

Научная статья

УДК 579.68

DOI: 10.18101/2542-0623-2025-4-23-29

**БАКТЕРИАЛЬНЫЕ СООБЩЕСТВА ЦИАНОСФЕРЫ
МОНОКУЛЬТУР ЦИАНОБАКТЕРИЙ ИЗ ПРЕСНЫХ ОЗЕР
КОТОКЕЛЬ И ДИКООЕ (БУРЯТИЯ, РОССИЯ)**

Цыренова Д. Д., Дагурова О. П., Бархутова Д. Д.

© **Цыренова Дулма Доржиевна**

кандидат биологических наук, научный сотрудник

baldanovad@rambler.ru

© **Дагурова Ольга Павловна**

кандидат биологических наук, старший научный сотрудник

dagur-ol@mail.ru

© **Бархутова Дарима Дондоковна**

кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник

darima_bar@mail.ru

Институт общей и экспериментальной биологии СО РАН

Россия, 670047, г. Улан-Удэ, ул. Сахьяновой, 6

Аннотация. В данной работе впервые с помощью высокопроизводительного секвенирования была исследована цианосфера монокультур цианобактерий родов *Nostoc*, *Calothrix*, *Tychonema*. Монокультуры цианобактерий были выделены из пресных озер Прибайкалья — Котокель и Дикое, подверженных негативным экологическим изменениям. Большинство последовательностей гетеротрофных бактерий цианосферы принадлежали пяти филумам: *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Firmicutes* и *Verrucomicrobia*. Их относительное обилие различалось в разных монокультурах. В бактериальном сообществе цианосферы *Nostoc* доминировали бактерии рода *Phreatobacter*, в монокультуре *Calothrix* — бактерии родов *Brevundimonas*, *Microbacterium* и порядка *Bacillales*, в монокультуре *Tychonema* — бактерии родов *Flavobacterium* и *Microbacterium*.

Ключевые слова: бактериальное сообщество, цианобактерии, цианосфера, озеро Котокель, озеро Дикое, высокопроизводительное секвенирование.

Благодарности

Исследования выполнены в рамках темы госзадания «Микробные сообщества экстремальных природных экосистем Байкальского региона: структурно-функциональная организация и биотехнологический потенциал» (№ госрегистрации 121030100229-1).

Для цитирования

Цыренова Д. Д., Дагурова О. П., Бархутова Д. Д. Бактериальные сообщества цианосферы монокультур цианобактерий из пресных озер Котокель и Дикое (Бурятия, Россия) // Природа Внутренней Азии. Nature of Inner Asia. 2025. № 4(33). С. 23–29. DOI: 10.18101/2542-0623-2025-4-23-29

Введение

Активное развитие цианобактерий представляет собой серьезную экологическую проблему и угрожает устойчивости пресноводных экосистем. Интенсивность и частота данного явления возрастают под воздействием изменений климата и антропогенной эвтрофикации [Sukenic et al., 2015; Woodhouse et al., 2018]. В 2008 г. на озере Котокель произошла экологическая катастрофа — началась массовая гибель рыб, зафиксированы случаи заболевания местного населения, диагностируемого как гаффская болезнь. В итоге водоем потерял рыбохозяйственное и рекреационное значение [Озеро Котокельское... 2013]. Здесь были выявлены токсичные виды цианобактерий *Microcystis aeruginosa* и *Anabaena* sp., содержащие гены микроцистин — синтазы [Белых и др., 2015].

Факторы и процессы, способствующие цветению цианобактерий в эвтрофных пресноводных экосистемах, широко изучаются. Все больше исследований последних лет посвящено прямому или косвенному взаимодействию между цианобактериями и гетеротрофными бактериями. Присутствие бактерий, непосредственно прикрепленных или непосредственно прилегающих к клеткам цианобактерий, предполагает интенсивный обмен питательными веществами между этими микроорганизмами [Louati et al., 2016]. Изучение микробных сообществ «цианосферы», присутствующих в узкой зоне, прилегающей к клеткам цианобактерий, является важным для понимания развития фитопланктона и процессов, происходящих в водной среде [Cai et al., 2014]. Целью настоящего исследования является сравнение таксономического разнообразия бактериальных сообществ в монокультурах цианобактерий, выделенных из озер Котокель и Дикое методом высокопроизводительного секвенирования.

Материал и методы

Образцы проб (микробные биопленки) для выделений монокультур цианобактерий были отобраны летом 2021 г. из прибрежной зоны озер Котокель и Дикое (Прибайкальский район, Республика Бурятия, Россия). Выделение цианобактерий проводили методом пересевов накопительных культур на жидкие и агаризованные среды «Z8» [Kótai, 1972]. Культивирование цианобактерий проводили в условиях люминестата при температуре 20–25 °С. Освещенность на поверхности суспензии культур составляла 2 000 лк. Микроскопирование проб осуществляли при помощи светового микроскопа «Carl Zeiss» (Axiostar Plus, Германия).

Профилирование бактериального сообщества цианобактериальных культур по гену 16S рРНК проводилось с использованием оборудования ЦКП ГТПиКБ ФГБНУ ВНИИСХМ (г. Санкт-Петербург, Россия). Очищенные препараты ДНК образцов были использованы для создания библиотек фрагментов гена 16S рРНК методом ПЦР с использованием универсальных праймеров для варибельной области V4: F515/R806 (GTGCCAGCMGCCGGCGGTAA/GGACTACVSGGGTATCTAAT).

Подготовка библиотеки и секвенирование проводились в соответствии с рекомендациями производителя по эксплуатации прибора Illumina MiSeq (Illumina, Сан-Диего, Калифорния, США) с использованием MiSeq® ReagentKit v3 (600 циклов) в парном цикле (2×300 н). Для таксономической классификации

полученных операционных таксономических единиц (ОТЕ) использовались программные пакеты DADA2, PHYLOSEQ и SILVA. Полученные последовательности депонированы в GenBank под номерами PRJNA1372452, PRJNA1372465 и PRJNA1372846.

Результаты и обсуждение

Из трех образцов было получено 62 772 прочтения по варибельной области V4 гена 16S рРНК, включая неклассифицированные ОТЕ, которые были использованы в анализе. Монокультуры цианобактерий были представлены тремя видами гетероцистных цианобактерий, относящимися к родам *Nostoc* и *Calothrix* семейства *Nostocaceae* (озеро Котокель) и *Tychonema* семейства *Phormidiaceae* (озеро Дикое). Большинство бактериальных последовательностей цианосферы принадлежало пяти основным типам: *Bacteroidota*, *Pseudomonadota*, *Actinobacteriota*, *Bacillota* и *Verrucomicrobiota*. Эти основные группы различались по относительному обилию среди образцов (таблица).

Среди ассоциированных с цианобактерией *Nostoc* бактерий доминировали представители филума *Pseudomonadota* (92,2%). Среди них доминировали представители рода *Phreatobacter* семейства *Rhizobiales Incertae Sedis* (43%), в два раза меньше были представлены бактерии семейства *Rhizobiaceae* (20,1%). Также в сообществе были представлены семейства *Comamonadaceae* и *Solimonadaceae*. В бактериальном сообществе *Nostoc* встречались бактерии филума *Verrucomicrobiota*, содержание которых составляет 5,6%. Они были представлены неклассифицированными бактериями рода *Neochlamydia* семейства *Parachlamydiaceae*.

В цианосфере монокультуры *Calothrix* были выявлены гетеротрофные бактерии, относящиеся к филумам *Pseudomonadota* (36,5% общего количества), *Actinobacteriota* (32%), *Bacillota* (21,2%) и *Bacteroidota* (7,2%). Популяция бактерий *Pseudomonadota* состояла из *Alphaproteobacteria*, среди которых доминировали неклассифицированные бактерии рода *Brevundimonas* (семейство *Caulobacteraceae*) (23,4%) и неклассифицированные бактерии класса *Alphaproteobacteria* (8,7%). Также в культуре встречались представители семейств *Sphingomonadaceae* и *Acetobacteraceae*. Среди бактерий филума *Actinobacteriota* доминировали неклассифицированные бактерии рода *Microbacterium* семейства *Microbacteriaceae* (22,3%) и рода *Blastococcus* семейства *Geodermatophilaceae* (6,5%). Также были обнаружены представители семейств *Micrococcaceae* и *Nocardioideaceae*. Бактерии филума *Bacillota* были представлены unclassified *Bacillales* (21,2%), бактерии филума *Bacteroidota* — unclassified *Pontibacter* (7,2%).

В цианосфере монокультуры *Tychonema* популяция бактерий филума *Pseudomonadota* была представлена бактериями рода *Paracoccus* (9,2%) и рода *Rhodobacteraceae* (8,3%). Были выявлены гетеротрофные бактерии, относящиеся к филуму *Bacteroidota*, которые составляли половину сообщества (49,6%) и относились к семейству *Flavobacteriaceae*. Также обнаружены бактерии филумов *Actinobacteriota* (32,2%) и *Pseudomonadota* (17,7%). Актинобактерии состояли в основном из неклассифицированных бактерий родов *Microbacterium* (семейство *Microbacteriaceae*) и *Blastococcus* (семейство *Geodermatophilaceae*). Бактерии филума *Pseudomonadota* относились к классу *Alphaproteobacteria*, семейству *Rhodobacteraceae*, роду *Paracoccus*.

Таблица
Состав бактериального сообщества цианосферы монокультур цианобактерий, выделенных из пресных озер Прибайкалья

Филум бактерий, доминанты в культуре	Монокультуры цианобактерии		
	<i>Nostoc</i>	<i>Calothrix</i>	<i>Tychoneta</i>
<i>Pseudomonadota</i>	92,2%	36,5%	17,7%
	1. <i>Phreatobacter</i> (Сем. <i>Rhizobiales Incertae Sedis</i>) — 43% 2. <i>Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium</i> (Сем. <i>Rhizobiaceae</i>) — 20,1% 0%	1. <i>Brevundimonas</i> (Сем. <i>Caulobacteraceae</i>) — 23,4% 2. <i>unclassified_Alphaproteobacteria</i> — 8,7% 32%	1. <i>Paracoccus</i> (Сем. <i>Rhodobacteraceae</i>) — 9,2% 2. <i>unclassified_Rhodobacteraceae</i> — 8,3% 32%
<i>Actinobacteriota</i>	0%	1. <i>Microbacterium</i> (Сем. <i>Microbacteriaceae</i>) — 22,3% 2. <i>Blastococcus</i> (Сем. <i>Geodermatophilaceae</i>) — 6,5% 7,2%	1. <i>Microbacterium</i> (Сем. <i>Microbacteriaceae</i>) — 25% 2. <i>Blastococcus</i> (Сем. <i>Geodermatophilaceae</i>) — 6,1% 49,6%
<i>Bacteroidota</i>	0%	1. <i>Pontibacter</i> (Сем. <i>Hymenobacteraceae</i>) 21,2%	1. <i>Flavobacterium</i> (Сем. <i>Flavobacteriaceae</i>) 0,03%
<i>Bacillota</i>	0%	1. <i>unclassified_Bacillales</i> 0%	1. <i>Lactobacillus</i> (Сем. <i>Lactobacillaceae</i>) 0,4%
<i>Yerricomicrobiota</i>	5,6% 1. <i>Neochlamydia</i> (Сем. <i>Parachlamydiaceae</i>)		1. <i>Neochlamydia</i> (Сем. <i>Parachlamydiaceae</i>) 0,3%
Неклассифицированные прокариоты	2,2%	3%	0,3%

Среди спутников цианобактерий *Tychonema*, *Nostoc* и *Calothrix* были выявлены неклассифицированные прокариоты в количестве 0,3%, 2,2% и 3% соответственно. *Pseudomonadota* был наиболее распространенным филумом бактерий в гетеротрофном сообществе всех трех монокультур цианобактерий (17,7–92,2%) при доминировании класса *Alphaproteobacteria*, что позволяет предположить, что этот филум хорошо приспособлен к заселению цианосферы. Представители филума *Bacteroidota* доминировали в монокультуре цианобактерии *Tychonema* (49,6%) и выявлены в монокультуре цианобактерии *Nostoc*. Бактерии филума *Actinobacteriota*, которые, как правило, встречаются в изобилии в пресноводных экосистемах, также были широко представлены в монокультурах. Это согласуется с другими исследованиями [Cai et al., 2014] и указывает на то, что представители этих групп, по-видимому, адаптированы к условиям цветения, скорее всего, в результате их способности разлагать сложные макромолекулы и метаболиты, выделяемые цианобактериями. Филум *Bacillota* был широко распространен только в монокультуре цианобактерии *Calothrix*. Относительная доля *Verrucomicrobiota* достигала 5,6% в монокультуре *Nostoc*. Известно, что этот филум распространен в богатых питательными веществами средах и связан с цветением водорослей. Ранее нами показано, что в периоды цветения основными доминирующими филумами бактериями в фитопланктоне озер Котокель и Дикое были *Cyanobacteriota*, *Pseudomonadota*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Verrucomicrobiota* и *Bacillota* и их соотношение менялось в разные годы [Цыренова и др., 2023].

Таким образом, с помощью высокопроизводительного секвенирования впервые был охарактеризован состав бактериального сообщества цианосферы у трех монокультур цианобактерий родов *Nostoc*, *Calothrix* и *Tychonema*, выделенных из пресных озер Котокель и Дикое, которые подвержены эвтрофикации. Большинство последовательностей гетеротрофных бактерий различалось по относительному обилию в разных монокультурах цианобактерий. В бактериальном сообществе цианосферы *Nostoc* доминировали неклассифицированные бактерии рода *Phreatobacter*, в монокультуре *Calothrix* неклассифицированные бактерии родов *Brevundimonas*, *Microbacterium* и порядка *Bacillales*, в монокультуре *Tychonema* — неклассифицированные бактерии родов *Flavobacterium* и *Microbacterium*. Это исследование будет способствовать современному пониманию взаимодействия и экологической роли автотрофных и гетеротрофных бактериальных сообществ в водных экосистемах.

Литература

1. Идентификация токсичных цианобактерий в озере Байкал / О. И. Белых, А. С. Гладких, Е. Г. Сороковикова [и др.] // ДАН. 2015. Т. 463, № 3. С. 353–357. Текст : непосредственный.
2. Озеро Котокельское: природные условия, биота, экология / ответственные редакторы Н. М. Пронин, Л. Л. Убугунов, Рос. академия наук, Сиб. отд-ние. Улан-Удэ : Изд-во БНЦ СО РАН, 2013. 340 с. Текст : непосредственный.
3. Структура фототрофных сообществ пресных озер Прибайкалья в условиях интенсивной эвтрофикации / Д. Д. Цыренова, С. В. Зайцева, О. П. Дагурова [и др.] // Природа Внутренней Азии. 2023. № 3. С. 85–99. DOI:10.18101/2542-0623-2023-3-85-99. Текст : непосредственный.

4. Cai H., Jiang H., Krumholz L. R., Yang Z. Bacterial Community Composition of Size-Fractioned Aggregates within the Phycosphere of Cyanobacterial Blooms in a Eutrophic Freshwater Lake. *PLoS ONE*. 2014; 9: e102879. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0102879>
5. Kótai J. *Instructions for Preparation of Modified Nutrient Solution Z8 for Algae*. Blindern, Oslo, Norwegian Institute for Water Research, 1972. B–11/69.
6. Louati I., Pascault N., Debroas D. et al. Structural Diversity of Bacterial Communities Associated with Bloom-Forming Freshwater Cyanobacteria Differs according to the Cyanobacterial Genus. *PLOS ONE*. 2016. 11(1): e0146866. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0146866>View correction
7. Sukenik A., Quesada A., Salmaso N. Global Expansion of Toxic and Non-Toxic Cyanobacteria: Effect on Ecosystem Functioning. *Biodivers Conserv*. 2015. 24: 889–908. <https://doi.org/10.1007/s10531-015-0905-9>
8. Woodhouse J. N., Ziegler J., Grossart H.-P., Neilan B. A. Cyanobacterial Community Composition and Bacteria-Bacteria Interactions Promote the Stable Occurrence of Particle-Associated Bacteria. *Front. Microbiol*. 2018; 9: 777. doi: 10.3389/fmicb.2018.00777

Статья поступила в редакцию 17.10.2025; одобрена после рецензирования 15.11.2025; принята к публикации 10.12.2025.

BACTERIAL COMMUNITIES OF THE CYANOSPHERE
OF CYANOBACTERIA MONOCULTURES FROM FRESHWATER
LAKES KOTOKEL AND DIKOYE (BURYATIA, RUSSIA)

Dulma D. Tsyrenova
Cand. Sci. (Biol.), Researcher
baldanovad@rambler.ru

Olga P. Dagurova
Cand. Sci. (Biol.), Senior Researcher
dagur-ol@mail.ru

Darima D. Barkhutova
Cand. Sci. (Biol.), Leading Researcher
darima_bar@mail.ru

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

Abstract. In this work, the cyanosphere of monocultures of cyanobacteria belonging to genera *Nostoc*, *Calothrix*, and *Tychonema* is studied for the first time using high-throughput sequencing. We isolated cyanobacterial monocultures from freshwater lakes of Cis-Baikalia — Kotokel and Dikoye, which are subject to adverse environmental changes. Most sequences of heterotrophic bacteria belong to five phyla: *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Firmicutes*, and *Verrucomicrobia*. Their relative abundance vary across the monocultures. The bacterial community of the *Nostoc* is dominated by unclassified bacteria of the genus *Phreatobacter*; the *Calothrix* monoculture is dominated by unclassified bacteria of the genera *Brevundimonas*, *Microbacterium* and the order *Bacillales*, and the *Tychonema* monoculture is dominated by unclassified bacteria of the genera *Flavobacterium* and *Microbacterium*.

Keywords: bacterial community, cyanobacteria, cyanosphere, Lake Kotokel, Lake Dikoye, high-throughput sequencing.

Acknowledgments

The research was carried out within the framework of the state assignment topic “Microbial Communities of Extreme Natural Ecosystems of Cis-Baikalia: Structure-Function Organization and Biotechnological Potential” (No. 121030100229-1).

For citation

Tsyrenova D. D., Dagurova O. P., Barkhutova D. D. Bacterial Communities of the Cyanosphere of Cyanobacteria Monocultures from Freshwater Lakes Kotokel and Dikoye (Buryatia, Russia). *Nature of Inner Asia*. 2025; 4(33): 23–29. (In Russ.). DOI: 10.18101/2542-0623-2025-4-23-29

The article was submitted 17.10.2025; approved after reviewing 15.11.2025; accepted for publication 10.12.2025.