

© Коллектив авторов, 2023

УДК. 576.25

*В.Э. Трубицын, А.Г. Захарюк, В.А. Щербакова*

## **ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АДАПТАЦИИ МЕТАНОГЕННЫХ АРХЕЙ РОДА METHANOBACTERIUM К ИСПОЛЬЗОВАНИЮ СОЕДИНЕНИЙ ЖЕЛЕЗА В УСЛОВИЯХ ВЕЧНОЙ МЕРЗЛОТЫ**

ФИЦ ПНЦБИ РАН, Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, Пушкино, Московская обл., Россия

*Цель.* При использовании биоинформатических методов анализа обнаружить генетические адаптации водородиспользующих метаногенов рода *Methanobacterium* к условиям вечной мерзлоты, и определить роль этих микроорганизмов в круговороте железа.

*Материалы и методы.* Для сравнительного исследования были проанализированы геномные последовательности четырёх арктических штаммов и двух ближайших к ним штаммов метаноархей, выделенных при умеренных температурах. Далее был проведен поиск уникальных для арктических штаммов белков и установление их роли, а затем анализ изменения распространённости отдельных белковых групп по аннотациям двух баз данных.

*Результаты.* Среди общих генов арктических метаноархей обнаружены флавин-редуктазы и изохаризматазы, заимствованные независимо двумя группами штаммов у бактерий разных таксономических групп. Эти гены связаны с приспособлением к дефициту железа, можно предположить, что кодируемые этими генами белки достаточно значимы для выживания в условиях вечной мерзлоте. Анализ аннотаций по базам данных показал, что у арктических метаноархей увеличилось количество флавин-редуктаз, липокалинов (связанных, в том числе, с транспортом железа) и мембранных транспортёров двухвалентных металлов. Уменьшилось количество белков с железосерными кластерами, ферредоксинов, рубредоксинов. Исходя из данных предыдущего опыта, можно предположить, что эти адаптации связаны с компенсацией дефицита железа, а именно с утратой части железосодержащих белков или их заменой на флавин-содержащие, а также с увеличением количества переносчиков двухвалентных ионов.

*Заключение.* Полученные результаты позволяют предположить существование сложной взаимосвязи биогеохимических циклов железа и метана в арктических отложениях.

*Ключевые слова:* метаногенез, круговорот железа, анализ геномов, вечная мерзлота.

---

---

*V.E. Trubitsyn, A.G. Zakharyuk, V.A. Shcherbakova*

## **GENETIC ADAPTATIONS OF METHANOGENIC ARCHAEA OF THE METHANOBACTERIUM GENUS TO THE USE OF IRON COMPOUNDS IN PERMAFROST CONDITIONS**

FRC PSCBR RAS, Institute of Biochemistry and Physiology of Microorganisms named after G.K. Skryabin RAS, Pushchino, Moscow region, Russia

*Aim.* Using bioinformatic methods of analysis, to detect genetic adaptations of hydrogen-using methanogens of the *Methanobacterium* genus to permafrost conditions, and to determine the role of these microorganisms in the iron cycle.

*Materials and methods.* For a comparative study, we analyzed the genomic sequences of four Arctic strains and two strains methanogens closest to them, isolated at moderate temperatures. Next, a search for proteins unique to the Arctic strains was made and their role was determined, and then an analysis of changes in the prevalence of individual protein groups was car-

ried out according to the annotations of two databases.

*Results.* Flavin reductases and isocharismatases, borrowed independently by two groups of strains from bacteria of different taxonomic groups, were found among the common genes of arctic methanoarchaea. These genes are associated with adaptation to iron deficiency, it can be assumed that the proteins encoded by these genes are significant enough for survival in permafrost conditions. An analysis of database annotations showed that the number of flavin reductases, lipocalins (associated, among other things, with iron transport), and divalent metal membrane transporters increased in Arctic methanoarchaea. The quantity of proteins with iron-sulfur clusters, ferredoxins, rubredoxins decreased. Based on previous experience, it can be assumed that these adaptations are associated with iron deficiency compensation, namely, with the loss of some iron-containing proteins or their replacement with flavin-containing ones, as well as with an increase in the number of divalent ion carriers.

*Conclusion.* The obtained results allow us to assume the existence of a complex relationship between the biogeochemical cycles of iron and methane in Arctic deposits.

*Key words:* methanogenesis, iron cycle, genome analysis, permafrost.