

Bacterial diversity and metabolism in microbial consortium of non-axenic culture *Tychonema* sp. BBK16

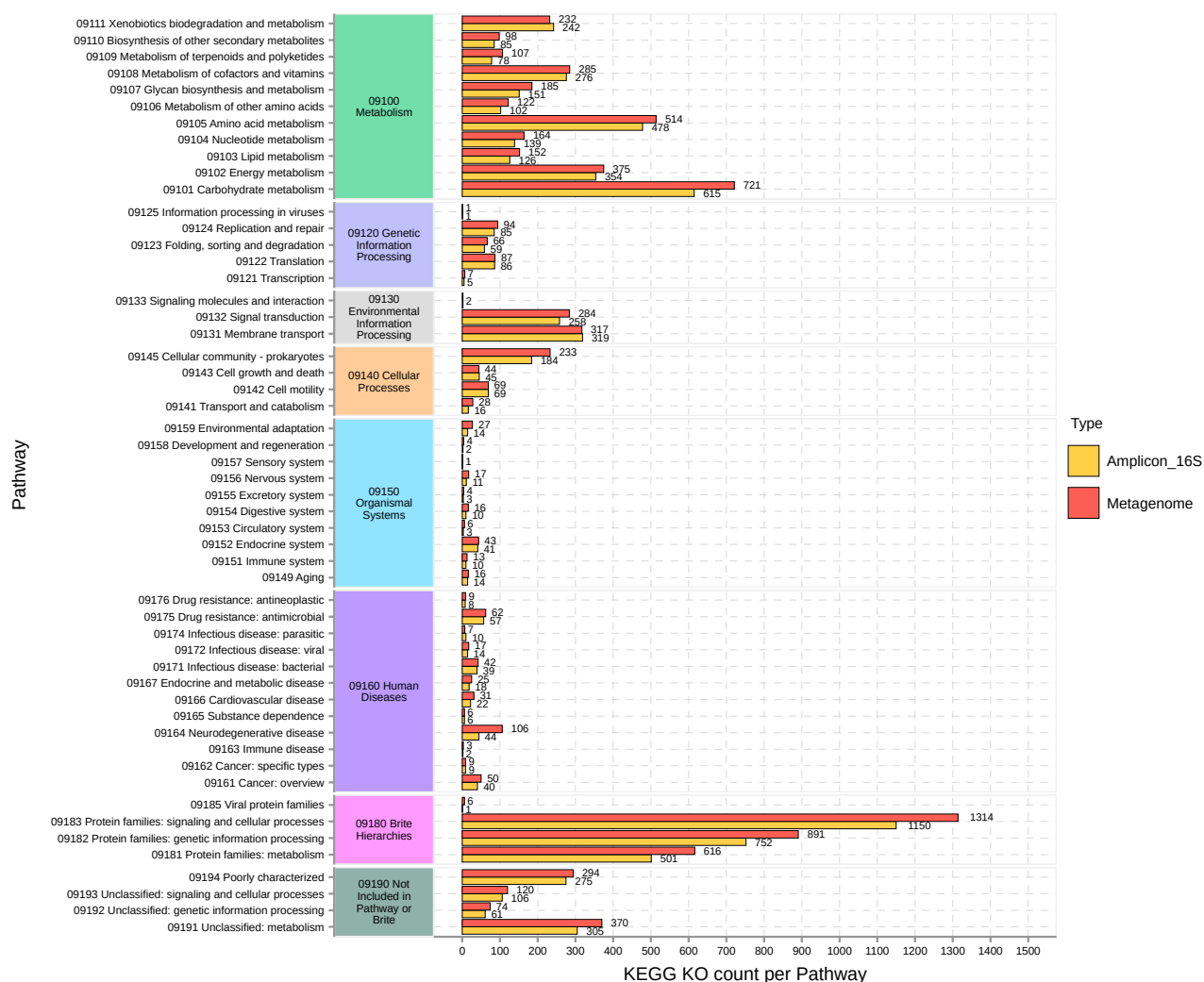
Krasnopeev A.Yu.*, Tikhonova I.V., Podlesnaya G.V., Potapov S.A., Gladkikh A.S., Suslova M.Yu., Lipko I.A., Sorokovikova E.G., Belykh O.I.

Limnological Institute of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Ulan-Batorskaya Str., 3, Irkutsk, 664033, Russia

Presence of enzymes of the nitrogen metabolism complex in the biofilm of a non-axenic culture of a cyanobacterium *Tychonema* sp. BBK 16

In addition, the work compares two approaches to the annotation of metabolic capabilities of the studied microbial communities - predictive (PICRUSt2) and actual (proteome annotation). Both approaches showed advantages and disadvantages. In the first

case, the frequency of updating the reference database matters, while in the second case, the depth and quality of the metagenomic sequencing play a significant role. In turn, sequencing and analysis of DNA fragments of 16S rRNA genes requires much less computational power and financial investments, while sequencing and annotation of the metagenome is even now a rather labor-intensive process.



S.1. Comparison of metabolic pathways annotation with KEGG KOs observed in metagenomic data (red) and predicted with PICRUSt2 based on DNA-metabarcoding data (yellow)

*Corresponding author.

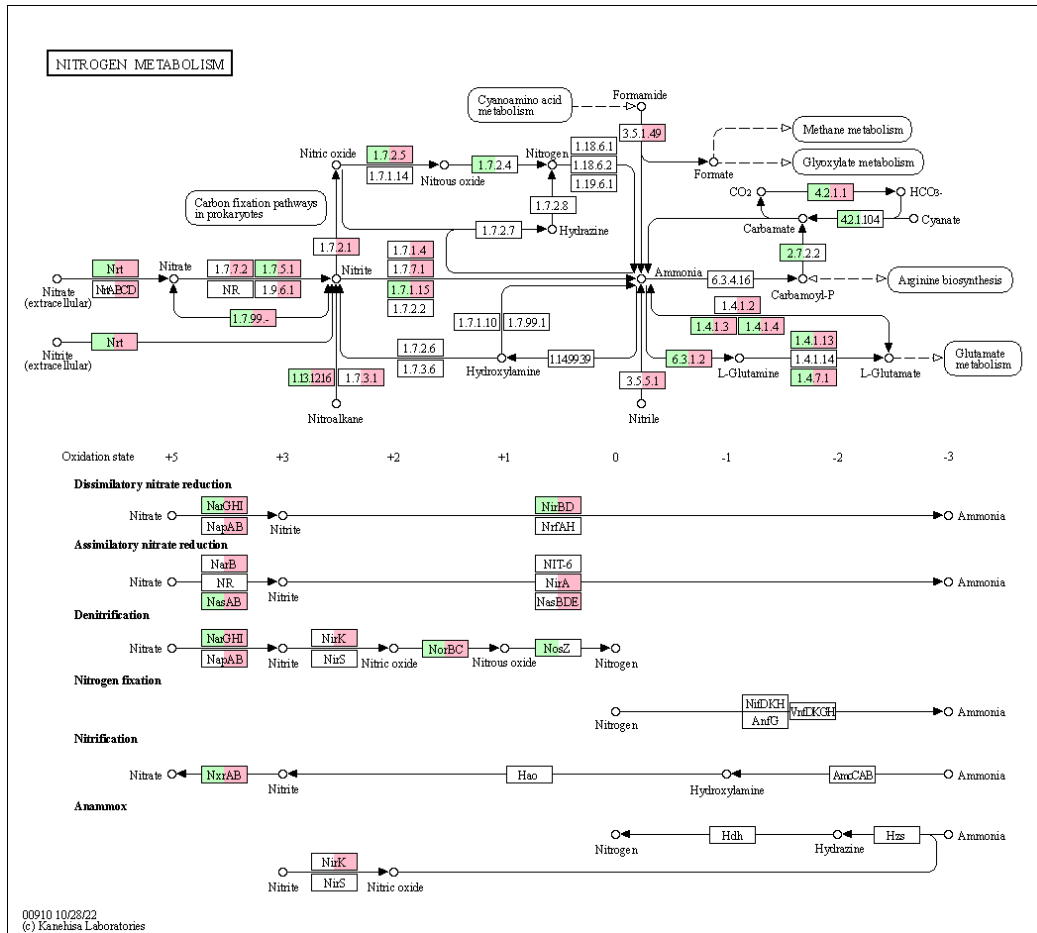
E-mail address: krasnopeev@lin.irk.ru (A.Yu. Krasnopeev)

Received: December 05, 2023; Accepted: December 17, 2023;

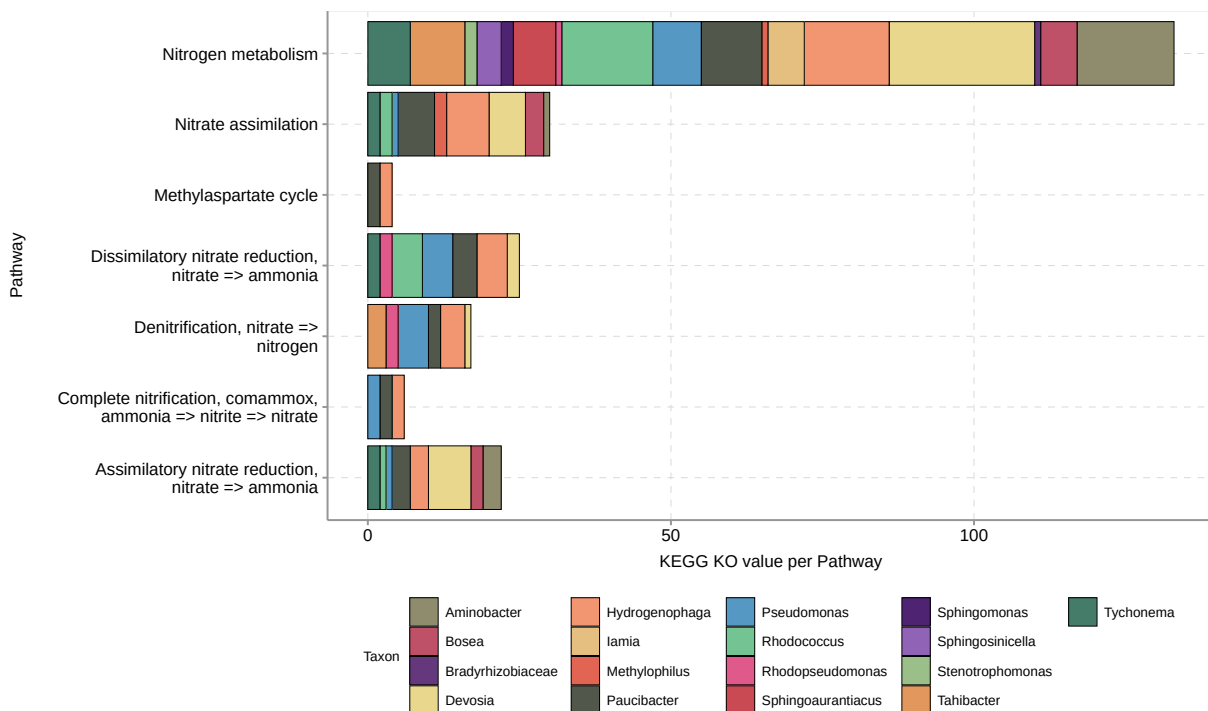
Available online: December 19, 2023

© Author(s) 2023. This work is distributed under the Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License.





S.2. Nitrogen metabolism pathways annotated from the KEGG database in a non-axenic culture of *Tychonema* sp. BBK16. In green KOs are indicated according to the predictive method of 16S rRNA gene fragment analysis. In red are KOs found in the set of protein sequences obtained by de novo assembly



S.3. Nitrogen metabolism in a non-axenic culture of *Tychonema* sp. BBK16 according to protein annotation obtained from the KEGG database. The graph shows the combined data of predictive annotation and annotation of coding sequences in metagenome

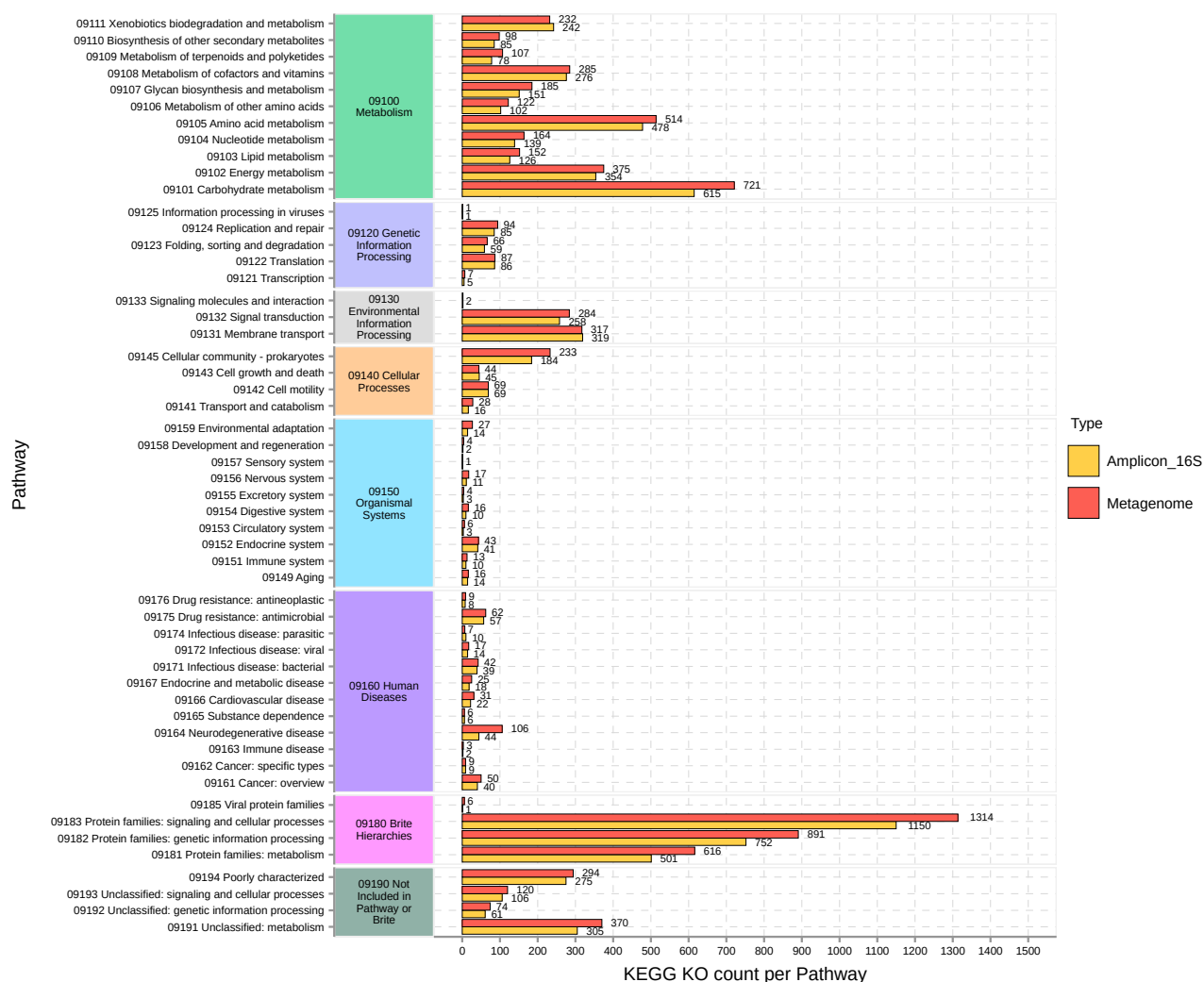
Разнообразие бактерий и путей их метаболизма в неаксеничной культуре *Tuchopea* sp. ВВК16

Краснопеев А.Ю., Тихонова И.В., Подлесная Г.В., Потапов С.А., Гладких А.С., Сулова М.Ю., Липко И.А., Сороковикова Е.Г., Белых О.И.

Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук, ул. Улан-Баторская, 3, Иркутск, 664033, Россия

Дополнительно в работе выполнено сравнение двух подходов к аннотации метаболических возможностей исследуемых микробных сообществ — предиктивного (PICRUSt2) и фактического (аннотация протеома). Показано, что оба подхода имеют свои достоинства и недостатки. В первом случае играет роль частота обновления референсной базы данных, во втором же большую

роль играет глубина и качество метагеномного секвенирования. В свою очередь секвенирование и анализ ДНК фрагментов маркерных генов 16S рРНК требует намного меньших вычислительных мощностей и финансовых вложений, в то время как секвенирование и аннотация метагенома даже сейчас является достаточно трудоёмким процессом.



S.1. Сравнение аннотаций генов метаболических путей, обнаруженных в метагеномных данных (красный) с предсказанными с помощью PICRUSt2 на основе данных фрагментного секвенирования генов 16S РНК (желтый)

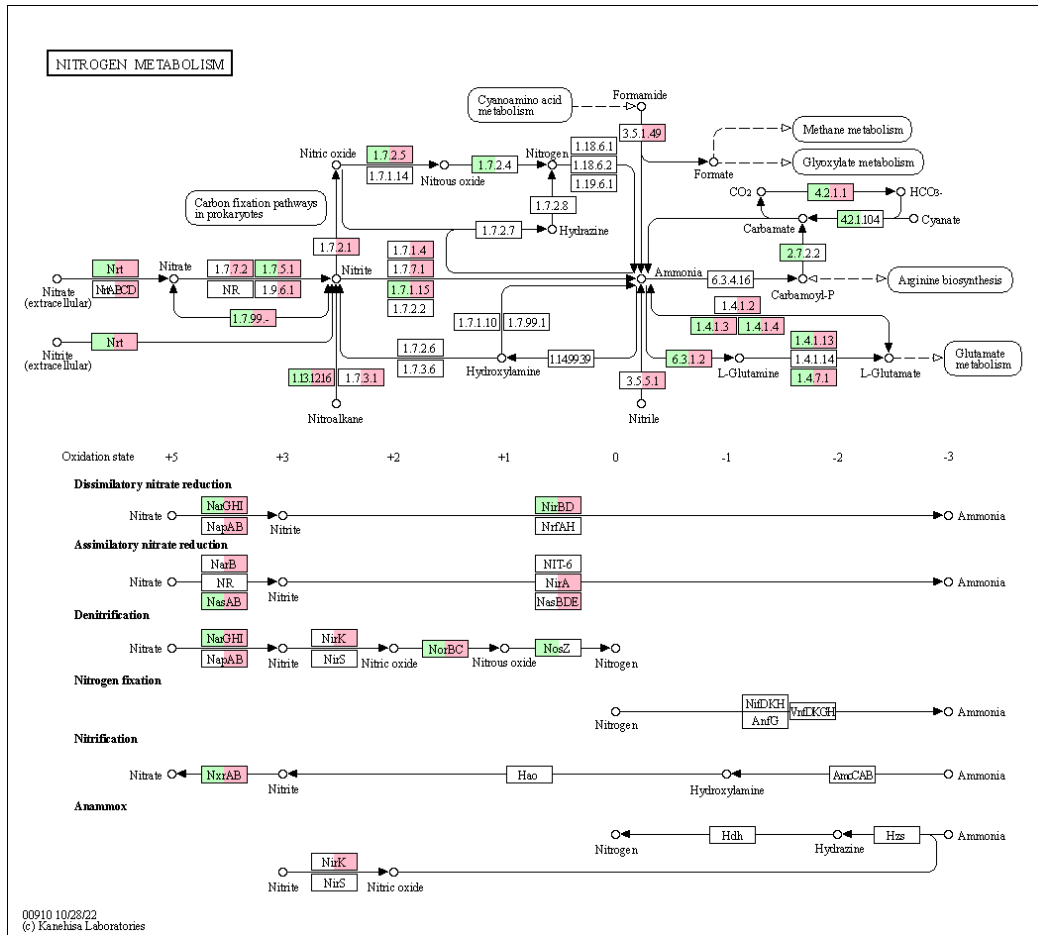
* Автор для переписки.

Адрес e-mail: krasnopeev@lin.irk.ru (А.Ю. Краснопеев)

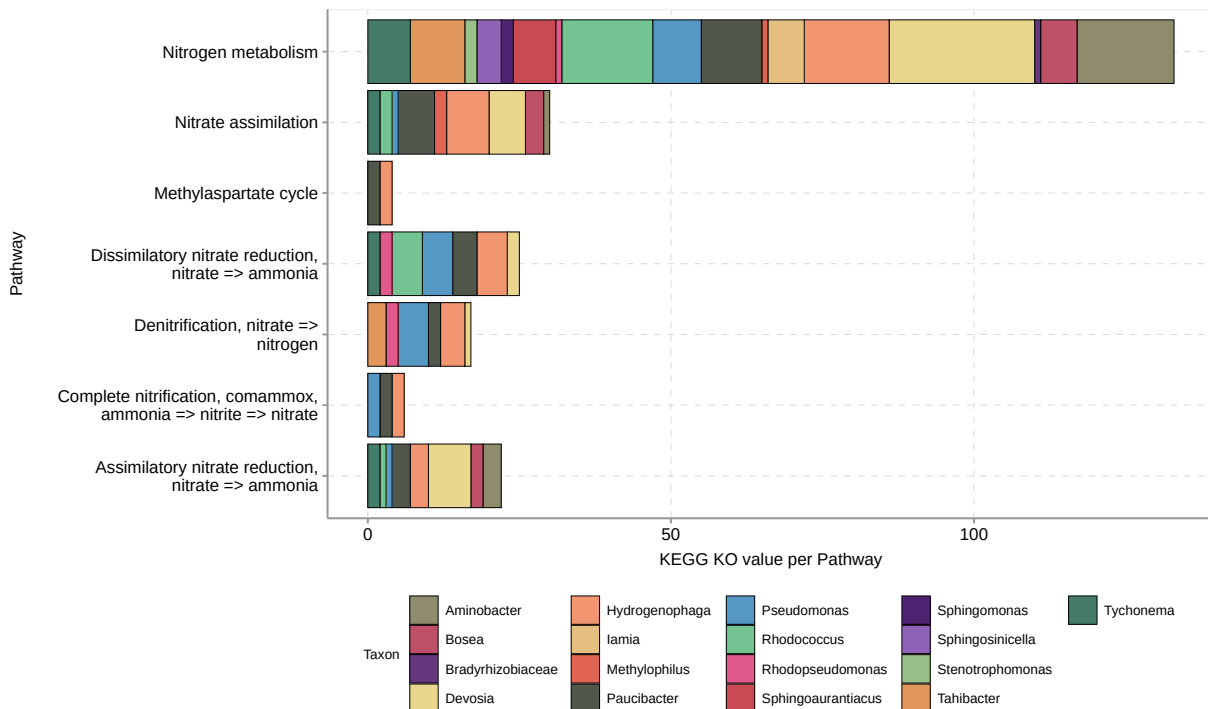
Поступила: 05 декабря 2023; Принята: 17 декабря 2023;
Опубликована online: 19 декабря 2023

© Автор(ы) 2023. Эта работа распространяется под международной лицензией Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0.





S.2. Аннотированные по базе данных KEGG пути метаболизма азота в неаксеничной культуре *Tychonema* sp. BVK16. Зеленым цветом отмечены ортологи, выявленные с помощью предиктивного метода анализа фрагментов гена 16S рРНК. Красным – ортологи, обнаруженные в наборе белковых последовательностей, полученных в результате сборки de novo



S.3. Графическая интерпретация возможностей метаболизма азота у бактерий неаксеничной культуры *Tychonema* sp. BVK16. На графике представлены объединенные данные аннотации предиктивным методом и аннотации кодирующих последовательностей в метагеноме.