

# Features of microbial communities in fresh lakes of Buryatia



Dagurova O.P.<sup>1</sup>, Zaitseva S.V.<sup>1</sup>, Tsydenova B.V.<sup>2</sup>, Kozyreva L.P.<sup>1</sup>, Buryukhaev S.P.<sup>1</sup>, Dambaev V.B.<sup>1</sup>, Barkhutova D.D.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institute of General and Experimental Biology, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Sakhyanovoi st., 6, Ulan-Ude, 670047, Russia

<sup>2</sup>N.L. Dobretsov Geological Institute of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Sakhyanovoi st., 6a, Ulan-Ude, 670047, Russia

**ABSTRACT.** The taxonomic composition of microbial communities of eight large fresh lakes of Buryatia was studied. These lakes are Baikal, Kotokel, Gusinoye, Shchuchye and lakes of the Eravno-Kharginskaya group (Isinga, Gunda, Sosnovoe, Bolshoe Eravnoe). They have water management, fishery and recreational significance. At the phylum level, the microbial communities of the studied lakes were similar but the phyla abundance was varied. They consisted of typical freshwater taxa *Pseudomonadota*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Cyanobacteriota*, *Firmicutes*, *Planctomycetes* and *Verrucomicrobia*. At the genus level, *Acinetobacter* and *Pseudomonas* were numerous in all lakes. Other dominant taxa were *Flavobacterium*, *hgcI* clade in the fresh lakes of the Baikal region and *Exiguobacterium*, *Klebsiella* in the Eravno-Kharginskaya lakes. The feature of Eravno-Kharginskaya lakes was the abundance of the genera *Exiguobacterium* and *Klebsiella*, as well as the detection of sanitary-significant bacteria. These facts may indicate pollution as a result of pressing various factors, including anthropogenic ones.

**Keywords:** microbial community, taxonomic composition, fresh lakes, Buryatia

**For citation:** Dagurova O.P., Zaitseva S.V., Tsydenova B.V., Kozyreva L.P., Buryukhaev S.P., Dambaev V.B., Barkhutova D.D. Features of microbial communities in fresh lakes of Buryatia // Limnology and Freshwater Biology. 2024. - № 4. - P. 870-876. DOI: 10.31951/2658-3518-2024-A-4-870

## 1. Introduction

The studies of fresh water bodies used for various water supply purposes, as well as an irreplaceable source of drinking water, are important. Microbial communities are great component of the fresh lakes ecosystems. They participate in the processes of self-purification, play an important role in biogeochemical cycles, and can serve as an indicator of changes in the ecosystem as a result of the influence of natural and anthropogenic factors. Qualitative and quantitative assessment of microbial communities in fresh lakes is important for determining the trophic status of water bodies and the characteristics of its functioning, and maintaining water quality.

On the territory of Buryatia Republic, in addition to the unique Lake Baikal, which is a huge reservoir of clean water, there are fresh lakes that have water-economic and recreational importance and are subject to anthropogenic pressure (Borisenko et al., 1994; Lake

Kotokelskoye..., 2013). In the east of the republic, there is a large Eravno-Kharginskaya lake system. The lakes of this system are one of the most fish-producing lakes in Buryatia. The largest (after Baikal) lake Gusinoye is a cooling reservoir for the Gusinozerskaya State District Power Plant. Lake Kotokel experienced an environmental disaster. The coastal zone of Lake Baikal and Lake Shchuchye is under recreational pressure. The goal of the work was to determine the characteristics of the taxonomic composition of the water microbial community of large fresh lakes in Buryatia.

## 2. Materials and methods

The objects of study were eight large fresh lakes of Buryatia - Baikal (coastal recreational zone), Kotokel (Pribaikalsky district), Gusinoye, Shchuchye (Selenginsky district) and lakes of the Eravno-Kharginsky group - Isinga, Gunda, Sosnovoe, Bolshoye Eravnoye (Eravninsky district).

\*Corresponding author.

E-mail address: [dagur-ol@mail.ru](mailto:dagur-ol@mail.ru) (O.P. Dagurova)

**Received:** June 04, 2024; **Accepted:** June 20, 2024;

**Available online:** August 30, 2024

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



Samples for research were taken in August 2019 at 3-4 different points of the each lakes from the sub-surface horizon into sterile containers. The taxonomic composition of the studied lakes was determined by high-throughput sequencing of the 16S rRNA gene region in three technical replicates used Illumina MiSeq (Illumina, USA). DNA was isolated by DNA NucleoSpin Soil reagent kit (MACHEREY-NAGEL, Germany). Sequencing was carried out at the Center for Collective Use “Genome Technologies, Proteomics and Cell Biology” of the All-Russian Research Institute of Agricultural Microbiology. Data obtained from sequencing samples were processed using Trimmomatic and QIIME software packages (Caporaso et al., 2010). Taxonomic identification of OTUs was performed using the RDP database.

### 3. Results and discussion

Lake microbial communities were similar at the phylum level. The phyla *Pseudomonadota*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota* and *Cyanobacteriota* were dominants in microbial community of all studied lakes (Table 1). The phyla *Firmicutes*, *Planctomycetes* and *Verrucomicrobiota* were subdominants. These phyla wide distributed of freshwater lake communities (Newton et al., 2011). In the freshwater lakes of the Baikal region Kotokel, Gusinoe, Shchuchye and in the beach area of Lake Baikal, a greater distribution of the phyla *Bacteroidota*, *Cyanobacteriota*, *Verrucomicrobiota* was observed. In the Eravno-Kharginskies lakes, the proportion of the phylum *Planctomycetota* and especially the phylum *Firmicutes* increased (up to 34%).

Table 2 presents the most abundant bacterial genera in the microbial communities of the studied lakes (more than 1%). Similarities and differences were found in the distribution of bacterial genera. The most abundant in all lakes were genera *Acinetobacter* (up to 25%) and *Pseudomonas* (up to 20%). They are able to dominate in natural ecosystems under favorable conditions, suppressing the growth of other genera (Cray et al., 2013). The dominance of these genera in communities in Lake Kotokel and the Eravno-Kharginskies lakes

(Isinga, Bolshoe Eravnoe, Gunda, Sosnovoe) may indicate a possible change in the community structure due to natural and anthropogenic impacts on the ecosystem. Other dominant taxa at the genus level in the microbial communities of Lake Baikal and Lakes of the Baikal region, on the one hand, and in the Eravno-Khargina lakes, on the other hand, differed greatly. In Lake Baikal and the lakes of the Baikal region, *Flavobacterium* (up to 17%) and *hgcl* clade (up to 18%), widespread in freshwater bodies, were represented. *Sediminibacterium* (up to 7%) and cyanobacteria *Azolla filiculoides* (up to 5%) were also a permanent component of the communities.

In the Eravno-Kharginskies lakes, as well as in the lakes of the Baikal region, representatives of the genera *Acinetobacter* and *Pseudomonas* also dominated. A significant proportion in the community were *Exiguobacterium* (up to 12%), *Microbacterium* (up to 6%), *Massilia* (up to 8%). An increase in the share of the genus *Exiguobacterium* in the microbial community of recreational contaminated waters of fresh lakes was observed (Lee et al., 2016). Bacteria of the genera *Brevundimonas*, *Cyanobium*, *Sphingomonas*, *Flavobacterium* Constant component of the community were, which are typical inhabitants of freshwater ecosystems. Representatives of the genus *Microbacterium* and *Massilia* were previously found in the microbial community of Lake Baikal water (Bashenkhaeva et al., 2017). In Lake Isinga (average 3%) and Lake Gunda (average 13%) the genus *Klebsiella* (family *Enterobacteriaceae*) was found. In these lakes, where a high share of *Klebsiella* was found, the coliform bacteria were detected (Dagurova et al., 2021). *Staphylococcus* (1.13%) and *Streptococcus* (1.67%) were found in Lake Isinga. This may be due to cattle grazing. Previously, the presence of *Staphylococcus* was detected on freshwater beaches (Thapaliya et al., 2017). Increased *Exiguobacterium* and detected *Klebsiella* indicated the pollution of anthropogenic origin. Previously, the values of bacterial eutrophic index (BEI) based on the composition of microbial communities, detected risk of eutrophication of the lakes of Buryatia (Zaitseva et al., 2021).

**Table 1.** The main bacterial phyla in water microbial communities of fresh lake of Buryatia

Bacterial phyla	Baikal and the fresh lakes of the Baikal region	Eravno-Kharginskies lakes	Average
Dominants			
<i>Pseudomonadota</i>	26-66	48-75	49.4 ± 2.88
<i>Actinobacteriota</i>	7-28	4-35.6	16.1 ± 13.73
<i>Bacteroidota</i>	12-54	0.3-8.7	15.5 ± 4.56
<i>Cyanobacteriota</i>	0.6-30	0.9-6.5	7.4 ± 3.82
Subdominants			
<i>Firmicutes</i>	0.01-2	1.2-34.6	4.1 ± 2.31
<i>Planctomycetes</i>	0.2-4	0-10.5	2.8 ± 2.82
<i>Verrucomicrobiota</i>	2-12	0.05-1.9	2.6 ± 4.72
<i>Deinococcus-Thermus</i>	0-0.4	0-9.3	1.0 ± 2.01
Others	0.4-1.6	0-2.7	0.6 ± 0.74

**Table 2.** The main bacterial genera in water microbial communities of fresh lake of Buryatia

Bacterial genera	Baikal	Kotokel	Gusinoe	Shchuchye	B. Eravnoe	Gunda	Isinga	Sosnovoe
<i>Acinetobacter</i>	4.07	<b>14.31</b>	-	2.44	<b>24.99</b>	<b>22.13</b>	14.5	<b>25.17</b>
<i>Pseudomonas</i>	<b>20.10</b>	7.22	-	3.72	5.40	2.78	<b>16.7</b>	8.49
<i>Cyanobium_PCC-6307</i>	2.73	-	-	4.51	3.57	1.43	0.56	1.27
<i>Flavobacterium</i>	7.80	13.13	<b>17.48</b>	16.22	-	-	-	1.97
<i>hgcI clade</i>	9.90	10.06	15.85	<b>18.23</b>	-	-	-	-
<i>Sediminibacterium</i>	1.03	6.69	2.25	7.40	-	-	-	-
<i>Azolla filiculoides</i>	5.23	4.42	3.70	3.95	-	-	-	-
<i>Rhodoferrax</i>	4.26	0.94	4.63	1.47	-	-	-	-
<i>Luteolibacter</i>	4.80	1.75	-	-	-	-	-	-
<i>Exiguobacterium</i>	-	-	-	-	12.10	2.74	11.5	4.27
<i>Klebsiella</i>	-	-	-	-	-	13.10	2.90	-
<i>Massilia</i>	-	-	-	-	8.60	2.60	-	8.00
<i>Microbacterium</i>	-	-	-	-	5.10	3.23	6.37	-
<i>Brevundimonas</i>	-	-	-	-	2.87	2.31	2.62	5.87
<i>Sphingomonas</i>	-	-	-	-	-	1.77	4.13	-

Note: dash – less than 1%, bold – maximum for lake

#### 4. Conclusions

The microbial communities of the studied lakes at the phylum level were similar and consisted of taxa typical of freshwater ecosystems: *Pseudomonadota*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Cyanobacteriota*, *Firmicutes*, *Planctomycetes* and *Verrucomicrobia*, differing in their abundances in the community. At the genus level, *Acinetobacter* and *Pseudomonas* were numerous in all lakes. Other dominant taxa were *Flavobacterium*, *hgcI* clade in the fresh lakes of the Baikal region and *Exiguobacterium*, *Klebsiella* in the Eravno-Kharginskaya lakes. The feature of Eravno-Kharginskies lakes was the abundance of the genera *Exiguobacterium* and *Klebsiella*, as well as the detection of sanitary-significant bacteria. These facts may indicate pollution as a result of pressing various factors, including anthropogenic ones.

#### Acknowledgements

The work was carried out within the framework of the topic of State Assignment No. 121030100229-1.

#### Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.

#### References

Bashenkhaeva M.V., Zakharova Y.R., Galachyants Y.P. et al. 2017. Bacterial communities during the period of massive under-ice dinoflagellate development in Lake Baikal. *Microbiology (Mikrobiologiya)*. 86: 524-532. DOI: [10.7868/S0026365617040036](https://doi.org/10.7868/S0026365617040036) (in Russian)

Borisenko I.M., Pronin N.M., Shaibonov B.B. 1994. Gusinoe Lake ecology. Ulan-Ude: Buryat Scientific Centre SB RAS. (in Russian)

Caporaso J.G., Kuczynski J., Stombaugh J. et al. 2010. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature methods* 7: 335–336. DOI: [10.1038/nmeth.f.303](https://doi.org/10.1038/nmeth.f.303)

Cray J.A., Bell A.N., Bhaganna P. et al. 2013. The biology of habitat dominance; can microbes behave as weeds? *Microbial Biotechnology* 5: 453-92. DOI: [10.1111/1751-7915.12027](https://doi.org/10.1111/1751-7915.12027)

Dagurova O.P., Tsydenova B.V., Buruykhaev S.P. et al. 2021. Microbiological indicators of fresh lakes of Eravno-Kharginskaya lake system. *Bulletin of Buryat state university. Biology, geography* 1: 99-103. DOI: [10.18101/2587-7148-2021-1-99-103](https://doi.org/10.18101/2587-7148-2021-1-99-103) (in Russian)

Lake Kotokelskoye: natural conditions, biota, ecology. 2013. In: Pronin N.M., Ubugunov L.L. (Eds.) Ulan-Ude: Publishing house BSC SB RAS. (in Russian)

Lee C.S., Kim M., Lee C. et al. 2016. The microbiota of recreational freshwaters and the implications for environmental and public health. *Frontiers in Microbiology* 7: 1826. DOI: [10.3389/fmicb.2016.01826](https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01826)

Newton R.J., Jones S.E., Eiler A. et al. 2011. A guide to the natural history of freshwater lake bacteria. *Microbiology and Molecular Biology Reviews* 75: 14–49. DOI: [10.1128/MMBR.00028-1](https://doi.org/10.1128/MMBR.00028-1)

Thapaliya D., Hellwig E.J., Kadariya J. et al. 2017. Prevalence and characterization of *Staphylococcus aureus* and methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* on public recreational beaches in Northeast Ohio. *Geohealth* 1: 320-332. DOI: [10.1002/2017GH000106](https://doi.org/10.1002/2017GH000106)

Zaitseva S.V., Dagurova O.P., Kozyreva L.P. 2021. Microbiological indicators for assessing the ecological status of freshwater lakes in Buryatia. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* 885: 012067. DOI: [10.1088/1755-1315/885/1/012067](https://doi.org/10.1088/1755-1315/885/1/012067)

# Особенности микробных сообществ пресных озер Бурятии

Краткое сообщение

LIMNOLOGY  
FRESHWATER  
BIOLOGYДагурова О.П.<sup>1</sup>, Зайцева С.В.<sup>1</sup>, Цыденова Б.В.<sup>2</sup>, Козырева Л.П.<sup>1</sup>,  
Бурюхаев С.П.<sup>1</sup>, Дамбаев В.Б.<sup>1</sup>, Бархутова Д.Д.<sup>1</sup><sup>1</sup> Институт общей и экспериментальной биологии Сибирского отделения Российской Академии Наук, ул. Сахьяновой, 6, Улан-Удэ, 670047, Россия<sup>2</sup> Геологический институт им. Н.Л. Добрецова Сибирского отделения Российской Академии Наук, ул. Сахьяновой, 6а, Улан-Удэ, 670047, Россия

**АННОТАЦИЯ.** Был изучен таксономический состав микробных сообществ восьми крупных пресных озер Бурятии, имеющих водохозяйственное, рыбохозяйственное и рекреационное значение: Байкал, Котокель, Гусиное, Щучье и озер Еравно-Харгинской группы - Исинга, Гунда, Сосновое, Большое Еравное. Микробные сообщества изученных озер на уровне филумов были схожи и состояли из таксонов, типичных для пресноводных экосистем: *Pseudomonadota*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Cyanobacteriota*, *Firmicutes*, *Planctomycetes* и *Verrucomicrobia*, различаясь по содержанию филумов в сообществе. На уровне родов во всех озерах наиболее часто встречались представители двух таксонов – *Acinetobacter* и *Pseudomonas*. Среди других доминирующих таксонов на уровне рода в пресных озерах Прибайкалья доминировали *Flavobacterium* и клада *hgcI*, в Еравно-Харгинских озерах – *Exiguobacterium* и *Klebsiella*. В Еравно-Харгинских озерах наблюдалось увеличение доли родов *Exiguobacterium* и *Klebsiella*, обнаружение санитарно-значимых бактерий, что может свидетельствовать о загрязнении озер в результате различных факторов, в том числе антропогенных.

**Ключевые слова:** микробное сообщество, таксономический состав, пресные озера, Республика Бурятия

Для цитирования: Дагурова О.П., Зайцева С.В., Цыденова Б.В., Козырева Л.П., Бурюхаев С.П., Дамбаев В.Б., Бархутова Д.Д. Особенности микробных сообществ пресных озер Бурятии // Limnology and Freshwater Biology. 2024. - № 4. - С. 870-876. DOI: 10.31951/2658-3518-2024-A-4-870

## 1. Введение

Изучение пресных водоемов, используемых для различных целей водоснабжения, а также как незаменимый источник питьевой воды, имеет огромное значение. Микробные сообщества являются важным компонентом экосистемы пресных озер, они участвуют в процессах самоочищения водоема, играют важную роль в биогеохимических циклах, могут служить индикатором изменений экосистемы в результате воздействия природных и антропогенных факторов. Качественная и количественная оценка микробных сообществ пресных озер важна для определения трофического статуса водоемов и особенностей его функционирования, сохранения качества воды.

На территории Республики Бурятии, помимо уникального озера Байкал, являющимся огромным резервуаром чистой воды, расположены

пресные озера, имеющие водохозяйственное и рекреационное значение и испытывающие антропогенную нагрузку (Борисенко и др., 1994; Озеро Котокельское..., 2013). На востоке республики находится крупная Еравно-Харгинская озерная система. Еравнинские озера одни из самых рыбопродуктивных в Бурятии. Крупнейшее (после Байкала) озеро Гусиное является водоемом-охладителем Гусиноозерской ГРЭС. Озеро Котокель пережило экологическую катастрофу. Прибрежная зона озера Байкал и озера Щучье испытывают рекреационную нагрузку. Целью работы было определение особенностей таксономического состава микробного сообщества воды крупных пресных озер Бурятии.

## 2. Материалы и методы

Объектами исследования выбраны восемь крупных пресных озер Бурятии – Байкал (прибреж-

\*Автор для переписки.

Адрес e-mail: [dagur-ol@mail.ru](mailto:dagur-ol@mail.ru) (О.П. Дагурова)

Поступила: 04 июня 2024; Принята: 20 июня 2024;

Опубликована online: 30 августа 2024

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



но-рекреационная зона), Котокель (Прибайкальский район), Гусиное, Щучье (Селенгинский район) и озера Еравно-Харгинской группы - Исинга, Гунда, Сосновое, Большое Еравное (Еравнинский район).

Пробы для исследований отбирали в августе 2019 г. в 3-4 различных точках с подповерхностного горизонта в стерильную посуду. Таксономический состав исследуемых озер определяли методом высокопроизводительного секвенирования участка гена 16S рРНК в трех технических повторностях. Для выделения ДНК из образцов воды был использован набор реактивов NucleoSpin Soil (MACHERY-NAGEL, Германия). Секвенирование проводили в ЦКП «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» ФГБНУ ВНИИСХМ на приборе Illumina MiSeq (Illumina, США). Данные, полученные в результате секвенирования образцов, обрабатывались с использованием пакетов ПО «Trimmomatic» и «QIIME» (Caporaso et al., 2010). Таксономическая идентификация ОТЕ проводилась с помощью базы данных RDP.

### 3. Результаты и обсуждение

Микробные сообщества озер на уровне филумов были схожи. В микробном сообществе всех изученных озер доминировали представители *Pseudomonadota*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota* и *Cyanobacteriota* (Таблица 1). Филумы *Firmicutes*, *Planctomycetes* и *Verrucomicrobia* являлись субдоминантами. Широкое распространение этих филумов характерно для сообществ пресноводных озер (Newton et al., 2011). В пресных озерах Прибайкалья Котокель, Гусиное, Щучье и в прибрежной пляжной зоне озера Байкал наблюдалось большее распространение филумов *Bacteroidota*, *Cyanobacteriota*, *Verrucomicrobiota*. В Еравно-Харгинских озерах возростала доля филумов *Planctomycetota* и особенно филума *Firmicutes* (до 34%). В отдельных точках отбора озер Гунда, Сосновое, Большое Еравное выявлен филум *Deinococcus-Thermus* в количестве 0,25-9,3%.

В таблице 2 представлены наиболее распространенные рода бактерий в микробных сообществах изученных озер (более 1%). В распределении родов бактерий были обнаружены сходства и различия. Наиболее часто встречались во всех озерах представители двух родов – *Acinetobacter* (до 25%) и *Pseudomonas* (до 20%). При благоприятных условиях они способны доминировать в природных экосистемах, подавляя развитие других родов (Cray et al., 2013). Доминирование этих родов в сообществах в озере Котокель и Еравно-Харгинских озерах (Исинга, Большое Еравное, Гунда, Сосновое) может свидетельствовать о возможном изменении структуры сообщества при природных и антропогенных воздействиях на экосистему. Другие доминирующие таксоны на уровне рода в микробных сообществах озера Байкал и озерах Прибайкалья, с одной стороны, и в Еравно-Харгинских озерах, с другой стороны, сильно различались. В озере Байкал и в озерах Прибайкалья были широко представлены *Flavobacterium* (до 17%) и клады *hgcl* (до 18%), широко распространенные в пресноводных водоемах. Также постоянным компонентом сообщества были *Sediminibacterium* (до 7%) и цианобактерии *Azolla filiculoides* (до 5%). В Еравно-Харгинских озерах также, как и в озерах Прибайкалья, также доминировали представители родов *Acinetobacter* и *Pseudomonas*. Значимую долю в сообществе составляли *Exiguobacterium* (до 12%), *Microbacterium* (до 6%), *Massilia* (до 8%). Увеличение доли рода *Exiguobacterium* наблюдалось в микробном сообществе рекреационных загрязненных вод пресных озер США (Lee et al., 2016). Также постоянным компонентом сообщества были бактерии родов *Brevundimonas*, *Cyanobium*, *Sphingomonas*, *Flavobacterium*, относящиеся к типичным обитателям пресноводных экосистем. Представители рода *Microbacterium* и *Massilia* были ранее обнаружены в микробном сообществе воды озера Байкал (Башенхаева и др., 2017). В озерах Исинга и Гунда в значительных количествах выявлены последовательности р. *Klebsiella* семейства *Enterobacteriaceae*, составляя в среднем 13% в пробах озера Гунда и 3% в пробах из озера Исинга.

Таблица 1. Содержание основных бактериальных филумов в микробных сообществах воды пресных озер Бурятии

Филумы бактерий	Байкал и озера Прибайкалья	Еравно-Харгинские озера	Среднее значение
Доминанты			
<i>Pseudomonadota</i>	26 -66	48-75	49,4 ± 2,88
<i>Actinobacteriota</i>	7-28	4-35,6	16,1 ± 13,73
<i>Bacteroidota</i>	12-54	0,3-8,7	15,5 ± 4,56
<i>Cyanobacteriota</i>	0,6-30	0,9-6,5	7,4 ± 3,82
Субдоминанты			
<i>Firmicutes</i>	0,01-2	1,2-34,6	4,1 ± 2,31
<i>Planctomycetes</i>	0,2-4	0-10,5	2,8 ± 2,82
<i>Verrucomicrobiota</i>	2-12	0,05-1,9	2,6 ± 4,72
<i>Deinococcus-Thermus</i>	0-0,4	0-9,3	1,0 ± 2,01
Другие	0,4-1,6	0-2,7	0,6 ± 0,74

Таблица 2. Содержание основных бактериальных родов в микробных сообществах воды пресных озер Бурятии

Род	Байкал	Котокель	Гусиное	Щучье	Б. Еравное	Гунда	Исинга	Сосновое
<i>Acinetobacter</i>	4,07	<b>14,31</b>	-	2,44	<b>24,99</b>	<b>22,13</b>	14,5	<b>25,17</b>
<i>Pseudomonas</i>	<b>20,10</b>	7,22	-	3,72	5,40	2,78	<b>16,7</b>	8,49
<i>Cyanobium_PCC-6307</i>	2,73	-	-	4,51	3,57	1,43	0,56	1,27
<i>Flavobacterium</i>	7,80	13,13	<b>17,48</b>	16,22	-	-	-	1,97
<i>hgcI clade</i>	9,90	10,06	15,85	<b>18,23</b>	-	-	-	-
<i>Sediminibacterium</i>	1,03	6,69	2,25	7,40	-	-	-	-
<i>Azolla filiculoides</i>	5,23	4,42	3,70	3,95	-	-	-	-
<i>Rhodofera</i>	4,26	0,94	4,63	1,47	-	-	-	-
<i>Luteolibacter</i>	4,80	1,75	-	-	-	-	-	-
<i>Exiguobacterium</i>	-	-	-	-	12,10	2,74	11,5	4,27
<i>Klebsiella</i>	-	-	-	-	-	13,10	2,90	-
<i>Massilia</i>	-	-	-	-	8,60	2,60	-	8,00
<i>Microbacterium</i>	-	-	-	-	5,10	3,23	6,37	-
<i>Brevundimonas</i>	-	-	-	-	2,87	2,31	2,62	5,87
<i>Sphingomonas</i>	-	-	-	-	-	1,77	4,13	-

Примечание: прочерк – содержание менее 1%, жирный шрифт – максимальное значение для озера

*Klebsiella* — род условно-патогенных бактерий, являющихся показателем вероятного фекального загрязнения. В озерах Исинга и Гунда, где обнаружена высокая доля клебсиелл, также обнаружены повышенные значения общего микробного числа и выявлялись колиформные бактерии (Дагурова и др., 2021). В озере Исинга также были обнаружены *Staphylococcus* (1,13%) и *Streptococcus* (1,67%). Возможно, это связано с выпасом крупного рогатого скота, который интенсивно выпасивается на озерах Исинга и Гунда. Ранее на пресноводных пляжах наличие *Staphylococcus aureus* обнаруживалось почти в половине проб (Tharaliya et al., 2017). Увеличение доли рода *Exiguobacterium* в сообществе и обнаружение энтеробактерий рода *Klebsiella* в озерах Исинга и Гунда свидетельствуют о загрязнении озер в результате антропогенной нагрузки. Ранее по бактериальному эвтрофному индексу, рассчитываемому на основе состава микробных сообществ, установлено, что озера Бурятии подвержены риску эвтрофикации (Zaitseva et al., 2021).

#### 4. Выводы

Микробные сообщества изученных озер на уровне филумов были схожи и состояли из таксонов, типичных для пресноводных экосистем: *Pseudomonadota*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Cyanobacteriota*, *Firmicutes*, *Planctomycetes* и *Verrucomicrobia*, различаясь по содержанию филумов в сообществе. На уровне родов во всех озерах наиболее часто встречались представители двух таксонов – *Acinetobacter* и *Pseudomonas*. По другим доминирующим таксонам на уровне рода две группы озер – пресные озера Прибайкалья и Байкал и Еравно-Харгинские озера – сильно различались. В пресных озерах Прибайкалья доминировали *Flavobacterium* и клада *hgcI*, в Еравно-Харгинских озерах –

*Exiguobacterium* и *Klebsiella*. В Еравно-Харгинских озерах наблюдались особенности состава микробных сообществ, такие, как увеличение доли родов *Exiguobacterium* и *Klebsiella*, обнаружение санитарно-значимых родов бактерий, что может свидетельствовать о загрязнении озер в результате различных факторов, в том числе антропогенных.

#### Благодарности

Работа выполнена в рамках темы Госзадания № 121030100229-1.

#### Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

#### Список литературы

- Башенхаева М.В., Захарова Ю.Р., Галачянц Ю.П. и др. 2017. Сообщества бактерий в период массового подледного развития динофлагеллят в озере Байкал. Микробиология 86: 510–519. DOI: [10.7868/S0026365617040036](https://doi.org/10.7868/S0026365617040036)
- Борисенко И.М., Пронин Н.М., Шайбонов Б.Б. и др. 1994. Экология озера Гусиное. Улан-Удэ: Изд-во БНЦ СО РАН.
- Дагурова О.П., Цыденова Б.В., Бурюхаев С.П. и др. 2021. Микробиологические показатели вод пресных озер Еравно-Харгинской системы. Вестник Бурятского государственного университета. Биология, география 1: 99–103. DOI: [10.18101/2587-7148-2021-1-99-103](https://doi.org/10.18101/2587-7148-2021-1-99-103)
- Озеро Котокельское: природные условия, биота, экология. 2013. В: Пронин Н.М., Убугунов Л.Л. (Ред.). Улан-Удэ: БНЦ СО РАН.
- Caporaso J.G., Kuczynski J., Stombaugh J. et al. 2010. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. Nature methods 7: 335–336. DOI: [10.1038/nmeth.f.303](https://doi.org/10.1038/nmeth.f.303)

Cray J.A., Bell A.N., Bhaganna P. et al. 2013. The biology of habitat dominance; can microbes behave as weeds? *Microbial Biotechnology* 5: 453-92. DOI: [10.1111/1751-7915.12027](https://doi.org/10.1111/1751-7915.12027)

Lee C.S., Kim M., Lee C. et al. 2016. The microbiota of recreational freshwaters and the implications for environmental and public health. *Frontiers in Microbiology* 7: 1826. DOI: [10.3389/fmicb.2016.01826](https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01826)

Newton R.J., Jones S.E., Eiler A. et al. 2011. A guide to the natural history of freshwater lake bacteria. *Microbiology and Molecular Biology Reviews* 75: 14-49. DOI: [10.1128/MMBR.00028-1](https://doi.org/10.1128/MMBR.00028-1)

Thapaliya D., Hellwig E.J., Kadariya J. et al. 2017. Prevalence and characterization of *Staphylococcus aureus* and methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* on public recreational beaches in Northeast Ohio. *Geohealth* 1: 320-332. DOI: [10.1002/2017GH000106](https://doi.org/10.1002/2017GH000106)

Zaitseva S.V., Dagurova O.P., Kozyreva L.P. 2021. Microbiological indicators for assessing the ecological status of freshwater lakes in Buryatia. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* 885: 012067. DOI: [10.1088/1755-1315/885/1/012067](https://doi.org/10.1088/1755-1315/885/1/012067)