

Научная статья
УДК 579.2(517.3)
DOI: 10.18101/2542-0623-2023-4-12-22

**РАЗНООБРАЗИЕ МИКРОБНЫХ СООБЩЕСТВ
МЕЛКОВОДНЫХ И ПРИБРЕЖНЫХ ЭКОСИСТЕМ
ОЗЕРА БАЙКАЛ В ЛЕТНИЙ ПЕРИОД 2021–2022 гг.**

С. В. Зайцева, О. П. Дагурова, Д. Д. Цыренова

© **Зайцева Светлана Викторовна**

кандидат биологических наук, старший научный сотрудник
svet_zait@mail.ru

© **Дагурова Ольга Павловна**

кандидат биологических наук, старший научный сотрудник
dagur-ol@mail.ru

© **Цыренова Дулма Доржиевна**

кандидат биологических наук, научный сотрудник
baldanovad@rambler.ru

Институт общей и экспериментальной биологии СО РАН
Россия, 670047, г. Улан-Удэ, ул. Сахьяновой, 6

Аннотация. Структура микробного сообщества мелководных прибрежных участков тесно взаимосвязана с экологическими условиями и гидрохимическими параметрами, а также быстро меняется в ответ на негативные изменения экологического состояния водоемов, определяемые гидрологическими колебаниями. Исследована таксономическая структура микробных сообществ воды прибрежных мелководных участков оз. Байкал в период повышенной водности. На уровне филумов доминировали *Proteobacteria*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Firmicutes*, *Cyanobacteria*, *Verrucomicrobiota* и *Deinococcota*, составляя от 98,55 до 99,46% общего микробного разнообразия. Выявлено значительное сходство таксономического состава микробных сообществ воды прибрежных мелководных участков оз. Байкал в определенные летние месяцы 2021–2022 гг. Сходные микробные сообщества формировались в июне 2021–2022 гг.; в июле 2022 г. на участках Энхалук и Сухая; в августе 2022 г. на участках Горячинск и Сухая.

Ключевые слова: микробная экология, озеро Байкал, изменение уровня воды, микробное сообщество, гидрохимические параметры озера.

Благодарности

Работа выполнена в рамках государственных заданий Института общей и экспериментальной биологии СО РАН (FWSM-2021-0006, FWSM-2021-0003).

Для цитирования

Зайцева С. В., Дагурова О. П., Цыренова Д. Д. Разнообразие микробных сообществ мелководных и прибрежных экосистем озера Байкал в летний период 2021–2022 гг.

// Природа Внутренней Азии. Nature of Inner Asia. 2023. № 4(26). С. 12–22.
DOI: 10.18101/2542-0623-2023-4-12-22

Введение

Влияние изменения уровня воды на микробные сообщества озер — один из наименее исследованных аспектов в знаниях об экологии пресных водоемов. Негативные изменения, связанные с гидрологическими колебаниями, могут оказывать сильное влияние на микробный состав и функционирование микробных сообществ воды и донных отложений и, следовательно, изменять биогеохимические циклы и потоки энергии в экосистеме [Weise et al., 2016; Ren et al., 2019]. Микробное сообщество тесно связано с экологическими условиями и гидрохимическими параметрами, а также способно быстро реагировать на негативные изменения экологического состояния водоемов, связанные с изменчивостью гидрологических и физико-химических характеристик [Li et al., 2017; Liu et al., 2019; Wang et al., 2021]. Прибрежная зона в озерных экосистемах особенно затронута увеличением колебаний уровня воды [Zohary and Ostrovsky, 2011; Evtimova & Donohue 2014] и экологические последствия изменения уровня, вероятно, будут наибольшими именно в мелководных прибрежных зонах [Wantzen et al., 2008]. В прибрежной зоне оз. Байкал особо выделяют заплесковую зону — район побережья, подверженный значительному воздействию ветро-волновой активности [Тимошкин и др. 2011]. Верхней границей зоны на пологом восточном побережье оз. Байкал принято считать границу максимального влияния ветро-волновой активности. Увеличение колебаний уровня воды отражается на гидрохимических и микробиологических показателях качества прибрежных и интерстициальных (воды из лунок) вод заплесковой зоны [Тимошкин и др., 2011]. Мелководные прибрежные участки озер тесно связаны с наземными экосистемами за счет поступления значительного количества аллохтонного органического вещества. На границе раздела суша и вода водный режим в значительной степени контролирует микробную трансформацию углерода и во время эпизодических гидрологических потоков может происходить интенсификация биогеохимических процессов [McClain et al., 2003; Gerull et al., 2011]. Были предложены соответствующие концептуальные схемы воздействия изменений уровня воды на микробные сообщества прибрежной зоны Байкала и выявлены некоторые возможные негативные изменения в структуре микробных сообществ прибрежных экосистем, связанные с гидрологическими колебаниями [Борисова и др., 2022]. Целью данного исследования было определить таксономическое разнообразие микробных сообществ воды мелководных участков оз. Байкал в многоводный период.

Материалы и методы исследования

Исследования были проведены в летние месяцы 2021–2022 гг., которые по значению уровня оз. Байкал характеризуются как многоводный период. Пробы были отобраны на участках восточного побережья с протяженными песчаными пляжами и с характерными гидрологическими и климатическими условиями. Участок у с. Гремячинск — это часть побережья, расположенная вне заливов и бухт в средней котловине оз. Байкал, с условиями, характерными для протяженной части

восточного побережья озера. Типичным участком бухт восточного побережья можно рассматривать исследуемый участок у с. Горячинск. Участки у сел Энхалук и Сухая в дельте р. Селенги характерны для дельтовых прибрежных террасных участков. Пробы были отобраны в 1 м от уреза воды. Для проведения молекулярных исследований отбирали пробы воды объемом 1 л, фильтровали через мембранные фильтры (диаметр пор — 0,22 мкм) до забития. Выделение ДНК, создание библиотек ДНК для секвенирования согласно рекомендациям Illumina Sample Preparation Guide и секвенирование на платформе MiSeq («Illumina», США) проводились на оборудовании центра коллективного пользования «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» федерального государственного бюджетного учреждения «Всероссийский НИИ сельскохозяйственной метеорологии». Для амплификации использовали набор праймеров Ferier_F515: 5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3' и Ferier_R806: 5'-GGACTACVSGG GTATCTAAT-3'. Для биоинформационного анализа применяли программы QIIME version 1.9.1 и SILVA [Quast et al., 2013].

Статистическую и математическую обработку данных выполняли в программе XLSTAT (Addinsoft, Франция) и пакета программ MatLab (MatWorks, США). Анализ главных координат (РCoA) проводился в пакете MatLab11 с кластеризацией образцов по первым двум главным координатам. Предварительная обработка данных для стандартизации проводилась согласно рекомендациям Zuur et al. [2007]. Относительная численность микробных таксонов суммировалась на уровне филумов, классов, семейств и родов и включала только те микробные таксоны, которые представляли >1% общего микробного разнообразия хотя бы в одном образце. Микробные филумы, классы, семейства и рода с относительной численностью <1% во всех образцах были сгруппированы как «другие» соответственно.

Результаты и обсуждение

За последние пять лет уровень оз. Байкал характеризовался значительными перепадами (рис. 1). В 2018–2019 гг. показатели притока были в пределах средней водности [Бычков, Никитин, 2022], однако зимой-весной 2018 г. были отмечены низкие значения уровня в озере 455,73–455,94 м. Внутригодовая амплитуда (dH) превышала допустимые 0,85 м и составляла 1,09 м. В 2019 г. диапазон регулирования 456–457 м ТО соблюдался.

В 2020 г. при среднем годовом притоке, который соответствует обеспеченности 25% и является верхней границей средней водности или нижней границей многоводного года по классификации Росстата, при высоких притоках в августе и сентябре, несмотря на повышенные расходы через Иркутскую ГЭС, уровень озера повысился до 457,07 м ТО [Бычков, Никитин, 2022]. Затем в 2021 г. наступил многоводный период, средний годовой приток имел обеспеченность 3–4% и в третьей декаде сентября уровень озера достиг отметки 457,23 м ТО [Бычков, Никитин, 2022]. При этом негативные последствия отмечались как на восточном побережье оз. Байкал, так и в нижнем бьефе Иркутской ГЭС [Плюснин, Перязева, 2022]. В 2022 г. диапазон регулирования по постановлению № 234 [2001] 456–457 м ТО соблюдался.

Таксономическое разнообразие микробных сообществ воды прибрежных мелководных участков в летний период значительно варьировало (рис. 2).

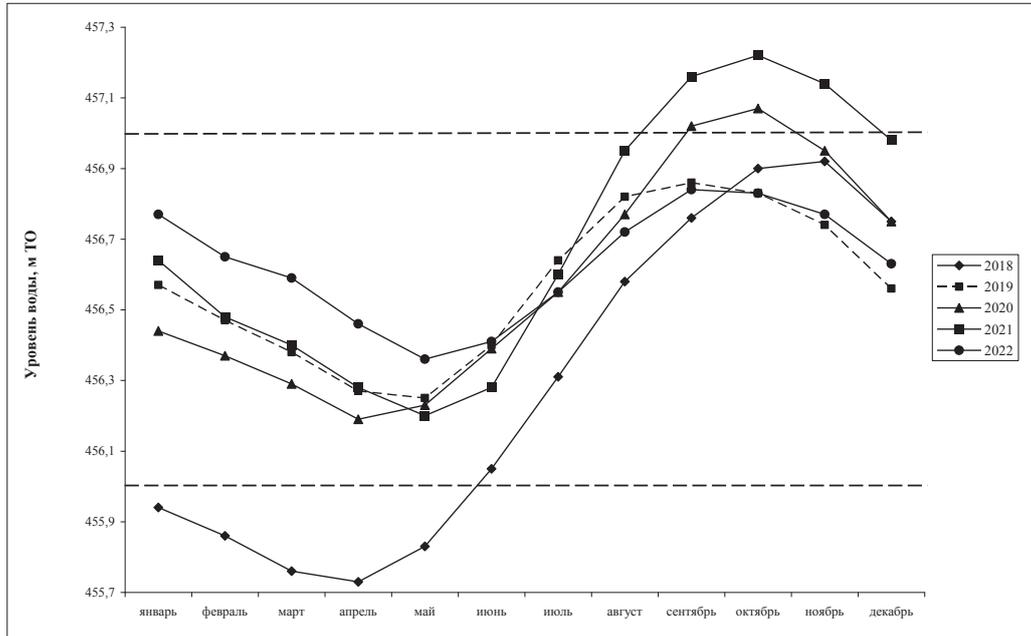


Рис. 1. Динамика изменений уровня оз. Байкал 2018–2022 гг. Представлены данные на первое число каждого месяца. Предельные значения уровня по постановлению № 234 [2001].

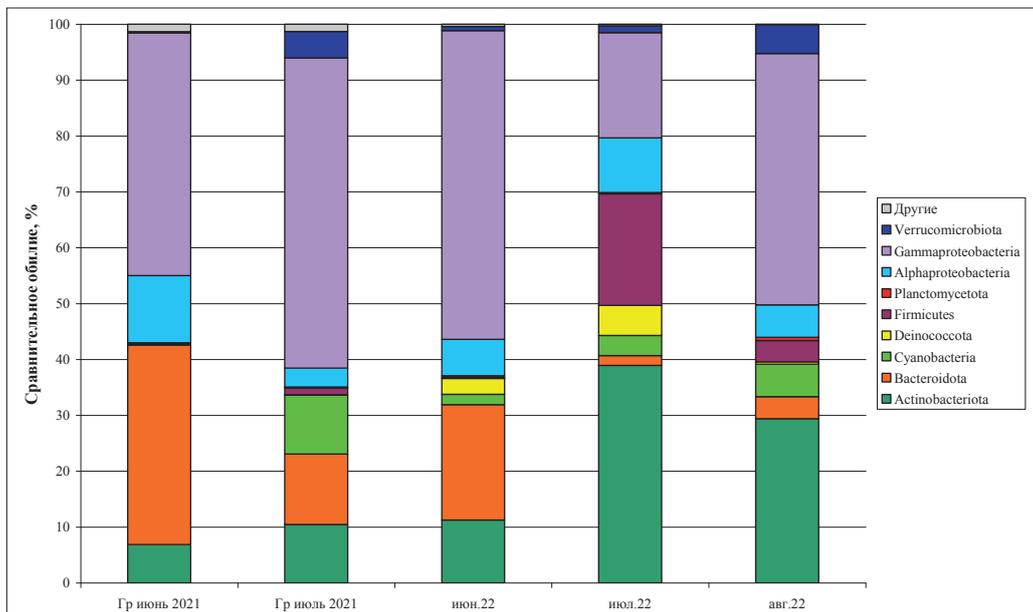


Рис. 2. Таксономическое разнообразие микробных сообществ воды в летний период 2021–2022 гг.

На уровне филумов доминировали *Proteobacteria*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Firmicutes*, *Cyanobacteria*, *Verrucomicrobiota* и *Deinococcota* (от филума с наибольшей численностью далее по уменьшению), составляя от 98,55 до 99,46% общего микробного разнообразия. Наиболее представленными среди протеобактерий были *Gamma*протеобактерии (19–56% общего разнообразия). Среди многочисленных представителей этого класса можно выделить семейство *Comamonadaceae*, которые достигали обилия до 27,5% в июне 2021 г. Кроме них, в микробных сообществах доминировали гамма-протеобактерии родов *Acinetobacter* (4–38%), *Pseudomonas* (до 17,5%), *Polynucleobacter* (до 1,9%), а в июльских пробах 2021 г. в микробных сообществах отмечено значительное количество (до 3,75%) неклассифицированных представителей семейства *Enterobacteriaceae*, что свидетельствует об интенсивном антропогенном влиянии. Из представителей *Alphaproteobacteria* практически во всех пробах присутствовал р. *Sphingomonas*, который составлял до 9% микробного разнообразия в июне 2021 г. Бактерии р. *Brevundimonas* составляли 10,9% в микробном сообществе на участке Сухая в июле 2022 г. и 4,7% на участке Горячинск в конце августа 2022 г. Филум *Actinobacteriota* в микробных сообществах в 2022 г. был в основном представлен неклассифицированными на уровне рода бактериями семейства *Micrococcaceae* (2–22%) и кладой *hgcl* (0,5–5,5%). Летом 2021 г. преобладали типичные пресноводные актинобактерии клады *hgcl* (0,5–5,5%). Из представителей филума *Bacteroidota* доминировали рода: *Flavobacterium*, *Pseudarcicella*, *Sediminibacterium* и *Algoriphagus*, однако их сравнительное обилие значительно варьировало. Интересно отметить, что в воде в июне 2021 г. отсутствовали представители филума *Cyanobacteria*, хотя в июльских пробах в составе микробного сообщества доминировали цианобактерии (до 10,5%), представленные р. *Cyanobium* PCC-6307. Летом 2022 г. сравнительное обилие цианобактерий варьировало от 1,8 в июне до 6,9% в августе, достигая максимального разнообразия и обилия в воде у с. Горячинск, отмечались токсичные цианобактерии *Aphanizomenon* NIES81 и *Dolichospermum* NIES41, которые способны формировать обильные цианобактериальные цветения [Cao et al. 2014]. Ранее сообщалось, что представители рода *Dolichospermum* NIES41 вызывали бурное цветение в литоральных участках в южной части Байкала в июле-августе 2019 г. [Белых и др., 2020].

Альфа-разнообразие микробных сообществ оценивали через индекс разнообразия Шеннона. Микробные сообщества воды мелководных участков были достаточно разнообразными. Индекс Шеннона варьировал от 3,63 до 3,86 летом 2021 г. и от 3,12 до 4,1 в летних пробах 2022 г. Наибольший индекс разнообразия был получен для микробного сообщества у с. Сухая в конце августа 2022 г. Для оценки бета-разнообразия микробных сообществ на уровне родов был проведен анализ главных координат (PCoA) с кластеризацией образцов по первым двум главным координатам. Анализ включал данные по 43 родам бактерий, которые представляли >1% общего микробного разнообразия хотя бы в одном образце (рис. 3).

Бактерии *Nocardioideae*, *unclassified_Micrococcaceae*, *Exiguobacterium*, *Marmoricola*, *Phycoccus*, *unclassified_Intrasporangiaceae*, *Deinococcus* и *Sediminibacterium* имели наибольший вклад в распределение по первой главной координате (PCo1). Актинобактерии группы CL500-29 и клады *hgcl*, веррукомикробии

Luteolibacter, цианобактерии *Cyanobium* PCC-6307, протеобактерии *Comamonadaceae*, *Methylobacterium-Methylorubrum*, *Acinetobacter* и *Sphingomonas*, а также представители филума *Bacteroidota* бактерии р. *Pseudarcicella* и *Flavobacterium* в большей степени определяли распределение по второй главной координате (PCo2). По результатам проведенного анализа можно сделать заключение о формировании сходных микробных сообществ в прибрежных мелководных участках в определенные летние месяцы: июнь 2021/июнь 2022; в июле 2022 г. на участках Энхалук и Сухая; в августе 2022 г. на участках Горячинск и Сухая; пробы ‘Гремячинск июль 2021’ и ‘Горячинск2 август 2022’ образовывали отдельный кластер на графике главных координат (рис. 3).

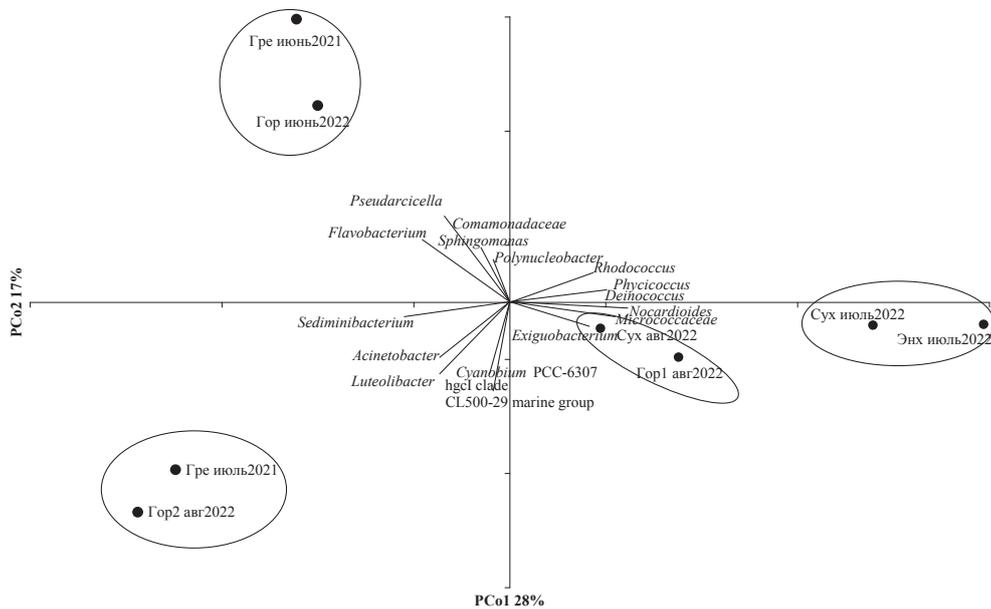


Рис. 3. Анализ главных координат (PCoA) с кластеризацией образцов по первым двум главным координатам

Сходный состав микробных сообществ выявлен в июньских пробах прибрежной воды в 2021 г. и 2022 г. Топ 10 таксонов (>1% сравнительного обилия) в пробе ‘Гремячинск июль 2021’ составляли unclassified_*Comamonadaceae* (27,8%), *Flavobacterium* (23,4%), *Sphingomonas* (9,0%), *Pseudarcicella* (9,0%), *Pseudomonas* (5,3%), *Acinetobacter* (4,1%), *Polynucleobacter* (1,9%), unclassified_*Oxalobacteraceae* (1,4%), *Methylobacterium-Methylorubrum* (1,2%) и *Sediminibacterium* (1,2%). Бактерии семейства *Comamonadaceae* представлены метаболически разнообразными водными и почвенными микроорганизмами, которые включают аэробных органотрофов, анаэробных денитрификаторов, водородокисляющих и Fe³⁺-восстанавливающих бактерий, фотоавтотрофных и фотогетеротрофных бактерий [Decleuge et al., 2015] и, возможно, свидетельствуют о распространении почвенных микроорганизмов при изменении гидрологических

условий. Большинство *Flavobacterium* являются хемоорганотрофами и способны использовать сложные органические вещества в качестве источника углерода [Parulekar et al., 2017]. Кроме того, показано разнообразие и высокое обилие *Flavobacterium* в эвтрофных озерах и выявлены взаимосвязи их распространения с цианобактериальными цветениями и трофностью пресных водоемов [Eiler, Bertilsson 2007; Parulekar et al., 2017; Özbaýram et al., 2020]. *Flavobacterium* (29%) и бактерии семейства *Comamonadaceae* (14%) доминировали в микробном сообществе прибрежной воды в крупном пресном озере Сапанджа (Турция) во время интенсивного цианобактериального цветения [Özbaýram et al. 2020]. Напротив, бактерии р. *Pseudarcicella*, которые составляли 9% микробного разнообразия в прибрежном мелководье оз. Байкал в июне 2021 г., рассматриваются некоторыми исследователями как значимый индикатор благополучного состояния пресноводных экосистем [Li et al., 2017; Salmaso et al., 2018; Guo et al., 2021]. *Flavobacterium* (9,5%), бактерии семейства *Comamonadaceae* (6,7%) и *Pseudarcicella* (2,2%) сохраняли свое доминирующее положение и в составе микробного сообщества прибрежной воды оз. Байкал в июне 2022 г. Другими доминирующими таксонами в этой пробе были рода: *Acinetobacter* (22,6%), *Stenotrophomonas* (14,9%), *Comamonas* (5,5%), *Empedobacter* (4,2%), unclassified *Enterobacteriaceae* (3,7%), *Deinococcus* (2,8%), *Methylobacterium-Methylorubrum* (2,8%), *Rhodoluna* (2,5%), unclassified *Micrococcaceae* (2,2%), *Flectobacillus* (1,4%) и *Aphanizomenon* NIES81 (1,4%). Обращает на себя внимание присутствие значительного количества последовательностей, связанных с потенциально токсичными цианобактериями *Aphanizomenon* NIES81, и доминирование р. *Stenotrophomonas*, некоторые представители которого способны к деградации микроцистинов, образуемых во время цианобактериального цветения [Yang et al., 2014]. Высокое относительное обилие р. *Stenotrophomonas* (6,4%) также было определено в пробе 'Top2' в конце августа 2022 г. В оз. Байкал цианобактерии, продуцирующие цианотоксины группы сакситоксина и микроцистина выявляются с 2010 г. в планктоне прибрежной зоны около пос. Турка, в Баргузинском и Чивыркуйском заливах [Belykh et al., 2017]. В планктоне этих мелководных районов выявлены *Aphanizomenon flosaquae*, *Dolichospermum flosaquae*, *D. lemmermannii*, *D. macrosporum*, *D. solitarium*, *D. mucosum*, *D. planctonicum*, *D. smithii*, *Gloeotrichia echinulata*, *Merismopedia* sp., *Microcystis* sp., *M. aeruginosa*, *Chamaesiphon* sp., *Phormidium* sp., *Tolypothrix* sp. [Белых и др., 2020]. Микроскопический и генетический анализ образцов, отобранных в 2014–2017 гг. с различных субстратов, выявил массовое развитие бентосных цианобактерий с доминированием видов *Symplocastrum* sp., *Tychonema* sp., *Tolypothrix distorta*, *Pseudanabaena* spp., *Oscillatoria curviceps*, *Kamptonema formosum*, *Leptolyngbya* spp., а также содержащие гены синтеза цианотоксинов [Belykh et al., 2017]. Массовое увеличение биомассы фитопланктона в мелководных прибрежных участках, способное оказать существенное влияние на круговорот питательных веществ и устойчивость экосистемы озера Байкал, выявлялось в условиях маловодного периода 2014–2017 гг. [Борисова и др., 2022]. Доминирование цианобактерий в микробных сообществах прибрежной воды оз. Байкал может служить индикатором неблагоприятных изменений при изменении уровня.

Выводы

1. Были выявлены особенности таксономического состава бактериальных сообществ мелководных прибрежных участков оз. Байкал в многоводный период. На уровне филумов доминировали *Proteobacteria*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Firmicutes*, *Cyanobacteria*, *Verrucomicrobiota* и *Deinococcota*. Среди представителей самого многочисленного класса *Gammaproteobacteria* можно выделить семейство *Comamonadaceae*, которые присутствовали во всех образцах и достигали максимума в июне 2021 г. Кроме них, в микробных сообществах доминировали рода *Acinetobacter* (4–38%), *Flavobacterium* (0,3–23,4%), *unclassified_Micrococcaceae* (до 22%), *Exiguobacterium* (до 15,5%), *Pseudomonas* (до 17,5%) и *Cyanobium* PCC-6307 (до 10%). Альфа-разнообразие микробных сообществ различалось незначительно.

2. Важным фактором структуры микробных сообществ воды в период многоводья является значительное количество микроорганизмов семейства *Comamonadaceae*, занимающих до 27% общего микробного разнообразия, что, возможно, обусловлено распространением почвенных бактерий в прибрежных мелководных участках при повышении уровня воды.

3. Представители филума *Cyanobacteria* не были выявлены в составе микробного сообщества воды в июне 2021 г. Цианобактерии р. *Cyanobium* PCC-6307 доминировали (до 10,5%) в июльских пробах. Летом 2022 г. сравнительное обилие цианобактерий варьировало от 1,8 до 6,9%, достигая максимального разнообразия и обилия в воде у с. Горячинск, где отмечались токсичные цианобактерии *Aphanizomenon* NIES81 и *Dolichospermum* NIES41.

4. Выявлено значительное сходство таксономического состава микробных сообществ воды прибрежных мелководных участков оз. Байкал в определенные летние месяцы 2021–2022 гг.

Литература

1. Belykh O. I., Fedorova G. A., Kuzmin A. V. et al. Microcystins in Cyanobacterial Biofilms from the Littoral Zone of Lake Baikal. *Moscow University Biological Sciences Bulletin*. 2017; 72: 225–231. DOI: 10.3103/S0096392517040022
2. Cao H., Shimura Y., Masanobu K., Yin Y. Draft Genome Sequence of the Toxic Bloom-Forming Cyanobacterium *Aphanizomenon flos-aquae* NIES-81. *Genome Announcements*. 2014; 2(1):e00044-14. DOI: 10.1128/genomeA00044-14
3. Decleyre H., Heylen K., Van Colen C., and Willems A. Dissimilatory nitrogen Reduction in Intertidal sediments of a Temperate Estuary: Small Scale Heterogeneity and Novel nitrate-To-ammonium Reducers. *Front. Microbiol.* 2015; 6: 1124. DOI: 10.3389/fmicb.2015.01124
4. Eiler A., Bertilsson S. Flavobacteria Blooms in Four Eutrophic Lakes: Linking Population Dynamics of Freshwater Bacterioplankton to Resource Availability. *Applied & Environmental Microbiology*. 2007; 73: 3511–3518. DOI:10.1128/AEM.02534-06
5. Evtimova V. V., and Donohue I. Quantifying Ecological Responses to Amplified Water Level Fluctuations in Standing Waters: an Experimental Approach. *Journal of Applied Ecology*. 2014; 51: 1282–1291. DOI: 10.1111/1365-2664.12297
6. Gerull L., Frossard A., Gessner M. O., Mutz M. Variability of Heterotrophic Metabolism in Small Stream Corridors of an Early Successional Watershed. *J. Geophys. Res. Biogeosci.* 2011; 116: G0201210. DOI: 1029/2010JG001516

7. Guo D., Liang J., Chen W. et al. Bacterial Community Analysis of Two Neighboring Freshwater Lakes Originating from One Lake. *Pol. J. Environ. Stud.* 2021; 30: 111–117. DOI: 10.15244/pjoes/119094
8. Li Z., Lu L., Guo J. et al. Responses of Spatial-Temporal Dynamics of Bacterioplankton Community to Large-Scale Reservoir Operation: A Case Study in the Three Gorges Reservoir, China. *Sci Rep.* 2017; 7: 42469. DOI: 10.1038/srep42469
9. Liu J., Chen Y., Li M. et al. Water-Level Fluctuations are Key for Phytoplankton Taxonomic Communities and Functional Groups in Poyang Lake. *Ecol. Ind.* 2019; 104: 470–478. DOI: 10.1016/j.ecolind.2019.05.021
10. McClain M. E., Boyer E. W., Dent C. L. et al. Biogeochemical Hot Spots and Hot Moments at the Interface of Terrestrial and Aquatic Ecosystems. *Ecosystems.* 2003; 6: 301–312. DOI: 10.1007/s10021-003-0161-9
11. Özbayram E. G., Köker L., Akçaalan R. et al. Bacterial Community Composition of Sapanca Lake during a Cyanobacterial Bloom. *Aquatic Sciences and Engineering.* 2020; 35(2): 52–56. DOI: 10.26650/ASE2020652073
12. Parulekar N. N., Kolekar P., Jenkins A. et al. Characterization of Bacterial Community Associated with Phytoplankton Bloom in a Eutrophic Lake in South Norway using 16S rRNA Gene Amplicon Sequence Analysis. *PLoS ONE.* 2017; 12(3): e0173408. DOI:10.1371/journal.pone.0173408
13. Quast C., Pruesse E., Yilmaz P. et al. The SILVA Ribosomal RNA Gene Database Project: Improved Data Processing and Web-Based Tools. *Nucl. Acids Res.* 2013; 41: D590–D596.
14. Ren Z., Qu X., Zhang M., Yu Y., and Peng W. Distinct Bacterial Communities in Wet and Dry Seasons During a Seasonal Water Level Fluctuation in the Largest Freshwater Lake (Poyang Lake) in China. *Front. Microbiol.* 2019; 10: 1167. DOI: 10.3389/fmicb.2019.01167
15. Salmaso N., Albanese D., Capelli C. et al. Diversity and Cyclical Seasonal Transitions in the Bacterial Community in a Large and Deep Perialpine Lake. *Microbial Ecology.* 2018; 76: 125–143. DOI: 10.1007/s00248-017-1120-x.
16. Wang S., Yang G., Junjie J. et al. Water Level as the Key Controlling Regulator Associated with Nutrient and Gross Primary Productivity Changes in a Large Floodplain-Lake System (Lake Poyang), China. *Journal of Hydrology.* 2021; 599: 126414 DOI: 10.1016/j.jhydrol.2021.126414.
17. Wantzen K. M., Rothhaupt K.-O., Mörtl M. et al. Ecological Effects of Water-Level Fluctuations in Lakes: an Urgent Issue. *Hydrobiologia.* 2008; 613: 1–4. DOI: 10.1007/s10750-008-9466-1
18. Weise L., Ulrich A., Moreano M. et al. Water Level Changes Affect Carbon Turnover and Microbial Community Composition in Lake Sediments. *FEMS Microbiology Ecology.* 2016; 92(5): fiw035. DOI: 10.1093/femsec/fiw035
19. Yang F., Zhou Y., Yin L. et al. Microcystin-Degrading Activity of an Indigenous Bacterial Strain *Stenotrophomonas acidaminiphila* MC-LTH2 Isolated from Lake Taihu. *PLoS ONE.* 2014; 9(1): e86216. DOI:10.1371/journal.pone.0086216
20. Zohary T. & Ostrovsky I. Ecological Impacts of Excessive Water Level Fluctuations in Stratified Freshwater Lakes. *Inland Waters.* 2011; 1(1): 47–59. DOI: 10.5268/IW-1.1.406
21. Zuur A. F., Ieno E. N., Smith G. M. *Analyzing Ecological Data.* NY: Springer, 2007, pp. 672.
22. Токсин-продуцирующие цианобактерии в озере Байкал и водоемах Байкальского региона (обзор) / О. И. Белых, И. В. Тихонова, А. В. Кузьмин [и др.] // Теоретические проблемы экологии. 2020. № 1. С.21–27. DOI: 10.25750/1995-4301-2020-1-021-027. Текст : непосредственный.
23. Концептуальные схемы влияния изменений уровня озера Байкал на биоту прибрежных экосистем / Н. Г. Борисова, О. А. Аненхонов, С. В. Зайцева [и др.] // География

и природные ресурсы. 2022. № 5. С. 133–142. DOI: 10.15372/GIPR20220514. Текст : непосредственный.

24. Бычков И. В., Никитин В. М. Современные проблемы регулирования уровня озера Байкал // География и природные ресурсы. 2022. № 5. С. 13–24. DOI: 10.15372/GIPR20220502. Текст : непосредственный.

25. Плюснин А. М., Перязева Е. М. Воздействие подъема уровня Байкала на инженерные сооружения прибрежных поселений // География и природные ресурсы. 2022. № 5. С. 74–82. DOI: 10.15372/GIPR20220508ю Текст : непосредственный.

26. О предельных значениях уровня воды в озере Байкал при осуществлении хозяйственной и иной деятельности : постановление правительства Российской Федерации от 26 марта 2001 г. № 234 // Собрание законодательства РФ. 2001. № 14. 1366 с. Текст : непосредственный.

27. Тимошкин О. А., Сутурин А. Н., Бондаренко Н. А. [и др.] Биология прибрежной зоны озера Байкал. Сообщение 1. Заплесковая зона: первые результаты междисциплинарных исследований, важность для мониторинга экосистемы // Изв. Иркут. гос. ун-та. Сер. Биология. Экология. 2011. Т. 4, № 4. С. 75–110. Текст : непосредственный.

Статья поступила в редакцию 11.11.2023; одобрена после рецензирования 03.12.2023; принята к публикации 08.12.2023.

DIVERSITY OF MICROBIAL COMMUNITIES IN SHALLOW WATER
AND COASTAL ECOSYSTEMS OF LAKE BAIKAL
IN THE SUMMER PERIOD OF 2021–2022

Svetlana V. Zaytseva

Cand. Sci. (Biol.), Senior Reseacher
svet_zait@mail.ru

Olga P. Dagurova

Cand. Sci. (Biol.), Senior Reseacher
dagur-ol@mail.ru

Dulma D. Tsyrenova

Cand. Sci. (Biol.), Reseacher
baldanovad@rambler.ru

Institute for General and Experimental Biology SB RAS
6 Sakhyanovoy St., Ulan-Ude 670047, Russia

Abstract. The article reviews the structure of the microbial community in shallow coastal areas that is closely related to environmental conditions and hydrochemical parameters, and it rapidly transforms in response to negative changes in the ecological state of water bodies, determined by hydrological fluctuations. We have studied the taxonomic structure of microbial communities in the water of shallow coastal areas of Lake Baikal during periods of increased water levels. At the phylum level, *Proteobacteria*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Firmicutes*, *Cyanobacteria*, *Verrucomicrobiota*, and *Deinococcota* dominated, accounting for 98.55 to 99.46 % of the total microbial diversity. Significant similarities in the taxonomic composition of microbial communities in the water of shallow coastal areas of Lake Baikal

were found in certain summer months of 2021–2022. Similar microbial communities were formed in June 2021/22; in July 2022 at the Enkhaluk and Sukhaya sites; and in August 2022 at the Goryachinsk and Sukhaya sites.

Keywords: microbial ecology, Lake Baikal, water level changes, microbial community, hydrochemical parameters of the lake.

Acknowledgments

The research was carried out within the state assignment of Institute for General and Experimental Biology SB RAS (FWSM-2021-0006, FWSM-2021-0003).

For citation

Zaitseva S. V., Dagurova O. P., Tsyrenova D. D. Diversity of Microbial Communities in Shallow Water and Coastal Ecosystems of Lake Baikal in the Summer Period of 2021–2022. *Nature of Inner Asia*. 2023; 4(26): 12–22 (In Russ.). DOI: 10.18101/2542-0623-2023-4-12-22

The article was submitted 11.11.2023; approved after reviewing 03.12.2023; accepted for publication 08.12.2023.