



Ученые ОИЯИ обнаружили новые роды микроорганизмов в Баксанской нейтринной обсерватории

Новости, 15 января 2025

В рамках исследования подземного микробного сообщества гидротермального источника, расположенного на глубине около 2 километров в тоннеле [Баксанской нейтринной обсерватории ИЯИ РАН](#), сотрудниками [Лаборатории ядерных проблем ОИЯИ](#) было обнаружено и проанализировано ранее неизвестное сообщество из 19 микроорганизмов, среди которых присутствуют новые роды бактерий. Результаты работы ученых расширят представления о биоразнообразии глубоких подземных экосистем, способах адаптации к обитанию глубоко под землей, а также позволят найти применение уникальным функциональным генам из таких микробиомов в биотехнологическом производстве и биоремедиации загрязненных сред.



Фото из архива Михаила Зарубина (ЛЯП ОИЯИ)

Подземные микробные сообщества, обитающие в экстремальных условиях глубоких гидротермальных систем, представляют значительный научный интерес, однако их исследование ограничено труднодоступностью этих сред обитания. Расположенная в одном из ущелий Кавказского горного хребта в Кабардино-Балкарии ([Россия](#)) Баксанская нейтринная обсерватория (БНО) [ИЯИ РАН](#) является одной из таких уникальных исследовательских платформ, обеспечивающих доступ к подземным горячим источникам. Благодаря этому открываются новые возможности для изучения подземных экстремофилов (микроорганизмов, адаптированных к экстремальным условиям среды обитания) и определения их биотехнологического потенциала.

В ходе анализа собранных проб из неиспользуемой части тоннеля БНО ученые смогли получить 19 высококачественных геномов (MAGs), восстановленных из метагеномных данных исследуемого микробного сообщества. Доминирующими таксонами в этом сообществе оказались представители Pseudomonadota (включая классы гамма-, бета- и альфапротеобактерий), Planctomycetota, Мухосoccota, Nitrospirota, Cyanobacteria, Gemmatimonadota и Armatimonadota. Все 19 геномов микроорганизмов были официально зарегистрированы в открытой базе данных генетических последовательностей [GenBank](#) Национального Института здоровья ([NIH](#)) США и доступны для свободного использования другими учеными.

Подробнее с результатами работы сотрудников сектора молекулярной генетики клетки ЛЯП ОИЯИ можно [ознакомиться](#) в журнале Microbiology Resource Announcements. Авторы публикации: Кирилл Тарасов, Елена Кравченко, Михаил Зарубин, Алена Яхненко. Исследование поддержано Российским научным фондом ([РНФ](#)).

ПРЕССА

17 января 2025, РНФ

Ученые ОИЯИ обнаружили новые роды микроорганизмов в Баксанской нейтринной обсерватории