

Water and sediment microbial communities in shallow coastal ecosystems of Lake Baikal during summer 2021-2022



Zaitseva S.V.*, Dagurova O.P.

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

ABSTRACT. The taxonomical structure of the microbial community of shallow coastal areas is closely related to environmental conditions, and also changes rapidly in response to changes determined by water level fluctuations. The taxonomic structure of microbial communities in the shallow coastal areas of the Lake Baikal was studied during the period of high water level in summer months 2021-2022. At the phylum level, *Proteobacteria*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Firmicutes*, *Cyanobacteria*, *Verrucomicrobiota* and *Deinococcota* were dominant, accounting for 98.55 to 99.46% of the total microbial diversity in water microbial community. A significant similarity was revealed in the taxonomic composition of microbial communities in the shallow coastal areas of the Lake Baikal during certain summer months of 2021-2022. Similar water microbial communities formed in June 2021/22; in July 2022 in the Enkhaluk and Sukhaya sample sites, as well as at the Goryachinsk and Sukhaya sample sites in August 2022. Sediment microbial communities were dominated by *Gammaproteobacteria*, *Bacteroidota*, *Alphaproteobacteria*, *Actinobacteriota* and *Verrucomicrobiota*.

Keywords: microbial ecology, Lake Baikal, water level fluctuations

For citation: Zaitseva S.V., Dagurova O.P. Water and sediment microbial communities in shallow coastal ecosystems of Lake Baikal during summer 2021-2022 // Limnology and Freshwater Biology. 2024. - № 4. - P. 1137-1142. DOI: 10.31951/2658-3518-2024-A-4-1137

1. Introduction

The impact of water level fluctuations on microbial community is one of the poorly explored aspects in freshwater ecology. Environmental changes associated with hydrological fluctuations can have a strong impact on the composition and functioning of water and sediment microbial communities, and therefore alter biogeochemical cycles and energy flows in the ecosystem (Ren et al., 2019). Littoral zones are particularly affected by increased water level fluctuations and the ecological consequences of level changes are likely to be greatest in shallow coastal zones (Evtimova and Donohue, 2014). Some possible negative changes in the microbial community structure associated with water level fluctuations were identified in Lake Baikal (Borisova et al., 2022; Zaitseva et al., 2023). The aim of this study was to determine the taxonomic diversity of microbial communities in shallow water areas of Lake Baikal during the high-water period.

2. Material and methods

The studies were carried out in June, July and August of 2021-2022, which were characterized as a high-water period. Samples were collected from four sample sites at the east coast with specific hydrological and climatic features. First sample site Gremyachinsk is a part of the coast located outside the bays in the middle basin of Lake Baikal, with conditions characteristic of an extended part of the eastern coast of the lake. Second site Goryachinsk can be considered a typical bay area on the east coast. Sample sites Enkhaluk and Sukhaya are typical for deltaic coastal terrace areas. Triplicated water samples (1000 mL) were retrieved from each sampling site at the 1 m from the water and then filtered through membrane filters (pore diameter 0.22 µm) until clogged. DNA isolation, creation of DNA libraries for sequencing according to the recommendations of the Illumina Sample Preparation Guide and sequencing on the MiSeq platform (Illumina, USA)

*Corresponding author.

E-mail address: svet_zait@mail.ru (S.V. Zaitseva)

Received: May 27, 2024; **Accepted:** June 10, 2024;

Available online: August 30, 2024

© Author(s) 2024. This work is distributed under the Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License.



were carried out on the equipment of the Center for Collective Use “Genomic Technologies, Proteomics and Cell Biology” of the All-Russian Research Institute of Agricultural Meteorology. The QIIME (version 1.9.1) pipeline and SILVA programs were used to analyze the sequencing data (Quast et al., 2013). Principal coordinate analysis (PCoA) was carried out in MatLab11 with samples clustered according to the first two principal coordinates.

3. Results and discussion

Over the past five years, water level in Lake Baikal was characterized by significant differences (Bychkov and Nikitin, 2022). In 2021, a high-water period began, the average annual inflow had a supply of 3–4%, and in the third ten days of September the lake level reached 457.23 m (Bychkov and Nikitin, 2022). At the same time, negative consequences were noted both on the eastern coast of Lake Baikal, and in the downstream of the Irkutsk hydroelectric station (Plyusnin and Peryazeva, 2022). In 2022, the regulation range according to Decree No. 234 (2001) (456–457 m) was observed.

The taxonomic diversity of microbial communities in water and sediment of coastal shallow areas varied significantly in summer months (Fig. 1). At the phylum level, *Proteobacteria*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Firmicutes*, *Cyanobacteria*, *Verrucomicrobiota* and *Deinococcota* dominated in water, accounting for 98.55 to 99.46% of the total microbial diversity. *Comamonadaceae* were the numerous in June, 2021. In addition to them, the microbial communities were dominated by gamma-proteobacteria of g. *Acinetobacter* (4-38%), *Pseudomonas* (up to 17.5%), *Polynucleobacter* (up to 1.9%). In July, 2021, a significant amount of unclassified *Enterobacteriaceae* was noted in water (up to 3.75%) indicating intense anthropogenic influence on the coastal ecosystem. *Sphingomonas* was present in almost all samples accounted for up to 9% of microbial diversity in June, 2021. *Brevundimonas* accounted for 10.9% of the microbial community at the Sukhaya site in July, 2022 and 4.7% at the Goryachinsk site at the end of August, 2022. *Actinobacteriota* was mainly represented by unclassified *Micrococcaceae* (2-22%) and the *hgcl* clade (0.5-5.5%) in 2022. Among *Bacteroidota*, the dominant genera were: *Flavobacterium*, *Pseudarcicella*, *Sediminibacterium* and *Algoriphagus*, but their relative abundance varied significantly. In summer 2022, the relative abundance of *Cyanobacteria* varied from 1.8 in June to 6.9% in August, reaching maximum diversity and abundance in water sample Goryachinsk. Toxic cyanobacteria *Aphanizomenon* NIES81 and *Dolichospermum* NIES41, which are capable of forming abundant cyanobacterial blooms, were noted. *Dolichospermum* NIES41 bloom in littoral areas in the southern part of Lake Baikal in July-August 2019 was previously reported (Belykh et al., 2020).

Shannon index ranged from 3.63 to 3.86 in summer 2021 and from 3.12 to 4.1 in summer 2022 water samples. High microbial diversity was revealed in sediment samples. Shannon index varied 3.89-4.18. To

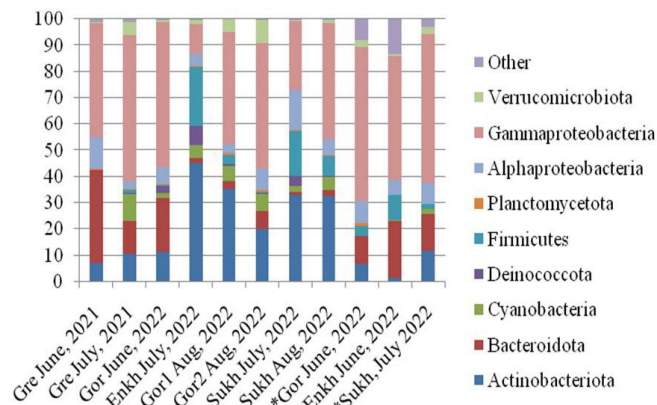


Fig.1. Relative microbial abundance (%) in water and sediment (*) samples in summer months 2021 and 2022. Sampling sites: Gre – Gremyachinsk, Gor – Goryachinsk, Enkh – Enkhaluk, Sukh – Sukhaya.

assess the beta diversity of microbial communities at the genus level, principal coordinate analysis (PCoA) was performed, clustering samples along the first two principal coordinates. The analysis included data from 43 bacterial genera that represented >1% of total microbial diversity in at least one sample (Fig. 2).

Based on the results of the analysis, it can be concluded that similar microbial communities were formed in coastal shallow areas in certain summer months: June 2021/June 2022; in July 2022 in the Enkhaluk and Sukhaya sampling sites; in August 2022 at the Goryachinsk and Sukhaya sites; samples ‘Gremyachinsk July 2021’ and ‘Goryachinsk2 August 2022’ formed a separate cluster on the principal coordinates graph (Fig. 2). A similar composition of microbial communities was detected in June coastal water samples in 2021 and 2022. High abundance of the potentially toxic cyanobacteria *Aphanizomenon* NIES81, and the dominance of *Stenotrophomonas*, some representatives of which are capable of degrading cyanobacterial microcystins was identified in the ‘Gor1’ and ‘Gor2’ samples 2022. In 2014-2017 during low-water period, increasing of phytoplankton biomass was detected in shallow coastal areas (Borisova et al., 2022). Cyanobacteria distribution and abundance in microbial communities of Lake Baikal coastal water can serve as an indicator of unfavorable changes when the level changes.

4. Conclusions

1. Features of the taxonomic composition of bacterial communities in shallow coastal areas of Lake Baikal during the high-water period were identified.
2. *Comamonadaceae*, occupying up to 27% of the total microbial diversity, was an important factor in water microbial communities during high water period.
3. In the summer, 2022, the relative abundance of cyanobacteria varied from 1.8 to 6.9%, reaching maximum diversity and abundance in ‘Gor 1’ water sample, where toxic cyanobacteria *Aphanizomenon* NIES81 and *Dolichospermum* NIES41 were identified.

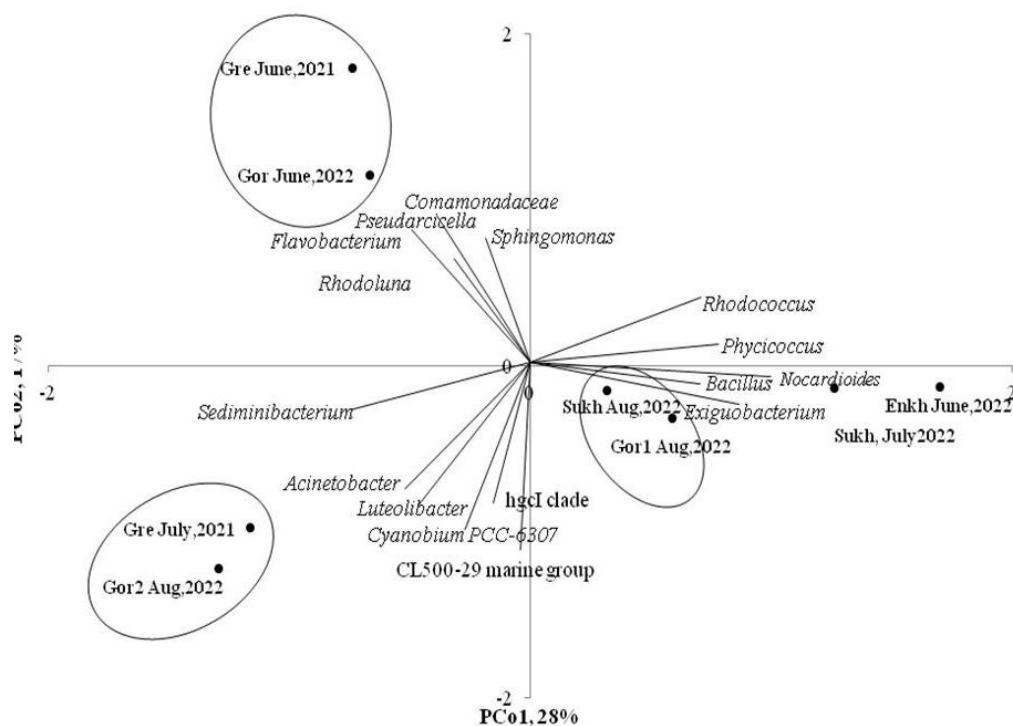


Fig.2. Principal coordinate analysis (PCoA) with samples clustered along the first two principal coordinates.

4. Significant similarity in the taxonomic composition of microbial communities in the shallow coastal areas of Lake Baikal was revealed during summer months of 2021-2022.

Acknowledgements

The work was carried out within the framework of state assignments of the Institute of General and Experimental Biology of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences №121030100229-1.

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.

References

- Belykh O.I., Tikhonova I.V., Kuzmin A.V. et al. 2020. Toxin-producing cyanobacteria in Lake Baikal and water bodies of the Baikal region (review). *Theoretical problems of ecology* 1: 21-27. DOI: [10.25750/1995-4301-2020-1-021-027](https://doi.org/10.25750/1995-4301-2020-1-021-027) (in Russian)
- Borisova N.G., Anenkhonov O.A., Zaitseva S.V. et al. 2022. Conceptual schemes of the influence of changes in the level of Lake Baikal on the biota of coastal ecosystems. *Geography and natural resources* 5: 133-142. DOI: [10.15372/GIPR20220514](https://doi.org/10.15372/GIPR20220514) (in Russian)

- Bychkov I.V., Nikitin V.M. 2022. Modern problems of regulating the level of Lake Baikal. *Geography and natural resources* 5: 13-24. DOI: [10.15372/GIPR20220502](https://doi.org/10.15372/GIPR20220502) (in Russian)

Decree of the Government of the Russian Federation of March 26, 2001 No. 234. 2001. "On the maximum values of the water level in Lake Baikal when carrying out economic and other activities". Collection of legislation of the Russian Federation. 2001 14: 1366. (in Russian)

- Evtimova V.V., Donohue I. 2014. Quantifying ecological responses to amplified water level fluctuations in standing waters: an experimental approach. *Journal of Applied Ecology* 51: 1282-1291. DOI: [10.1111/-2664.12297](https://doi.org/10.1111/-2664.12297)

- Plyusnin A.M., Peryazeva E.M. 2022. The impact of rising Baikal levels on engineering structures of coastal settlements. *Geography and natural resources* 5: 74-82. DOI: [10.15372/GIPR20220508](https://doi.org/10.15372/GIPR20220508) (in Russian)

- Quast C., Pruesse E., Yilmaz P. et al. 2013. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. *Nucleic Acids Research* 41: D590-D596.

- Ren Z., Qu X., Zhang M. et al. 2019. Distinct bacterial communities in wet and dry seasons during a seasonal water level fluctuation in the largest freshwater lake (Poyang Lake) in China. *Frontiers Microbiology* 10: 1167. DOI: [10.3389/fmicb.2019.01167](https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01167)

- Zaitseva S.V., Dagurova O.P., Tsyrenova D.D. 2023. Diversity of microbial communities in shallow water and coastal ecosystems of Lake Baikal in the summer period of 2021-2022. *Nature of Inner Asia* 4 (26):12-22. DOI: [10.18101/2542-0623-2023-4-12-22](https://doi.org/10.18101/2542-0623-2023-4-12-22)

Микробные сообщества воды и донных отложений в мелководных прибрежных экосистемах озера Байкал летом 2021-2022 гг

Краткое сообщение

LIMNOLOGY
FRESHWATER
BIOLOGY

Зайцева С.В.*, Дагурова О.П.

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

АННОТАЦИЯ. Структура микробных сообществ мелководных прибрежных участков тесно взаимосвязана с экологическими условиями и быстро меняется в ответ на изменения уровня воды. Исследована таксономическая структура микробных сообществ воды и осадков прибрежных мелководных участков оз. Байкал в период повышенной водности. В воде 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 2021/22 г.; в июле 2022 г. на участках Энхалук и Сухая; в августе 2022 г. на участках Горячинск и Сухая. В микробных сообществах осадков доминировали *Gamma*proteobacteria, *Bacteroidota*, *Alphaproteobacteria*, *Actinobacteriota* и *Verrucomicrobiota*.

Ключевые слова: микробная экология, озеро Байкал, колебания уровня воды

Для цитирования: Зайцева С.В., Дагурова О.П. Микробные сообщества воды и донных отложений в мелководных прибрежных экосистемах озера Байкал летом 2021-2022 гг // Limnology and Freshwater Biology. 2024. - № 4. - С. 1137-1142. DOI: 10.31951/2658-3518-2024-A-4-1137

1. Введение

Влияние колебаний уровня воды на микробное сообщество является одним из малоизученных аспектов экологии пресных вод. Изменения окружающей среды, связанные с гидрологическими колебаниями, могут оказывать сильное влияние на состав и функционирование микробных сообществ воды и донных отложений и, следовательно, изменять биогеохимические циклы и потоки энергии в экосистеме (Ren et al., 2019). Прибрежные зоны особенно страдают от повышенных колебаний уровня воды, и экологические последствия изменений уровня, вероятно, будут наибольшими именно в мелководных прибрежных зонах (Evtimova and Donohue, 2014). В озере Байкал выявлены возможные негативные изменения в структуре микробного сообщества, связанные с колебаниями уровня воды (Борисова и др., 2022; Зайцева и др., 2023). Целью работы было определение таксономического разнообразия микробных сообществ мелководных участков оз. Байкал в многоводный период.

2. Материал и методы

Исследования проводились в июне, июле и августе 2021-2022 гг. Пробы были отобраны на четырех участках восточного побережья со специфическими гидролого-климатическими особенностями. Участок первой пробы Гремячинск представляет собой часть побережья, расположенную за пределами заливов средней котловины оз. Байкал, с условиями, характерными для протяженной части восточного побережья оз. Второй участок Горячинск можно считать типичной бухтой на восточном побережье. Участки Энхалук и Сухая типичны для дельтовых прибрежных террас. Пробы воды в трех экземплярах (1000 мл) были отобраны из каждого места отбора проб на расстоянии 1 м от воды и затем профильтрованы через мембранные фильтры (диаметр пор 0,22 мкм) до тех пор, пока они не засорятся. Выделение ДНК, создание библиотек ДНК и секвенирование на платформе MiSeq (Illumina, США) проводились на оборудовании ЦКП «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» федерального государственного бюджетного учрежде-

*Автор для переписки.

Адрес e-mail: svet_zait@mail.ru (С.В. Зайцева)

Поступила: 27 мая 2024; Принята: 10 июня 2024;

Опубликована online: 30 августа 2024

© Автор(ы) 2024. Эта работа распространяется под международной лицензией Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0.



ния «Всероссийский НИИ сельскохозяйственной метеорологии». Для анализа данных секвенирования использовались конвейер QIIME (версия 1.9.1) и программы SILVA (Quast et al., 2013). Анализ главных координат (PCoA) проводился в MatLab11 с образцами, кластеризованными по первым двум главным координатам.

3. Результаты и обсуждение

За последние пять лет уровень воды в озере Байкал характеризовался значительными перепадами (Бычков и Никитин, 2022). В 2021 г. начался многоводный период, среднегодовой приток имел запас 3–4%, а в третьей декаде сентября уровень озера достиг 457,23 м (Бычков и Никитин, 2022). При этом негативные последствия отмечены как на восточном побережье озера Байкал, так и в нижнем течении Иркутской ГЭС (Плюснин и Перязева, 2022). В 2022 году диапазон регулирования согласно Постановлению № 234 (2001 г.) соблюдался (456–457 м).

Таксономическое разнообразие микробных сообществ в воде и донных отложениях прибрежных мелководий существенно различалось в летние месяцы (Рис. 1). На уровне филумов в воде доминировали *Proteobacteria*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Firmicutes*, *Cyanobacteria*, *Verrucomicrobiota* и *Deinococcota*, составляя от 98,55 до 99,46% общего микробного разнообразия. Наиболее многочисленными в июне 2021 г. были *Comamonadaceae*. Помимо них в микробных сообществах доминировали гамма-протеобактерии родов *Acinetobacter* (4-38%), *Pseudomonas* (до 17,5%), *Polynucleobacter* (до 1,9%). В июле 2021 г. в воде отмечено значительное количество неклассифицированных *Enterobacteriaceae* (до 3,75%), что свидетельствует об интенсивном антропогенном воздействии на прибрежную экосистему. *Sphingomonas* присутствовали практически во всех пробах и в июне 2021 г. составляли до 9% микробного разнообразия. *Brevundimonas* составлял 10,9% микробного сообщества на участке Сухая в июле 2022 г. и 4,7% на участке Горячинск в конце августа в 2022. В 2022 году *Actinobacteriota* в основном была представлена неклассифицированными *Micrococcaceae* (2-22%) и кладой *hgcI* (0,5-5,5%). Среди *Bacteroidota* доминантными родами были: *Flavobacterium*, *Pseudarcicella*, *Sediminibacterium* и *Algoriphagus*, но их относительная численность значительно варьировала. Летом 2022 года относительная численность цианобактерий колебалась от 1,8 в июне до 6,9% в августе, достигая максимального разнообразия и численности в пробе воды Горячинска. Отмечены токсичные цианобактерии *Aphanizomenon* NIES81 и *Dolichospermum* NIES41, способные образовывать обильное цианобактериальное цветение. Ранее сообщалось о цветении *Dolichospermum* NIES41 на литорали южной части оз. Байкал в июле-августе 2019 г. (Белых и др., 2020).

Индекс Шеннона колебался от 3,63 до 3,86 летом 2021 г. и от 3,12 до 4,1 в пробах воды летом 2022 г. В пробах донных отложений выяв-

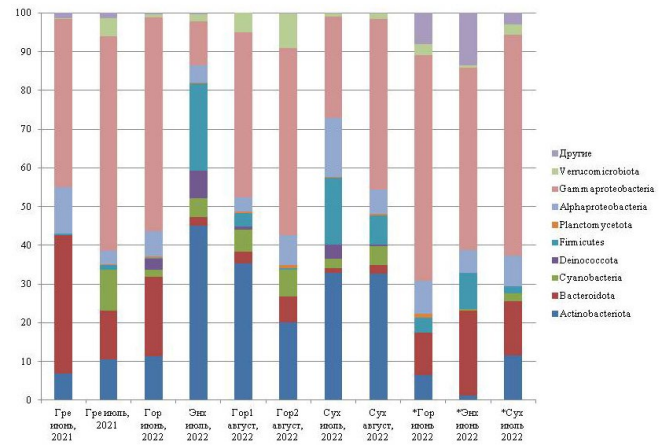


Рис.1. Таксономическое разнообразие (%) микробных сообществ воды и донных отложений (*) прибрежных участков. Места отбора проб: Гре – Гремячинск, Гор – Горячинск, Энх – Энхалук, Сух – Сухая.

лено высокое микробное разнообразие. Индекс Шеннона варьировал в пределах 3,89-4,18. Для оценки бета-разнообразия микробных сообществ на уровне рода был проведен анализ главных координат (PCoA), группирующий образцы по первым двум главным координатам. В анализ были включены данные 43 родов бактерий, которые составляли >1% от общего микробного разнообразия хотя бы в одном образце (Рис. 2).

По результатам анализа можно сделать вывод, что таксономически сходные микробные сообщества формировались на прибрежных мелководьях в отдельные летние месяцы: июнь 2021 г./июль 2022 г.; 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» образовали отдельный кластер на графике главных координат (Рис. 1). Аналогичный состав микробных сообществ был обнаружен в июньских пробах прибрежных вод в 2021 и 2022 годах. В 2022 г. в пробах «Гор1» и «Гор2» выявлена высокая численность потенциально токсичных цианобактерий *Aphanizomenon* NIES81 и доминирование *Stenotropomonas*, некоторые представители которых способны разлагать микроцистины цианобактерий. В маловодный период 2014-2017 гг. отмечено увеличение биомассы фитопланктона на мелководных прибрежных участках (Борисова и др., 2022). Распределение и численность цианобактерий в микробных сообществах прибрежных вод оз. Байкал могут служить индикатором неблагоприятных изменений при изменении уровня.

4. Заключение

1. Выявлены особенности таксономического состава бактериальных сообществ мелководных прибрежных участков оз. Байкал в многоводный период.

2. Важным фактором структурных изменений водных микробных сообществ в многоводный период были *Comamonadaceae*, занимавшие до 27% общего микробного разнообразия.

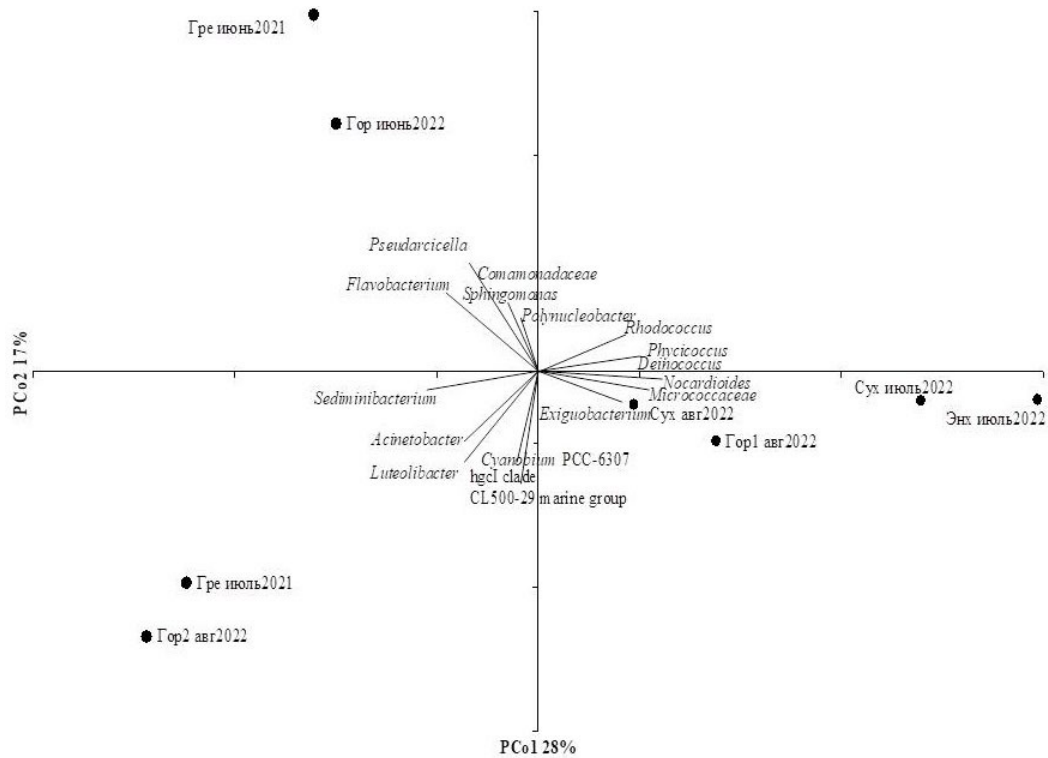


Рис.2. Анализ главных координат (PCoA) с кластеризацией образцов относительно первых двух главных координат. Места отбора проб: Гре – Гремьячинск, Гор – Горячинск, Энх – Энхалук, Сух – Сухая.

3. Летом 2022 года относительная численность цианобактерий колебалась от 1,8 до 6,9%, достигая максимального разнообразия и численности в пробе воды «Гор 1», где были идентифицированы токсичные цианобактерии *Aphanizomenon* NIES81 и *Dolichospermum* NIES41.

4. Значительное сходство таксономического состава микробных сообществ мелководных прибрежных участков оз. Байкал выявлено в летние месяцы 2021-2022 гг.

Благодарности

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

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Список литературы

Белых О.И., Тихонова И.В., Кузьмин А.В. и др. 2020. Токсин-продуцирующие цианобактерии в озере Байкал и водоемах Байкальского региона (обзор). Теоретические проблемы экологии 1: 21–27. DOI: [10.25750/1995-4301-2020-1-021-027](https://doi.org/10.25750/1995-4301-2020-1-021-027)

Борисова Н.Г., Аненхонов О.А., Зайцева С.В. и др. 2022. Концептуальные схемы влияния изменений уровня

озера Байкал на биоту прибрежных экосистем. География и природные ресурсы 5: 133–142. DOI: [10.15372/GIPR20220514](https://doi.org/10.15372/GIPR20220514)

Бычков И.В., Никитин В.М. 2022. Современные проблемы регулирования уровня озера Байкал. География и природные ресурсы 5:13–24. DOI: [10.15372/GIPR20220502](https://doi.org/10.15372/GIPR20220502)

Зайцева С.В., Дагурова О.П., Цыренова Д.Д. 2023. Разнообразие микробных сообществ мелководных и прибрежных экосистем озера Байкал в летний период 2021–2022 гг. Природа Внутренней Азии 4 (26): 12–22. DOI: [10.18101/2542-0623-2023-4-12-22](https://doi.org/10.18101/2542-0623-2023-4-12-22)

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

Плюснин А.М., Перязева Е.М. 2022. Воздействие подъема уровня Байкала на инженерные сооружения прибрежных поселений. География и природные ресурсы 5: 74–82. DOI: [10.15372/GIPR20220508](https://doi.org/10.15372/GIPR20220508)

Evtimova V.V., Donohue I. 2014. Quantifying ecological responses to amplified water level fluctuations in standing waters: an experimental approach. Journal of Applied Ecology 51: 1282–1291. DOI: [10.1111/-2664.12297](https://doi.org/10.1111/-2664.12297)

Quast C., Pruesse E., Yilmaz P. et al. 2013. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. Nucleic Acids Research 41: D590–D596.

Ren Z., Qu X., Zhang M. et al. 2019. Distinct bacterial communities in wet and dry seasons during a seasonal water level fluctuation in the largest freshwater lake (Poyang Lake) in China. Frontiers Microbiology 10: 1167. DOI: [10.3389/fmicb.2019.01167](https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01167)