

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ЭЛЕМЕНТОВ ФРАКТАЛЬНОГО АНАЛИЗА В ИССЛЕДОВАНИЯХ СЕТЕВЫХ СТРУКТУР ПОЧВЕННЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ

Воробьев Н.И.¹, Проворов Н.И.¹, Пищик В.Н.², Свиридова О.В.¹

¹ФГБНУ ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, РФ,

Nik.IvanVorobyov@yandex.ru.

²ФГБНУ Агрофизический институт, Санкт-Петербург, РФ, veronica-bio@rambler.ru

Аннотация. Разработана математическая методика, использующая кластерный и фрактальный анализ частот-таксономических молекулярно-генетических данных микробных сообществ. Методика позволяет определять численность и состав функциональных групп микроорганизмов, объединенных в сетевую структуру и реализующих поэтапное разложение органических субстратов в почве.

Введение

В настоящее время приборный инструментарий молекулярной биологии пополнился высокоточными и производительными измерительными приборами. Теперь стало возможным оперативно получать информацию о количественном и качественном составе почвенных микробных сообществ как для культивируемых, так и некультивируемых форм микроорганизмов. Полимеразная цепная реакция, лежащая в основе этих устройств, на выходе дает с высоким разрешением спектры оперативно таксономических единиц (ОТЕ), отражающих широкое разнообразие микробных генотипов в исследуемых почвенных образцах. Для обработки лавинно возрастающего объема этих молекулярно-генетических данных стала актуальной задача создания специальной математической методики их обработки и извлечения из них информации о механизмах адаптации микробных сообществ к локальным экологическим почвенным условиям.

Задачей данного исследования является разработка математической методики анализа частотно-таксономических спектров почвенных микробных сообществ, получаемых молекулярно-генетическими методами, и извлечения из них информации о функциональных группах микроорганизмов и образовании ими сетевых структур.

Математическая методика анализа частотно-таксономических спектров почвенных микробных сообществ

Почвенные микроорганизмы обладают высокой мобильностью, способностью быстро менять свою численность и быстро перенастраиваться на разложение различных органических субстратов. При этом одну биохимическую функцию могут дублировать несколько различных по генотипу микроорганизмов, объединенных в функциональную группу микроорганизмов (ФГМ) (Воробьев, 2011). Возникающее генетическое разнообразие микроорганизмов ФГМ, необходимо для повышения скорости и надежности реализации сложных многошаговых биохимических реакций. В то же время, полифункциональные свойства микроорганизмов делают их способными, в зависимости от экологической ситуации, встраиваться в различные ФГМ. Следовательно, мультифункциональные свойства микроорганизмов не позволяют определить принадлежность микроорганизмов к ФГМ только по таксономическим данным ОТЕ, и для этого необходимо использовать частотные данные.

На первом шаге разрабатываемой математической методики нами предлагается анализировать группировку ОТЕ по их частотам встречаемости. При этом предполагается, что нагрузки главной биохимической реакции ФГМ распределяются равномерно между микроорганизмами, входящими в состав ФГМ, и, поэтому, частоты встречаемости ОТЕ внутри кластеров должны быть близки. На рисунке представлен пример кластерного анализа реального спектра частот встречаемости ОТЕ. На первом шаге все ОТЕ сгруппировались в 8 ФГМ.

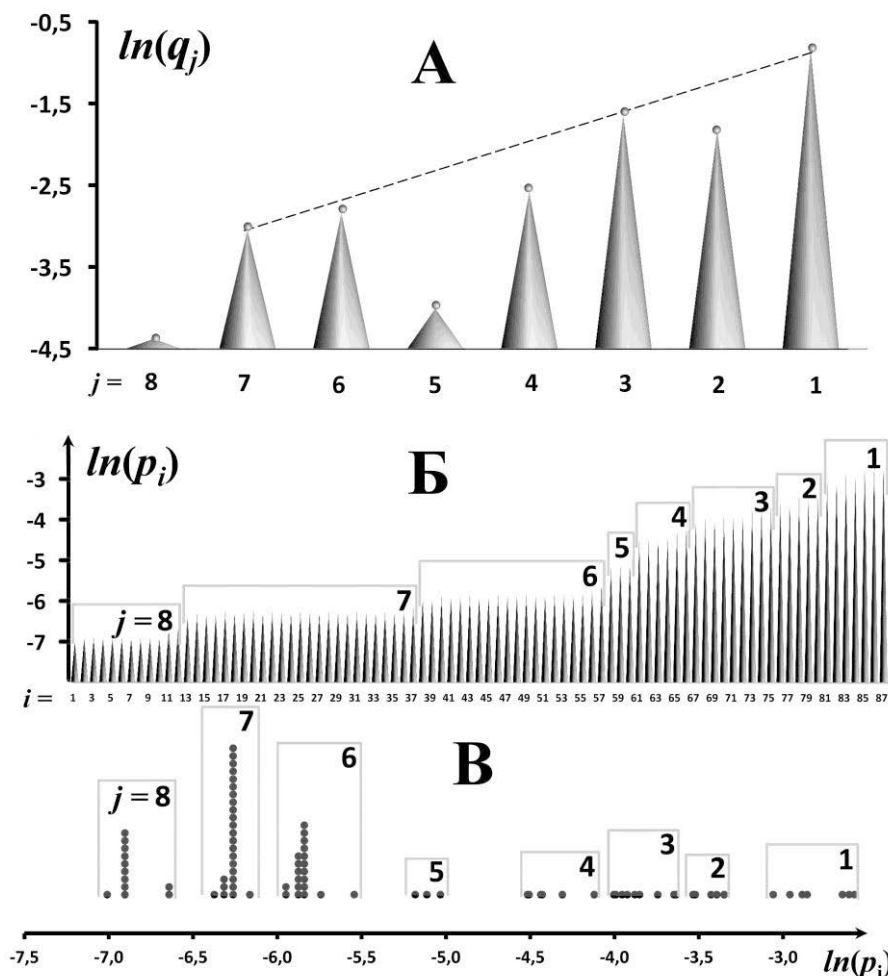


Рис. Кластерный и фрактальный анализ частотно-таксономического спектра почвенного микробного сообщества

На втором шаге нами предлагается проводить фрактальный анализ численностей микроорганизмов в выделенных ФГМ (Воробьев, 2013; Воробьев, 2014). Фрактальный анализ исследует базовые характеристики бесконечных геометрических и математических множеств, описываемых степенными рядами. Для любого члена этих рядов (в приложение к частотам встречаемости микроорганизмов ФГМ) должно быть справедливо равенство:

$$\ln(q_j) = b - a \cdot j, \quad (1)$$

где $q_j = \sum_{i=1}^{N_j} p_{ij}$ – частота встречаемости микроорганизмов из j -той ФГМ; N_j – число ОТЕ,

входящих в состав j -той ФГМ; a – фрактальная размерность выделенных ФГМ; b – постоянный коэффициент; p_{ij} – частота встречаемости i -той ОТЕ, входящей в состав j -той ФГМ. На рис. 1А пунктирной линией соединены вершины четырех ФГМ (№ 1, 3, 6, 7), которые удовлетворяют (1) при $a=0,4$ и $b=-0,43$. Мы полагаем, что эти ФГМ удовлетворяют (1) не случайно. Мы считаем, что выделенные 4 ФГМ образовали сетевую структуру в микробном сообществе, направленную на разложение определенного органического субстрата.

Заключение

Разработана математическая методика, использующая кластерный и фрактальный анализ частот-таксономических данных микробных сообществ, полученных молекулярно-генетическими методами. Методика позволяет определять численность и состав функциональных групп микроорганизмов, объединенных в сетевую структуру, в рамках

которой реализуется поэтапное разложение органических субстратов в почве по оптимальной схеме биохимических реакций. С помощью разработанной методики можно исследовать сукцессию микроорганизмов при изменениях субстратных ресурсов в почве.

Работа поддержана грантом Российского научного фонда 14-26-00094.

Литература

- Воробьев Н.И., Свиридова О.В., Попов А.А., Русакова И.В., Петров В.Б.. Граф-анализ генно-метаболических сетей микроорганизмов, трансформирующих растительные остатки в гумусовые вещества. Сельскохозяйственная биология. 2011, №3. С. 88-93.
- Воробьев Н.И., Свиридова О.В., Патыка Н.В., Думова В.А., Мазиров М.А., Круглов Ю.В. Фрактально-таксономический портрет микробного сообщества как биондикатор вида почвенных деструктивных процессов. Международной конференция «Биодиагностика в экологической оценке почв и сопредельных сред». Москва.: БИНОМ. 2013. С. 38.
- Воробьев Н.И. , Проворов Н.А., Свиридова О.В., Пищик В.Н., Семенов А.М., Никонов И.Н. Фрактально-таксономический портрет и индекс сетевой организации почвенных микробных сообществ. Всероссийский симпозиум с международным участием «Современные проблемы физиологии, экологии и биотехнологии микроорганизмов». Москва, биологический факультет МГУ. МАКС Пресс. 2014. С. 55.