

Научная статья
УДК 579.26(571.54)
DOI: 10.18101/2542-0623-2023-3-31-39

РАЗНООБРАЗИЕ МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА ПРЕСНОГО ОЗЕРА БАУНТ

О. П. Дагурова, Б. В. Цыденова, С. В. Зайцева

© Дагурова Ольга Павловна

кандидат биологических наук,
Институт общей и экспериментальной биологии СО РАН
Россия, 670047, г. Улан-Удэ, ул. Сахьяновой, 6
dagur-ol@mail.ru

© Цыденова Баярма Владимировна

кандидат биологических наук,
Геологический институт им. Н. Л. Добрецова СО РАН
Россия, 670047, г. Улан-Удэ, ул. Сахьяновой, 6
bayarma73@mail.ru

© Зайцева Светлана Викторовна

кандидат биологических наук,
Институт общей и экспериментальной биологии СО РАН
Россия, 670047, г. Улан-Удэ, ул. Сахьяновой, 6
svet_zait@mail.ru

Аннотация. Изучено разнообразие микробного сообщества воды крупного пресного озера Баунт, расположенного в зоне вечной мерзлоты. Индекс разнообразия Шеннона был выше, чем в озере Байкал и других пресных озерах Бурятии. Основные доминирующие в сообществе бактериальные филумы были присущи также другим пресным озерам региона, обнаруживая различия в количественном распределении групп в сообществе. Доминирующие в озере Баунт таксоны распространены в холодноводных экотопах мира. В микробном сообществе озера Баунт не обнаружено таксонов, являющихся индикаторами антропогенного загрязнения.

Ключевые слова: разнообразие, микробное сообщество, озеро Баунт, пресное озеро, бактериальные филумы, таксоны, экосистема.

Благодарности

Работа выполнена в рамках темы госзадания № 121030100229-1.

Для цитирования

Дагурова О. П., Цыденова Б. В., Зайцева С. В. Разнообразие микробного сообщества пресного озера Баунт // Природа Внутренней Азии. Nature of Inner Asia. 2023. № 3(25). С. 31–39. DOI: 10.18101/2542-0623-2023-3-31-39

Введение

Микроорганизмы вносят существенный вклад в круговорот веществ и энергии в озерных экосистемах. Они играют ведущую роль в формировании химического состава воды и донных отложений, в процессах самоочищения. Особенности

и изменения микробного сообщества можно рассматривать как индикатор неблагоприятного состояния экосистемы.

Озеро Баунт расположено в Баунтовском районе Республики Бурятия, в западной части Баунтовской котловины, в зоне многолетней мерзлоты. Озеро занимает третье место в Бурятии по площади поверхности воды после озер Байкал и Гусиного. Микробные сообщества озера Байкал, озера Гусиное и других крупных пресных озер Бурятии ранее были изучены, определены особенности их состава, выявлены индикаторы антропогенного загрязнения [Парфенова и др., 2013; Tsydenova et al., 2018; Dagurova et al., 2021; Zaitseva, Dagurova, 2021]. Микробное сообщество озера Баунт ранее не изучалось.

Цель данного исследования — определить особенности микробного сообщества озера Баунт и сравнить с микробными сообществами пресных озер Бурятии.

Объекты и методы исследования

Озеро Баунт расположено на высоте 1050 м над уровнем моря. Площадь озера — 111 км², средняя глубина — 17 м. В 1988 г. ему присвоен статус памятника природы. На северо-восточном берегу расположен поселок Баунт, на юго-западном берегу на горячем источнике — курорт Баунт. Уровень воды в озере непостоянный и зависит в основном от атмосферных осадков. Воды озера гидрокарбонатно-кальциевые, с низкой минерализацией. Температурный и газовый режим озера Баунт во многом определяют климатические условия региона. Для озера характерен короткий период летнего прогрева поверхностных вод с сохранением в течение года низких температур в придонных слоях. По уровню первичной продукции и развитию планктонного и донного сообществ озеро Баунт соответствует олиготрофному типу водоемов [Халбаева и др., 1987].

Образцы воды из озера Баунт были отобраны в августе 2020 г. на южном берегу озера, в районе мыса Трехстенка, из поверхностных слоев воды. Вода была отобрана в стерильную посуду, отфильтрована через нитроцеллюлозные фильтры с диаметром пор 0,22 мкм до забития фильтра.

Выделение ДНК производили классическим методом с использованием СТАБ (гексадецилтриметиламмоний бромид). ПЦР продукты очищали по методике, рекомендованной фирмой Illumina, с использованием магнитных частиц AMPureXP (Beckman Coulter, США). Секвенирование проводили в ЦКП «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» ФГБНУ ВНИИСХМ на секвенаторе MiSeq (Illumina). Очищенные препараты ДНК использовались для создания библиотек фрагментов гена 16s рНК методом ПЦР с применением универсальных праймеров на варибельный участок V4: F515/R806 (GTGCCAGCMGCCGCGGTAA/GGACTACVSGGGTATCTAAT) [Bates et al., 2010], с присоединенными адаптерами и уникальными баркодами компании Illumina. Первоначальная обработка полученных данных проводилась с помощью программного обеспечения компании Illumina (Illumina, США). Для обработки данных использовали программные пакеты dada2, phyloseq и DECIPHER [McMurdie, Holmes, 2013; Wright, 2016], работа осуществлялась в программной среде R. Для представления данных таксономического анализа использовались средства программного пакета QIIME [Caporaso et al., 2010].

Результаты и обсуждение

В микробном сообществе количество вариантов последовательностей ампликонов (Amplicon sequence variant, ASV) колебалось от 284 до 318 (таблица 1). Индекс разнообразия Шеннона находился в диапазоне от 4,40 до 4,86. Значения индекса Шеннона были выше, чем определенные для прибрежных вод озера Байкал [Парфенова и др., 2013; Галачянц и др., 2017] и озер Еравнинской группы, также расположенных на Витимском плато [Dagurova et al., 2021].

Таблица 1

Показатели видового богатства микробного сообщества воды озера Байн

Станция	Количество прочтений (ридов)	ASV, Amplicon sequence variant	Индекс Шеннона
Байн 8 (м. Трехстенка, к центру озера)	16 094	284	4,86
Байн 9 (м. Трехстенка, у берега)	17 804	301	4,81
Байн 10 (м. Трехстенка, от берега 30 м)	21 809	295	4,81
Байн 11 (м. Трехстенка, за скалой, у берега)	21 114	307	4,83
Байн 12 (м. Трехстенка, от курорта Байн 400 м)	31 706	318	4,40
Среднее значение	21 706	301	4,74

В микробном сообществе всех озер на уровне крупных филогенетических групп (филумов) доминировали представители *Gamma*proteobacteria (14–26%), *Actinobacteriota* (16–27%), *Bacteroidota* (13–43%), *Alphaproteobacteria* (8–15%), *Verrucomicrobiota* (9–14%), *Planctomycetota* (2–5%), *Cyanobacteria* (2–4%) (рис. 1).

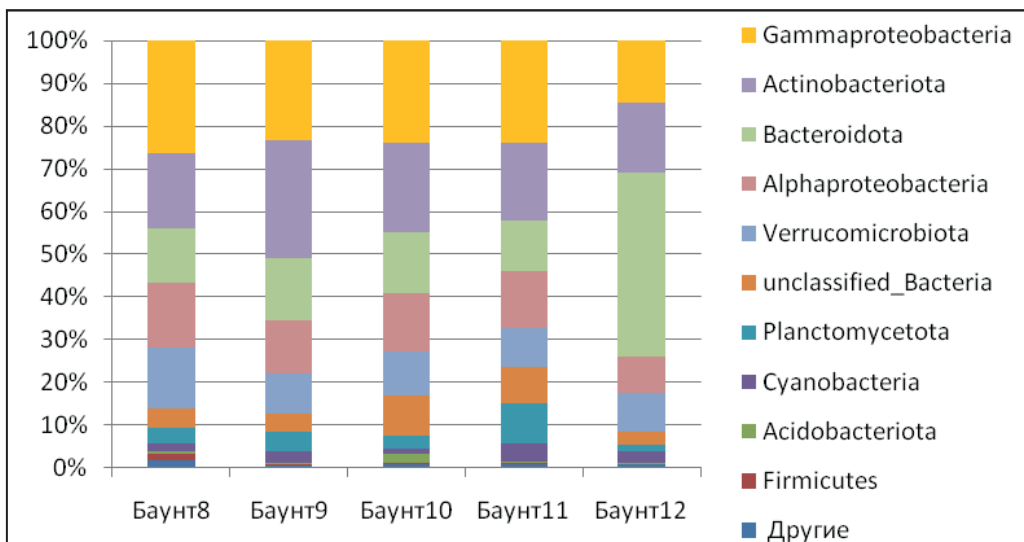


Рис. 1. Состав микробного сообщества воды озера Байн (на уровне филумов)

Распространение этих филумов типично для пресноводных микробных сообществ, расположенных в разных географических зонах мира [Newton et al., 2011]. На рисунке 2 представлены средние значения распределения бактериальных филумов в микробных сообществах ранее изученных нами крупных пресноводных озер Бурятии и в прибрежной зоне озера Байкал.

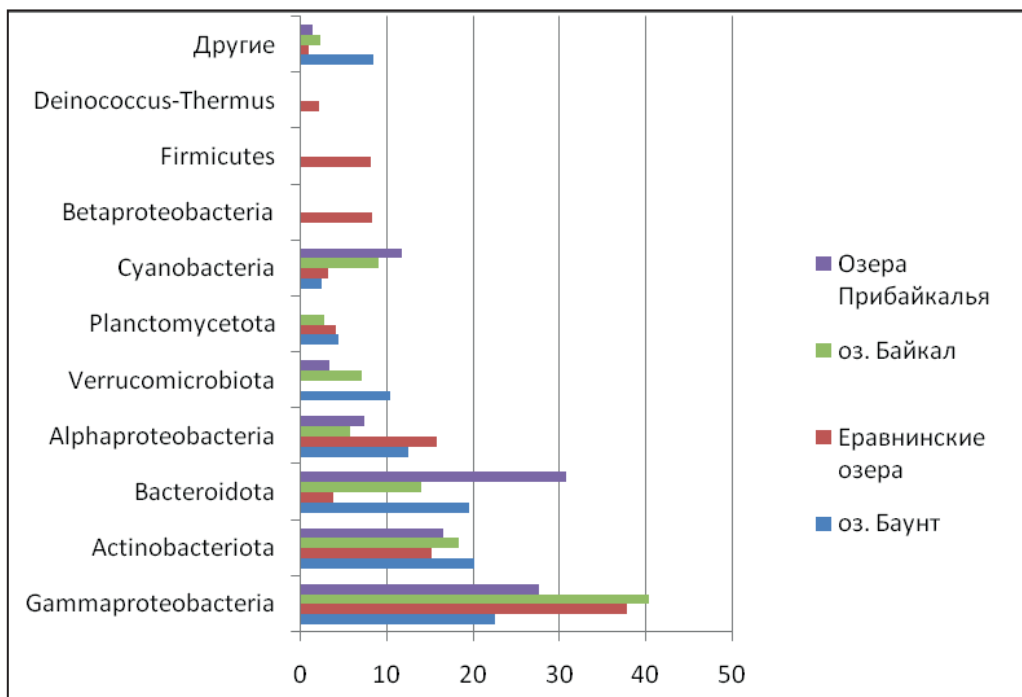


Рис. 2. Состав микробного сообщества воды (на уровне филумов) крупных пресноводных озер Бурятии: озера Прибайкалья (Гусиное, Котокель, Щучье), Еравнинские озера (Сосновое, Большое Еравное, Гунда, Исинга), озеро Байкал (зона уреза воды, восточное побережье)

Основные филумы, обитающие в озере Баунт, были присущи также другим пресным озерам региона, обнаруживая различия в количественном распределении групп в сообществе. Озеро Баунт отличалось от других озер меньшим содержанием *Gammaproteobacteria* и *Cyanobacteria*, повышенным содержанием *Actinobacteriota*, *Verrucomicrobiota* и *Planctomycetota*. Также значительную долю в сообществе озера Баунт занимают другие филумы и неклассифицированные бактерии, не отнесенные ни к одной группе. В микробном сообществе Еравнинских озер, также расположенных на Витимском плоскогорье в зоне вечной мерзлоты, возростала доля филумов *Betaproteobacteria*, *Firmicutes*, *Deinococcus-Termus*. Сдвиги в микробном сообществе могут стать индикатором климатогенного и антропогенного влияния на Еравнинские озера, что также подтверждается высокой долей условно-патогенных бактерий [Dagurova et al., 2021].

На уровне рода во всех пяти точках отбора доминировали неклассифицируемые представители семейства *Comamonadaceae* (в среднем 9,01 %) (табл. 2).

Таблица 2

Среднее значение численности доминирующих родов
в микробном сообществе озера Баунт, %

Таксон (на уровне рода)	Баунт 8	Баунт 9	Баунт 10	Баунт 11	Баунт 12	Среднее
<i>Aliiglaciecola</i> (<i>Aliiglaciecola litoralis</i>)	1,35	2,80	2,22	2,00	0,94	1,86
<i>Aphanizomenon</i> NIES81	0,28	1,14	0,13	2,92	0,10	0,91
“ <i>Candidatus</i> <i>Aquirestis</i> ”	3,34	0,60	2,76	1,15	0,99	1,77
“ <i>Candidatus</i> <i>Methylopusillus</i> ”	2,16	2,97	2,76	1,59	1,25	2,15
<i>Caulobacter</i>	0,17	0,69	0,80	1,59	0,31	0,71
<i>Chthoniobacter</i>	0,57	1,43	4,01	0,21	1,20	1,48
CL500-29 marine group	2,96	7,07	5,05	4,22	2,08	4,27
<i>Cyanobium</i> PCC-6307	1,20	1,34	1,02	0,87	2,32	1,35
<i>Flavobacterium</i>	2,91	2,44	1,66	0,57	34,52	8,42
<i>Fluviicola</i>	1,29	0,52	1,44	0,63	4,87	1,75
GKS98 freshwater group	0,98	0,46	1,16	0,38	0,90	0,78
hgI clade	5,34*	10,90	9,01	6,93	3,49	7,13
<i>Luteolibacter</i>	0,25	0,25	0,72	0,10	1,24	0,51
<i>Mycobacterium</i>	1,39	0,60	0,92	1,70	0,46	1,01
<i>Novosphingobium</i>	0,85	2,09	2,09	0,39	0,11	1,10
<i>Pedobacter</i>	0,20	0,47	0,61	1,55	0,38	0,64
<i>Pirellula</i>	1,30	0,74	0,54	2,19	0,31	1,02
<i>Polynucleobacter</i>	2,68	2,22	3,49	3,10	2,46	2,79

*Жирным шрифтом отмечены 3 максимальных значения в каждом столбце

Семейство *Comamonadaceae* большая и физиологически разнообразная группа бактерий, обычных обитателей естественных местообитаний — воды, почвы, растений. Большинство из них мезофилы. Данные микроорганизмы известны своей способностью образовывать метаболические связи с различными фотоавтотрофными организмами. Также к распространенным в сообществе родам относились представители клад *hgI clade* (в среднем 7,13 %) и *CL500-29 marine group* (в среднем 4,27%). Эти группы широко распространены в пресноводных экосистемах. В крупнейшем озере Европы Балатон эти клады также доминировали в микробном сообществе [Farkas et al., 2020]. Клада *CL500-29 marine group* была повсеместно представлена в воде экосистем с ледниковым питанием [Zhang et al., 2021], в поверхностных слоях воды олиготрофного высокогорного озера Павин, Франция [Hugoni et al., 2017].

В точке отбора Баунт 12 около курорта Баунт треть микробного сообщества составляли бактерии рода *Flavobacterium* (34%). В остальных точках их

количество составляло 0,57–2,91 % (табл. 2). Бактерии рода *Flavobacterium* (а также клады *hgclclade*), известные своей способностью продуцировать внеклеточные ферменты, были рассмотрены как показатели эвтрофикации в антропогенно модифицированных речных участках [Małecka-Adamowicz et al., 2021]. Однако род *Flavobacterium* (семейство *Flavobacteriaceae*) широко распространен в холодноводных экотопах, ряд таксонов относится к психроактивным, благодаря защитным свойствам за счет выработки ферментов и высокого содержания жирных кислот [Li et al., 2015; Башенхаева и др., 2017]. Представители этого семейства доминировали в планктоне литоральной зоны и в подледных сообществах озера Байкал [Парфенова и др., 2015; Башенхаева и др., 2017].

Также в сообществе были распространены бактерии *Candidatus Methylopusillus* (в среднем 2,15 %), *Polynucleobacter* (в среднем 2,79 %) неклассифицированных родов семейства *Beijerinckiaceae* (в среднем 2,15 %).

Семейство *Beijerinckiaceae* включает хемоорганотрофные бактерии, способные к аэробной фиксации азота, а также метанотрофные и метилотрофные аэробные бактерии. Представители таксона *Candidatus Methylopusillus* относятся к метилотрофным бактериям, многочисленны в холодном гиполимнионе Цюрихского озера, что указывает на их психрофильный рост [Salcher et al., 2015].

Бактериальный таксон *Polynucleobacter* представляет собой группу планктонных пресноводных бактерий, повсеместно распространенных в стоячих пресноводных местообитаниях. Экстраполирована средняя относительная численность этого подвида (20 %) в мировых пресноводных местообитаниях [Jezberová et al., 2010]. Было показано, что увеличение численности бактерий некоторых пресноводных таксонов, в том числе и *Polynucleobacter*, может являться индикатором возможного антропогенного и климатогенного влияния на озера Бурятии [Zaitseva, Dagurova, 2021].

Следует отметить, что в микробном сообществе озера Баунт не обнаружено таксонов, являющихся индикаторами антропогенного загрязнения, в отличие от Еравнинских озер, также расположенных в Витимском плоскогорье на вечномерзлотных линзах, где были обнаружены условно-патогенные бактерии и выявлены сдвиги в таксономическом составе сообщества, указывающие на недостаточное качество воды в результате антропогенного воздействия [Dagurova et al., 2021].

Заключение

Таким образом, изучен состав микробного сообщества воды крупного пресного озера Баунт, расположенного в зоне вечной мерзлоты. Видовое богатство бактериопланктона, определенное по индексу разнообразия Шеннона, было выше, чем в озере Байкал и других пресных озерах Бурятии. Микробное сообщество в основном состоит из бактериальных филумов, типичных для пресноводных озер: *Gamma*proteobacteria, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Alphaproteobacteria*, *Verrucomicrobiota*, *Planctomycetota*, *Cyanobacteria*. Основные филумы, обитающие в озере Баунт, были присущи также другим пресным озерам региона, обнаруживая различия в количественном распределении групп в сообществе. Озеро Баунт отличалось от других озер меньшим содержанием *Gamma*proteobacteria и

Cyanobacteria, повышенным содержанием *Actinobacteriota*, *Verrucomicrobiota* и *Planctomycetota*. Также значительную долю в сообществе озера Баунт занимают другие филумы и неклассифицированные бактерии, не отнесенные ни к одной группе. Доминирующие в сообществе озера таксоны широко распространены в холодноводных экотопах мира. Выявлено значительное количество метилотрофных бактерий. В микробном сообществе озера Баунт не обнаружено таксонов, являющихся индикаторами антропогенного загрязнения, в отличие от Еравнинских озер, также расположенных в Витимском плоскогорье на вечномёрзлотных линзах, где выявлены прогностические риски.

Литература

1. Bates S. T., Berg Lyons J. G., Caporaso W. A. et al. Examining the Global Distribution of Dominant Archaeal Populations in Soil. *ISME J.* 2010; 5: 908–917.
2. Caporaso J. G., Kuczynski J., Stombaugh J. et al. QIIME Allows Analysis of High-throughput Community Sequencing Data. *Nature methods.* 2010; 7(5): 335–336. <https://doi.org/10.1038/nmeth.f.303>
3. Dagurova O. P., Kozyreva L. P., Zaitseva S. V. et al. Taxonomic Composition of Bacterioplankton of large Freshwater Lakes of the Yeravninskaya Depression. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science.* 2021; 908: 012002. DOI:10.1088/17551315/908/1/012002
4. Farkas M., Kaszab E., Rado J. et al. Planktonic and Benthic Bacterial Communities of the Largest Central European Shallow Lake, Lake Balaton and its Main Inflow Zala River. *Curr. Microbiol.* 2020; 77: 4016–4028. <https://doi.org/10.1007/s00284020022417>
5. Hugoni M., Vellet A., Debroas D. Unique and Highly Variable Bacterial Communities Inhabiting the Surface Microlayer of an Oligotrophic Lake. *Aquat. Microb. Ecol.* 2017; 79: 115–125. <https://doi.org/10.3354/ame01825>
6. Jezberova J., Jezbera J., Brandt U. et al. Ubiquity of *Polynucleobacter necessarius* ssp. *asymbioticus* in Lentic Freshwater Habitats of a Heterogeneous 2000 km Area. *Environ. Microbiol.* 2010; 12(3): 658–669. doi: 10.1111/j.14622920.2009.02106.x.
7. Li Y., Liu Q., Li C. et al. Bacterial and Archaeal Community Structures in the Arctic Deep-sea Sediment. *Acta Oceanol. Sin.* 2015; 34: 93–113. <https://doi.org/10.1007/s1313101506249>
8. McMurdie P. J., Holmes S. Phyloseq: an R package for Reproducible Interactive Analysis and Graphics of Microbiome Census Data. *PLoS ONE.* 2013; 8(4): e61217. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0061217>
9. Newton R. J., Jones S. E., Eiler A. et al. A guide to the Natural History of Freshwater Lake Bacteria. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 2011; 75: 14–49.
10. Salcher M. M., Neuenschwander S. M., Posch T., Pernthaler J. The Ecology of Pelagic Freshwater Methylophs Assessed by a Highresolution Monitoring and Isolation Campaign. *ISME J.* 2015. V. 9(11). P. 2442–2453. DOI: 10.1038/ismej.2015.55
11. Tsydenova B. V., Dagurova O. P., Garankina V.P. et al. Abundance and Taxonomic Composition of Bacterioplankton in Freshwater Lake Gusinoye (Buryatia) in the Warm Water Zone of the Gusinozerskaya Thermal Power Plant. *Journal of Siberian Federal University. Biology.* 2018; 11(4): 356–366. DOI:10.17516/1997-1389-0078
12. Wright E. S. Using DECIPHER v 2.0 to analyze big biological sequence data in R. *The R Journal.* 2016. 8(1). P. 352–359.
13. Zaitseva S.V., Dagurova O.P. Freshwater Microbial Taxa as Indicators of Anthropogenic Impact on the Freshwater Lakes of Buryatia. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science.* 2021; 908: 012003. DOI:10.1088/17551315/908/1/012003

14. Zhang L., Delgado Baquerizo M., Shi Y. et al. Coexisting Water and Sediment Bacteria are Driven by Contrasting Environmental Factors across Glacierfed Aquatic Systems. *Water Research*. 2021; 198: 117139. DOI: 10.1016/j.watres.2021.117139.

15. Сообщества бактерий в период массового подледного развития динофлагеллят в озере Байкал / М. В. Башенхаева, Ю. Р. Захарова, Ю. П. Галачянц [и др.] // Микробиология. 2017. Т. 86, № 4. С. 510–519. <https://doi.org/10.7868/S0026365617040036>. Текст : непосредственный.

16. Особенности таксономического состава бактериоценозов озера Байкал / А. Д. Галачянц, Н. Л. Белькова, Е. В. Суханова [и др.] // Микробиология. 2017. Т. 86. № 2. С. 229–238. Текст : непосредственный.

17. Парфенова В. В., Гладких А. С., Белых О. И. Сравнительный анализ биоразнообразия бактериальных сообществ планктона и биопленки в озере Байкал // Микробиология. 2013. Т. 82, № 1. С. 94–105. Текст : непосредственный.

18. Халбаева Т. В., Дробот Л. В., Коннова Р. П. Физико-географическая, химическая характеристика и первичная продукция озер Баунтовской системы // Биопродуктивность Баунтовских озер Бурятии / под редакцией В. Н. Кузьмич. Ленинград, 1987. 160 с. Текст : непосредственный.

Статья поступила в редакцию 28.08.2023; одобрена после рецензирования 10.09.2023; принята к публикации 13.09.2023.

DIVERSITY OF THE MICROBIAL COMMUNITY OF FRESHWATER LAKE BOUNT

O. P. Dagurova, B. V. Tsydenova, S. V. Zaitseva

Olga P. Dagurova

Cand. Sci. (Biol.),

Institute for General and Experimental Biology SB RAS

6 Sakhyanovoy St., Ulan-Ude 670043, Russia

dagur-ol@mail.ru

Bayarma V. Tsydenova

Cand. Sci. (Biol.),

Dobretsov Geological Institute SB RAS

6a Sakhyanovoy St., Ulan-Ude 670043, Russia

bayarma73@mail.ru

Svetlana V. Zaitseva

Cand. Sci. (Biol.),

Institute for General and Experimental Biology SB RAS

6 Sakhyanovoy St., Ulan-Ude 670043, Russia

svet_zait@mail.ru

Abstract. We have studied the diversity of the microbial community in the water of the large freshwater Lake Baunt, located in the permafrost zone. The Shannon diversity index is higher than in Lake Baikal and other freshwater lakes in Buryatia. The main bacterial phyla dominant in the community were also present in other freshwater lakes of the region, revealing

differences in the quantitative distribution of groups in the community. The dominant taxa in Lake Baunt are distributed across cold-water ecotopes around the world. We have found no taxa that are indicators of anthropogenic pollution in the microbial community of Lake Baunt. *Keywords:* diversity, microbial community, Lake Baunt, freshwater lake, bacterial phyla, taxa, ecosystem.

Acknowledgments

The work was carried out within the framework of the topic of state assignment No. 121030100229-1.

For citation

Dagurova O. P., Tsydenova B. V., Zaitseva S. V. Diversity of the Microbial Community of Freshwater Lake Bount. *Nature of Inner Asia*. 2023; 3(25): 31–39 (In Russ.). DOI: 10.18101/2542-0623-2023-3-31-39

The article was submitted 28.08.2023; approved after reviewing 10.09.2023; accepted for publication 13.09.2023.