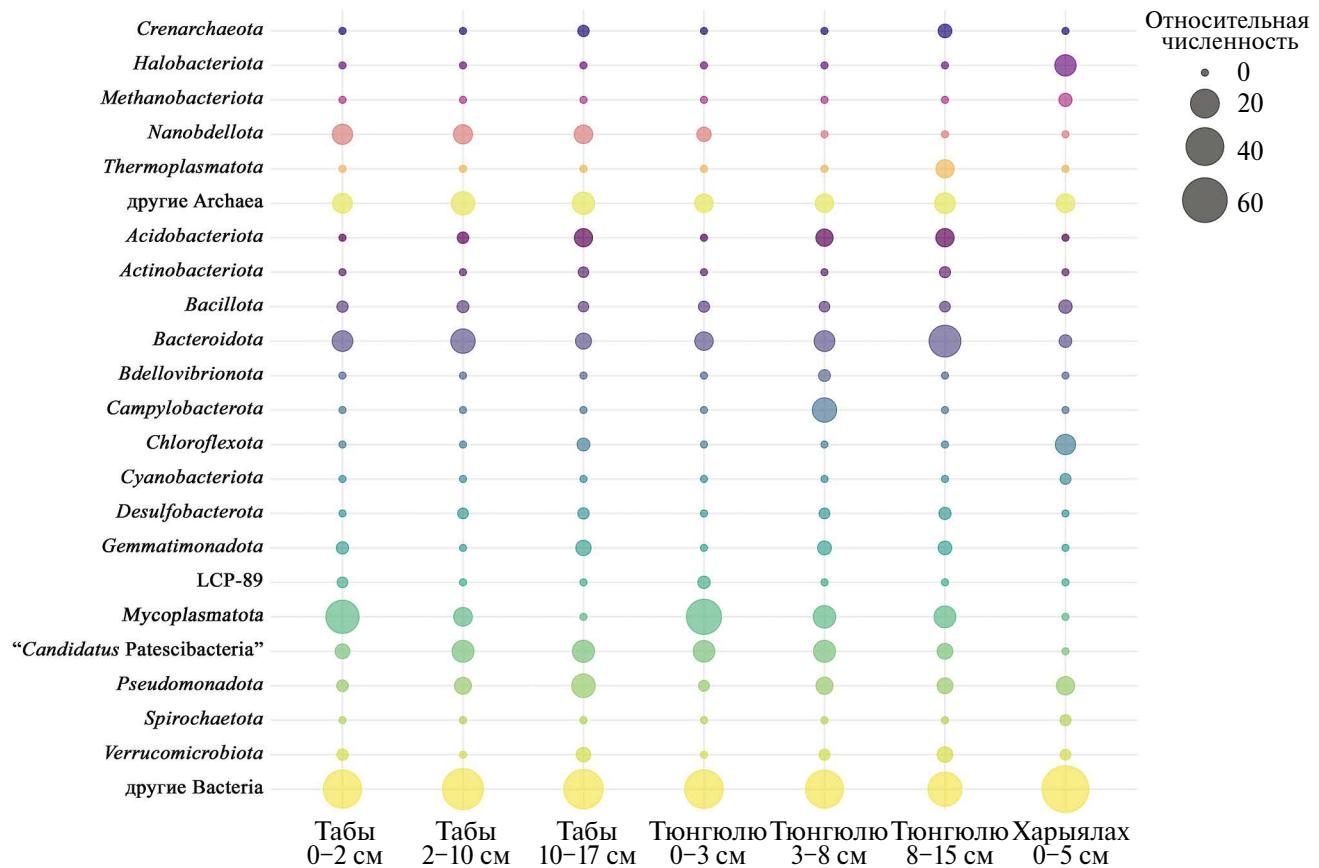


Рис. 3. Развитие микробных сообществ донных осадков трех аласских озер Центральной Якутии на уровне филумов. Представлены филумы, относительная численность которых превышала 0.5%. Филумы с относительной численностью ниже 0.5% объединены в “другие Archaea” и “другие Bacteria”.

питающихся флоэмой (Martini et al., 2014). Кроме того, в осадках этих озер (Табы, до 11.9%; Тюнгюлю, до 2.6%) выявлены последовательности, относящиеся к семейству *Paludibacteraceae* (филум *Bacteroidota*). Представители этого семейства являются типичным и многочисленным компонентом микробиоты желудочно-кишечного тракта теплокровных животных. Характер их взаимодействия с хозяином до конца не ясен: предположительно, они являются типичными бродильщиками-комменсалами, однако наличие множественных потенциальных пептидаз уклонения от иммунного ответа в геномах представителей *Paludibacteraceae* может указывать на их способность вызывать оппортунистические инфекции (Ormerod et al., 2016). Учитывая антропогенную нагрузку, связанную, в частности, с выпасом скота рядом с озерами Табы и Тюнгюлю, высокая представленность ОТЕ, относящихся к семействам *Acholeplasmataceae* и *Paludibacteraceae*, в этих озерах неудивительна. Однако остается неясным, имеют ли эти микроорганизмы негативное воздействие на сельскохозяйственных животных в этой местности.

В микробных сообществах донных осадков присутствуют и другие свидетельства, отражающие сельскохозяйственную нагрузку на эти озера. В образцах из Тюнгюлю выявлена высокая относительная численность ОТЕ, отнесенных к некультивируемому семейству BSV26 филума *Bacteroidota* (до 20.5%) и семейству *Sulfurimonadaceae* филума *Campylobacterota* (до 12.9%). Представители группы BSV26 детектируются в многолетнемерзлых почвах (Liu et al., 2024), но их физиологическая роль остается неясной. Есть свидетельства возможного участия BSV26 в деградации стойких органических загрязнителей, часто встречающихся в сельскохозяйственных почвах, в частности, бензпирена и дебромдифенилового эфира (Zhang et al., 2024). Последовательности ОТЕ семейства *Sulfurimonadaceae* относились преимущественно к хемолитоавтотрофному роду *Sulfurimonas*, участвующему в цикле серы и азота (Han, Perner, 2015). В озере Табы выявлена высокая относительная численность представителей семейства *Nitrosomonadaceae* филума *Pseudomonadota* (до 8.3%), осуществляющих аэробное окисление аммония (Prosser et al., 2014).

Кроме этого, микробные сообщества озер Табы и Тюнгюлю изобилуют некультивируемыми микроорганизмами с неизвестными функциями, относящимися к бактериям филума *Acidobacteriota*, суперфилума “*Candidatus Patescibacteria*” и археям филума *Nanobdellota* (включая “*Candidatus Woesearchaeota*”) (рис. 3), которых часто относят к категории “микробной темной материи”. Среди представителей филума *Acidobacteriota* в обоих озерах преобладали последовательности, отнесенные к филогенетической группе ранга класса “subdivision 7” (Dedysh, Yilmaz, 2018). Относительная численность таких ОТЕ изменялась от 0.1–0.2% в верхних горизонтах до 6.4% в нижних горизонтах осадков обоих озер, что может говорить об их потенциально высокой функциональной значимости в анаэробных горизонтах. Ранее представителей этой группы детектировали в почвах разных регионов мира (Jones et al., 2009; Navarrete et al., 2013), в том числе в зоне прерывистой многолетней мерзлоты (Liu et al., 2024). Однако до сих пор не известны ни культивируемые представители этой группы, ни предсказания их метаболизма на основании анализа метагеномных данных.

Среди последовательностей, относящихся к суперфилуму “*Candidatus Patescibacteria*”, в озере Табы преобладали представители “*Candidatus Nomuraibacteriota*” (до 8.3%), в Тюнгюлю – представители “*Candidatus Falkowii bacteriota*” (до 5.8%), а также в обоих озерах было выявлено до 5.5% неклассифицированных “*Candidatus Patescibacteria*”. Представления о предполагаемой физиологии “*Candidatus Patescibacteria*” основаны преимущественно на анализе метагеномных данных (Brown et al., 2015; Anantharaman et al., 2016; Castelle et al., 2018; Tian et al., 2020). Общей чертой этой группы является небольшой размер генома с ограниченными биосинтетическими и метаболическими возможностями, в связи с чем этим бактериям приписываю- ют эпсисимбиотический или паразитический образ жизни и бродильный метаболизм. Функциональная активность и экофизиология этих микроорганизмов в *in situ* условиях напрямую не изучена, что оставляет неясной роль этой группы в экосистемах.

Микробные сообщества донных осадков озера Харыялах существенно отличались от двух других озер. Здесь ключевую роль играли микроорганизмы цикла метана. Общая относительная численность метаногенных архей составила 13.9%, метанотрофных бактерий – 5.1% от всех ОТЕ в сообществе. Для сравнения, в осадках озер Табы и Тюнгюлю общая относительная численность метаногенов не превышала 0.2%, а метанотрофов – 0.3%. Метаногены были представлены филумами *Halobacteriota* (классы *Methanoscincinaria* и *Methanomicrobia*), *Methanobacteriota* (класс *Methanobacteria*), и *Thermoplasmatota* (класс *Thermoplasmata*), а метанотрофы – бактериями филума *Pseudomonadota* (класс *Gammaproteobacteria*, порядок *Methylococcales*, сем. *Methylomonadaceae*

и *Methylococcaceae*). Причины, по которым в Тюнгюлю и Табы практически отсутствуют классические микроорганизмы цикла метана, остаются неясными. Учитывая, что измеренное нами содержание метана в донных осадках было сопоставимым в озерах Харыялах и Тюнгюлю (101–105 мкмоль/л) и достигало 490 мкмоль/л в осадках оз. Табы (таблица), полученный результат можно рассматривать как артефактный, требующий дополнительных исследований.

Другие микроорганизмы донных осадков озера Харыялах были представлены в основном разнообразными анаэробными хемоорганотрофными бактериями, среди которых нельзя было выделить явно доминирующие ОТЕ (максимальная относительная численность 1.7%). Среди них были распространены представители семейств *Anaerolineaceae* (филума *Cloroflexota*), *Clostridiaceae* (филум *Bacillota*), *Rhodocyclaceae* (филум *Pseudomonadota*), *Williamwhitmaniaceae* и *Lentimicrobiaceae* (филум *Bacteroidota*). Неожиданным при этом оказалось присутствие в осадке цианобактерий. Как и в случае с микробными сообществами водной толщи (Самылина и соавт., 2024), озеро Харыялах оказалось единственным из трех изученных, где были выявлены ОТЕ филума *Cyanobacteriota* (3.7%). Но, в отличие от воды, в осадке преобладали нитчатые негетероцистные представители семейств *Nodosilineaceae* (1.0%) и *Pseudanabaenaceae* (0.5%).

Таким образом, филогенетический анализ микробных сообществ донных осадков трех алассных озер с разной степенью антропогенной нагрузки выявил существенные различия в их разнообразии. В небольших по площади и активно эксплуатируемых человеком озерах Тюнгюлю и Табы преобладали микроорганизмы, характерные для желудочно-кишечного тракта и биологических жидкостей теплокровных животных, что является следствием развитого животноводства в районе расположения этих озер. Выявленные микроорганизмы, по всей видимости, являются комменсалами, однако нельзя исключить и их патогенность. Подобные микроорганизмы не были выявлены в микробном сообществе ни донных осадков, ни водной толщи (Самылина и соавт., 2024) более крупного и расположенного на ООПТ озера Харыялах. Здесь преобладали микроорганизмы цикла метана и присутствовала первично-продукционная ветвь, указывая на автономность микробных сообществ. Кроме того, в исследованных образцах донных осадков всех трех озер были выявлены разнообразные некультивируемые микроорганизмы, для части которых неизвестны даже предсказания метаболизма, основанные на метагеномных данных.

Полученные нами результаты подчеркивают фундаментальную научную и практическую значимость микробиологического изучения алассных озер Центральной Якутии. Анализ разнообразия микробных сообществ водной толщи (Самылина

и соавт., 2024) и донных осадков (данное исследование) озер Тюнгюлю, Табы и Харыялах выявил уникальные черты их экосистем. С одной стороны, разнообразие и высокая представленность некультивируемых микроорганизмов с неясными функциями позволяет рассматривать озера Центральной Якутии как перспективный источник выделения новых микроорганизмов. С другой стороны, понимание структуры и функционирования микробных сообществ озер этого региона способствует выявлению взаимосвязи климатических и антропогенных факторов с динамикой процессов трансформации органического вещества и эмиссии парниковых газов. Наконец, анализ функционального разнообразия микробных сообществ донных осадков может быть использован для практической оценки антропогенной нагрузки на алассные экосистемы, предсказания санитарного состояния озер и возможностей рационального их использования местным населением.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Полевые работы, обработка образцов и анализ молекулярно-биологических данных выполнены сотрудниками ФИЦ Биотехнологии РАН при поддержке проекта РНФ № 22-14-00038 и госзадания ФИЦ Биотехнологии РАН. Работа Габышева В.А. выполнялась в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования РФ по проекту № FWRS-2021-0023, ЕГИСУ НИ-ОКТР №ААА-А21-121012190038-0.

СОБЛЮДЕНИЕ ЭТИЧЕСКИХ СТАНДАРТОВ

Настоящая статья не содержит результатов исследований, в которых в качестве объектов использовались люди или животные.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Босиков Н.П. Эволюция алассов Центральной Якутии. Якутск: ИМЗ СО РАН, 1991. 128 с.
Горюхов А.Н., Федоров А.Н. Современные тенденции изменения климата в Якутии // География и природные ресурсы. 2018. № 2. С. 111–119.
[https://doi.org/10.21782/GIPR0206-1619-2018-2\(111-119\)](https://doi.org/10.21782/GIPR0206-1619-2018-2(111-119))

Gorokhov A.N., Fedorov A.N. Current trends in climate change in Yakutia // Geography and Natural Resources. 2018. V. 39. № 2. P. 153–161.
<https://doi.org/10.1134/S1875372818020087>

Десяткин Р.В. Алассные экосистемы – основа развития скотоводства в суровых природно-климатических условиях Якутии // Наука и техника в Якутии. 2021. № 2 (41). С. 13–18.
<https://doi.org/10.24412/1728-516X-2021-2-13-18>

Итоги Всероссийской переписи населения 2020 г. Том 1. Численность и размещение населения. 5. Численность населения городских округов, муниципальных районов, городских и сельских поселений, городских населенных пунктов, сельских населенных пунктов // Электронный ресурс:
<https://14.rosstat.gov.ru/folder/179476>

Каллистова А.Ю., Саввичев А.С., Рusanov И.И., Пименов Н.В. Термокарстовые озера – экосистемы с интенсивными микробными процессами цикла метана // Микробиология. 2019. Т. 88. С. 631–644.
<https://doi.org/10.1134/S0026365619060041>

Kallistova A.Yu., Savvichev A.S., Rusanov I.I., Pimenov N.V. Thermokarst lakes, ecosystems with intense microbial processes of the methane cycle // Microbiology (Moscow). 2019. V. 88. P. 649–661.
<https://doi.org/10.1134/S0026261719060043>

Кириллина К.С. Современные тенденции изменения климата Республики Саха (Якутия) // Ученые записки Российской государственной гидрометеорологической академии. 2013. № 30. С. 69–77.

Самылина О.С., Габышева О.И., Габышев В.А., Кадников В.В., Белецкий А.В., Косякова А.И., Каллистова А.Ю., Пименов Н.В. Планктонные микробные сообщества термокарстовых озер Центральной Якутии демонстрируют высокое разнообразие некультивируемых прокариот с неохарактеризованными функциями // Микробиология. 2024. Т. 93. С. 101–108.
<https://doi.org/10.31857/S0026365624020013>

Samylina O.S., Gabysheva O.I., Gabyshev V.A., Kadnikov V.V., Beletsky A.V., Kosyakova A.I., Kallistova A.Yu., Pimenov N.V. Planktonic microbial communities of thermokarst lakes of Central Yakutia demonstrate a high diversity of uncultivated prokaryotes with uncharacterized functions // Microbiology (Moscow). 2024. V. 93. P. 121–127.
<https://doi.org/10.1134/S0026261723603561>

Чербунина М.Ю., Шмелев Д.Г., Брушков А.В., Казанцев В.С., Аргунов Р.Н. Закономерности распределения метана в верхних горизонтах многолетнемерзлых пород Центральной Якутии // Вестн. Моск. ун-та. Сер. 4. Геология. 2017. № 6. С. 105–112.
<https://doi.org/10.33623/0579-9406-2017-6-105-112>

Anantharaman K., Brown C.T., Hug L.A., Sharon I., Castelle C.J., Probst A.J., Thomas B.C., Singh A., Wilkins M.J., Karaoz U., Brodie E.L., Williams K.H., Hubbard S.S., Banfield J.F. Thousands of microbial genomes shed light on interconnected biogeochemical

- processes in an aquifer system // *Nat. Commun.* 2016. V. 7. Art. 13219.
<https://doi.org/10.1038/ncomms13219>
- Brown C. T., Hug L.A., Thomas B.C., Sharon I., Castelle C.J., Singh A., Wilkins M.J., Wrighton K.C., Williams K.H., Banfield J.F.* Unusual biology across a group comprising more than 15% of domain Bacteria // *Nature*. 2015. V. 523. P. 208–211.
<https://doi.org/10.1038/nature14486>
- Brown D.R., Bradbury J.M., Johansson K.-E. Acholeplasma* // *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* / John Wiley & Sons, Ltd. Chichester, UK: 2015. P. 1–13.
<https://doi.org/10.1002/9781118960608.gbm01256>
- Castelle C.J., Brown C.T., Anantharaman K., Probst A.J., Huang R.H., Banfield J.F.* Biosynthetic capacity, metabolic variety and unusual biology in the CPR and DPANN radiations // *Nat. Rev. Microbiol.* 2018. V. 16. P. 629–645.
<https://doi.org/10.1038/s41579-018-0076-2>
- Dedysh S.N., Yilmaz P.* Refining the taxonomic structure of the phylum Acidobacteria // *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2018. V. 68. P. 3796–3806.
<https://doi.org/10.1099/ijsem.0.003062>
- Desyatkin R.V., Desyatkin A.R.* Ecosystems of alas landscapes – the basis for the development of cattle breeding in the harsh natural and climatic conditions of the permafrost zone // *Land*. 2023. V. 12. Art. 288.
<https://doi.org/10.3390/land12020288>
- Desyatkin A.R., Takakai F., Hatano R.* Flood effect on CH₄ emission from the alas in Central Yakutia, East Siberia // *Soil Sci. Plant Nutrit.* 2014. V. 60. P. 242–253.
<https://doi.org/10.1080/00380768.2014.883486>
- Göker M., Oren A.* Valid publication of four additional phylum names // *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2023. V. 73. Art. 006024.
<https://doi.org/10.1099/ijsem.0.006024>
- Han Y., Perner M.* The globally widespread genus *Sulfurimonas*: versatile energy metabolisms and adaptations to redox clines // *Front. Microbiol.* 2015. V. 6. Art. 989.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.00989>
- Hughes-Allen L., Bouchard F., Séjourné A., Fougeron G., Léger E.* Automated identification of thermokarst lakes using machine learning in the ice-rich permafrost landscape of Central Yakutia (Eastern Siberia) // *Remote Sensing*. 2023. V. 15. Art. 1226.
<https://doi.org/10.3390/rs15051226>
- Hughes-Allen L., Bouchard F., Laurion I., Séjourné A., Marlin C., Hatté C., Costard F., Fedorov A., Desyatkin A.* Seasonal patterns in greenhouse gas emissions from thermokarst lakes in Central Yakutia (Eastern Siberia) // *Limnol. Oceanogr.* 2021. V. 66. № S1. P. S98–S116.
<https://doi.org/10.1002/lno.11665>
- Jones R. T., Robeson M. S., Lauber C. L., Hamady M., Knight R., Fierer N.* A comprehensive survey of soil acidobacterial diversity using pyrosequencing and clone library analyses // *ISME J.* 2009. V. 3. P. 442–453.
<https://doi.org/10.1038/ismej.2008.127>
- Liu Q., Song L., Zou S., Wu X., Zang S.* Distribution characteristics and driving factors of the bacterial community structure in the soil profile of a discontinuous permafrost region // *Forests*. 2024. V. 15. Art. 1456.
<https://doi.org/10.3390/f15081456>
- Martini M., Marcone C., Lee I. M., Firrao G.* The Family *Acholeplasmataceae* (Including Phytoplasmas) // *The Prokaryotes* / Eds. Rosenberg E., DeLong E.F., Lory S., Stackebrandt E., Thompson F. Berlin, Heidelberg: Springer, 2014.
https://doi.org/10.1007/978-3-642-30120-9_387
- McAuliffe C.C.* GC determination of solutes by multiple phase equilibrium // *Chem. Technol.* 1971. V. 1. P. 46–51.
- Navarrete A.A., Kuramae E.E., de Hollander M., Pijl A.S., van Veen J.A., Tsai S.M.* Acidobacterial community responses to agricultural management of soybean in Amazon forest soils // *FEMS Microbiol. Ecol.* 2013. V. 83. P. 607–621.
<https://doi.org/10.1111/1574-6941.12018>
- Oren A., Göker M.* *Candidatus* List. Lists of names of prokaryotic *Candidatus* phyla // *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2023. V. 73. Art. 005821.
<https://doi.org/10.1099/ijsem.0.005821>
- Oren A., Göker M.* Validation List no. 215. Valid publication of new names and new combinations effectively published outside the IJSEM // *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2024. V. 74.
<https://doi.org/10.1099/ijsem.0.006173>
- Ormerod K. L., Wood D. L. A., Lachner N., Gellatly S. L., Daly J. N., Parsons J. D., Dal'Molin C. G. O., Palfreyman R. W., Nielsen L. K., Cooper M. A., Morrison M., Hansbro P. M., Hugenholtz P.* Genomic characterization of the uncultured *Bacteroidales* family S24-7 inhabiting the guts of homeothermic animals // *Microbiome*. 2016. V. 4. Art. 36.
<https://doi.org/10.1186/s40168-016-0181-2>
- Prosser J. I., Head I. M., Stein L. Y.* The Family *Nitrosoomonadaceae*. // *The Prokaryotes* / Eds. Rosenberg E., DeLong E.F., Lory S., Stackebrandt E., Thompson F. Berlin, Heidelberg: Springer, 2014.
https://doi.org/10.1007/978-3-642-30197-1_372
- Tian R., Ning D., He Z., Zhang P., Spencer S. J., Gao S., Shi W., Wu L., Zhang Y., Yang Y., Adams B. G., Rocha A. M., Detienne B. L., Lowe K. A., Joyner D. C., Klingeman D. M., Arkin A. P., Fields M. W., Hazen T. C., Stahl D. A., Alm E. J., Zhou J.* Small and mighty: adaptation of superphylum *Patescibacteria* to groundwater environment drives their genome simplicity // *Microbiome*. 2020. V. 8. Art. 51.
<https://doi.org/10.1186/s40168-020-00825-w>
- Zhang S., Wang Z., Yi L., Ye X., Suo F., Chen X., Lu X.* Bacterial response to the combined pollution of benzo[a]pyrene and decabromodiphenyl ether in soil under flooding anaerobic condition // *J. Hazard Mater.* 2024. V. 465. Art. 133137.
<https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2023.133137>

EXPERIMENTAL ARTICLES

Microbial Communities of Bottom Sediments of Alas Lakes of Central Yakutia as Indicators of Agricultural Load

O. S. Samylina¹, V. A. Gabyshev², A. I. Kosyakova¹, V. V. Kadnikov³,
A. V. Beletsky³, N. V. Pimenov¹

¹*Winogradsky Institute of Microbiology, Research Center of Biotechnology, Russian Academy of Sciences,
Moscow, 119071 Russia*

²*Institute for Biological Problems of Cryolithozone, Siberian Branch, Russian Academy of Sciences,
Yakutsk 677980, Russia*

³*Skryabin Institute of Bioengineering, Research Center of Biotechnology, Russian Academy of Sciences,
Moscow, 119071 Russia*

*e-mail: olga.samylina@gmail.com

Abstract. Alas (thermokarst) basins with lakes are unique landscapes of the cryolithozone, widespread in the territory of Central Yakutia and traditionally used by the indigenous population for household needs (as sources of water, pastures and hayfields). In addition, alases are of great climatic importance, since they are active sources of greenhouse gas emissions. Microbial communities play a key role in the transformation of buried and modern organic matter entering alas ecosystems as a result of the impact of climatic and anthropogenic factors. However, microbiological studies of such ecosystems are extremely rare. This paper characterizes the phylogenetic diversity of microbial communities in the bottom sediments of three alas lakes in Central Yakutia – Tyungyulyu, Taby and Kharyyalakh. It was found that anaerobic chemoheterotrophic prokaryotes predominate in the sediments, but at the same time a large diversity of uncultured microorganisms with unknown metabolism was revealed. It is shown that microbial communities of bottom sediments can be indicators of agricultural load experienced by lakes. Microorganisms of the methane cycle were highly represented in the lake with the lowest anthropogenic load.

Keywords: thermokarst lakes, alas, Central Yakutia, climate, bottom sediments, microbial communities, diversity, anthropogenic load