

Biological diversity and structure of sub-ice algal-bacterial communities in the Maloye More Strait (Lake Baikal)



Bashenkhaeva M.V.* , Zakharova Yu.R., Petrova D.P., Khanaev I.V., Likhoshway Ye.V.

Limnological Institute of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, st. Ulaanbaatarskaya, 3, 664033 Irkutsk, Russia

ABSTRACT. An analysis of the taxonomic structure and diversity of sub-ice algal-bacterial communities in the Maloye More Strait of Lake Baikal in two different ecotopes (the bottom surface of the ice and the water column) was carried out. According to high-throughput sequencing of the 18S rRNA fragment and microscopy, the dinoflagellates *Gymnodinium baicalense* and green algae *Binuclearia lauterbornii* predominated on the bottom surface of the ice, while the diatoms *Ulnaria acus* and *Fragilaria radians* and green algae of the genus *Monoraphidium* and *Koliela* predominated in the water column. In the bacterial communities, the most abundant phyla were *Actinobacteria*, *Proteobacteria* and *Bacteroidetes*.

Keywords: bacteria, microalgae, ice period, high-throughput sequencing

For citation: Bashenkhaeva M.V., Zakharova Yu.R., Petrova D.P., Khanaev I.V., Likhoshway Ye.V. Biological diversity and structure of sub-ice algal-bacterial communities in the Maloye More Strait (Lake Baikal) // Limnology and Freshwater Biology. 2024. - № 4. - P. 791-794. DOI: [10.31951/2658-3518-2024-A-4-791](https://doi.org/10.31951/2658-3518-2024-A-4-791)

1. Introduction

Lake Baikal is the first among freshwater lakes in the world in terms of depth and volume of water and unique in the diversity of living organisms (Timoshkin, 2011). The Maloye More Strait is a region of Baikal located between the western shore of the lake (in its middle part) and Olkhon Island. In the southwest it is connected to Baikal by the Olkhon Gate Strait. In winter, due to the shallowness of the water, the strait becomes covered with ice faster than other areas of Lake Baikal (Rusinek et al., 2012). Due to the difference in conditions, the ecosystem of the Maloye More Strait differs from the ecosystem of Lake Baikal.

In this work, we present the results of a study of algal-bacterial communities of the bottom surface of ice and under-ice water from a depth of 10 m in the Maloye More Strait.

2. Materials and methods

Samples were taken in March 2016 at three stations in the Maloye More Strait: at the entrance to the Olkhon Gate Strait (St1), in the center (St2) and at the exit near Cape Khoboy (St3). Samples from the lower surface of the ice (SI) were taken by divers using syringes; from a depth of 10 m (UW) samples were taken with a Niskin bottle. On St3, hummocks formed under the ice, and

samples were taken from their surface. Quantification and identification of phytoplankton were carried out as described previously (Bashenkhaeva et al., 2020). To isolate DNA 1.5 L of sample was deposited onto a 0.22 µm polycarbonate filter, the sediment was washed into TE buffer (10 mM Tris-HCl, pH 7.5, 1 mM EDTA) and frozen. DNA extraction was carried out according to a previously described method (Bukin et al., 2023). High-throughput sequencing (HTS) of the V3-V4 region of the 16S rRNA gene and the V8-V9 region of the 18S rRNA gene was carried out on the basis of the Center for Shared Use “Genome Technologies, Proteomics and Cell Biology” of the Federal State Budgetary Institution All-Russian Research Institute of Agricultural Medicine. HTS data analysis was carried out using Usearch v.10 (Edgar, 2010).

3. Results

According to microscopy results, the SI communities St1 and St2 were dominated by the dinoflagellates *Gymnodinium baicalense*, the UW communities St1 were dominated by green algae of the genus *Monoraphidium* and *Koliela*, and in St2 - *G. baicalense* and *Monoraphidium*. The SI microalgae community St3 was dominated by the green algae *Binuclearia lauterbornii*, with a significant proportion of the diatoms *Ulnaria acus* and *Fragilaria radians*, as well as small-

*Corresponding author.

E-mail address: maria.bashenkhaeva@gmail.com (M.V. Bashenkhaeva)

Received: July 16, 2024; **Accepted:** August 03, 2024;

Available online: August 30, 2024

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



celled nanoflagellates. The UW community St3 was dominated by green algae of the genus *Monoraphidium* and diatoms *U. acus* and *F. radians*.

According to the HTS data, dinoflagellates of the genus *Gymnodinium* dominated in all ecotopes St1 and St2. The SI community St3 was dominated by zOTUs belonging to the family *Chrysophyceae* and the chrysophytes of the genus *Chrysosphaerella*. In addition to them, a significant proportion were zOTUs belonging to the family *Chlorophyceae* and green algae of the genus *Chlamydomonas*. In the St3_UW community, the most abundant zOTUs classified as *U. acus*, *Chrysosphaerella*, and *Scrippsiella hangoei*.

Bacterial communities SI and UW differed in structure at stations St1 and St3 according to HTS data (Fig.). In the St1_UW community, the phylum *Actinobacteria* made up the largest percentage, while in the St1_SI community, *Proteobacteria* dominated. The community structure of the two St2 ecotopes was similar; a significant percentage was made up of representatives of *Actinobacteria*. In the SI community St3, the predominant phylum was *Bacteroidetes*; in St3_UW, the largest percentage was made up of bacteria from the phylum *Actinobacteria*.

4. Conclusion

Thus, an analysis of the structure of algal-bacterial communities on the bottom surface of the ice and under-ice water of the Maloye More Strait showed that the communities differ depending on the ecotope, as well as on the geographical location.

Acknowledgements

The authors express their gratitude to V.I. Chernykh, I.A. Nebesnykh and L.A. Titova for their assistance in sampling. The work was supported by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (project number 121032300186-9). Microscopic analysis was carried out at the Center for Collective Use “Electron Microscopy” (<http://www.lin.irk.ru/copp>) of the Center for Collective Use “Ultramicroanalysis”.

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.

References

- Bashenkhaeva M.V., Galachyants Y.P., Khanaev I.V. et al. 2020. Comparative analysis of free-living and particle-associated bacterial communities of Lake Baikal during the ice-covered period. *Journal of Great Lakes Research* 46: 508–518.
- Bukin Y.S., Mikhailov I.S., Petrova D.P. et al. 2023. The effect of metabarcoding 18S rRNA region choice on diversity of microeukaryotes including phytoplankton. *World Journal of Microbiology and Biotechnology* 39: 229.
- Edgar R.C. 2010. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. *Bioinformatics* 26: 2460–2461. DOI: [10.1093/bioinformatics/btq461](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq461)
- Rusinek O.T., Tahteev V.V., Gladkochub D.P. et al. 2012. *Baykalovedenie* 2(1). Novosibirsk: Nauka (in Russian).
- Timoshkin O.A. 2011. Main tendencies in research of ancient lake biodiversity; most interesting recent discoveries in biodiversity of Lake Baikal. In: Timoshkin O.A. (Ed.), *Index of animal species inhabiting Lake Baikal and its catchment area*. Vol. II. Novosibirsk: Nauka, pp. 1423–1428 (in Russian)

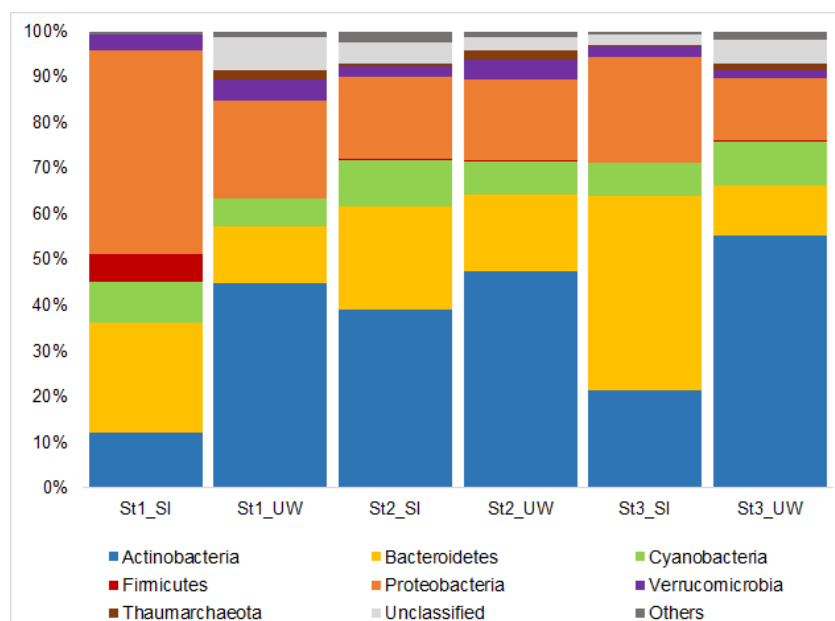


Fig. Taxonomic composition of bacterial communities in the Maloye More Strait in March 2016 according to high-throughput sequencing of 16S rRNA gene fragments.

Биологическое разнообразие и структура подледных альго-бактериальных сообществ пролива Малое Море (озеро Байкал)

Краткое сообщение

LIMNOLOGY
FRESHWATER
BIOLOGY

Башенхаева М.В.* , Захарова Ю.Р., Петрова Д.П., Ханаев И.В., Лихошвай Е.В.

Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук, ул. Улан-Баторская, 3, 664033 Иркутск, Россия

АННОТАЦИЯ. Проведен анализ таксономической структуры и разнообразия подледных альго-бактериальных сообществ пролива Малое Море озера Байкал двух разных экотопов: нижней поверхности льда и водной толщи. По данным высокопроизводительного секвенирования фрагмента 18S рРНК и микроскопии на нижней поверхности льда преобладали динофлагелляты *Gymnodinium baicalense* и зеленые водоросли *Binuclearia lauterbornii*, в водной толще – диатомеи *Ulnaria acus* и *Fragilaria radians* и зеленые водоросли рода *Monoraphidium* и *Koliela*. В бактериальных сообществах наиболее распространенными филумами были *Actinobacteria*, *Proteobacteria* и *Bacteroidetes*.

Ключевые слова: бактерии, микроводоросли, ледовый период, высокопроизводительное секвенирование

Для цитирования: Башенхаева М.В., Захарова Ю.Р., Петрова Д.П., Ханаев И.В., Лихошвай Е.В. Биологическое разнообразие и структура подледных альго-бактериальных сообществ пролива Малое Море (озеро Байкал) // Limnology and Freshwater Biology. 2024. - № 4. - С. 791-794. DOI: 10.31951/2658-3518-2024-A-4-791

1. Введение

Озеро Байкал является первым среди пресноводных озер мира по глубине и объему воды и уникальным по разнообразию живых организмов (Timoshkin, 2011). Пролив Малое Море - район Байкала, расположенный между западным берегом озера (в его средней части) и островом Ольхон. На юго-западе оно связано с Байкалом проливом Ольхонские Ворота. В зимний период из-за мелководности пролив покрывается льдом быстрее других районов Байкала (Русинек и др., 2012). Экосистема Малого Моря из-за разницы в условиях отличается от экосистемы Байкала.

В данной работе мы приводим результаты исследования альго-бактериальных сообществ нижней поверхности льда и подледной воды с глубины 10 м пролива Малое Море.

2. Материалы и методы

Пробы были отобраны в марте 2016 года на трех станциях в проливе Малое Море: на входе в пролив Ольхонские ворота (St1), в центре (St2) и на выходе в районе мыса Хобой (St3). Образцы с

нижней поверхности льда (SI) отбирали водолазы с помощью шприцов, с глубины 10 м (UW) пробы отобраны батометром Нискина. На St3 подо льдом формировались торосы, пробы были отобраны с их поверхности. Количественную оценку и идентификацию фитопланктона проводили, как описано ранее (Bashenkhaeva et al., 2020). Для выделения ДНК пробы объемом 1,5 л каждая осаждали на 0,22 мкм поликарбонатный фильтр, осадок смывали в ТЕ-буфер (10 mM Tris-HCl, pH 7.5, 1 mM EDTA) и замораживали. Выделение ДНК проводили по описанному ранее методу (Bukin et al., 2023). Высокопроизводительное секвенирование (ВПС) V3-V4 области гена 16S рРНК и V8-V9 области гена 18S рРНК проводили на базе ЦКП «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» ФГБНУ ВНИИСХМ». Анализ данных ВПС проводили с помощью Usearch v.10 (Edgar, 2010).

3. Результаты

По результатам микроскопии в составе SI сообществ St1 и St2 доминировали динофлагелляты *Gymnodinium baicalense*, в UW сообществах St1 преобладали зеленые водоросли рода *Monoraphidium*

*Автор для переписки.

Адрес e-mail: maria.bashenkhaeva@gmail.com (М.В. Башенхаева)

Поступила: 16 июля 2024; Принята: 03 августа 2024;
Опубликована online: 30 августа 2024

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



и *Koliela*, на St2 – *G. baicalense* и *Monoraphidium*. В составе SI сообщества микроводорослей St3 доминировали зеленые водоросли *Binuclearia lauterbornii*, значительную долю составляли диатомеи *Ulnaria acus* и *Fragilaria radians*, а также мелкоклеточные нанофлагелляты. В UW сообществе St3 преобладали зеленые водоросли рода *Monoraphidium* и диатомеи *U. acus* и *F. radians*.

По данным ВПС во всех экотопах St1 и St2 доминировали динофлагелляты рода *Gymnodinium*. В SI сообществе St3 преобладали zOTU, относящиеся к семейству *Chrysophyceae* и к хризифитовым рода *Chrysosphaerella*. Помимо них значительную долю составляли zOTU, относящиеся к семейству *Chlorophyceae* и зеленым водорослям рода *Chlamydomonas*. В сообществе St3_UW к наиболее многочисленным относились zOTU, классифицированные как *U. acus*, *Chrysosphaerella* и *Scrippsiella hangoei*.

Бактериальные сообщества SI и UW различались по структуре на станциях St1 и St3 по данным ВПС (Рис.). В сообществе St1_UW наибольшую долю составлял филум *Actinobacteria*, а в сообществе St1_SI доминировали *Proteobacteria*. Структура сообществ двух экотопов St2 была сходной, значительную долю составляли представители *Actinobacteria*. В SI сообществе St3 преобладающим филумом был *Bacteroidetes*, в St3_UW наибольшую долю составляли бактерии филума *Actinobacteria*.

4. Выводы

Таким образом, анализ структуры альго-бактериальных сообществ нижней поверхности льда и подледной воды пролива Малое Море показал, что сообщества различаются в зависимости от экотопа, а также от географического положения.

Благодарности

Авторы выражают благодарность В. И. Черных, И. А. Небесных и Л. А. Титовой за помощь в отборе проб. Работа выполнена при поддержке Министерства науки и высшего образования РФ (номер проекта 121032300186-9). Микроскопический анализ проводили на базе Центра коллективного пользования «Электронная микроскопия» (<http://www.lin.irk.ru/copp>) ЦКП «Ультрамикроанализ».

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Список литературы

- Русинек О.Т., Тахтеев В.В., Гладкочуб Д.П. и др. 2012. Байкаловедение 2(1). Новосибирск: Наука
- Bashenkhaeva M.V., Galachyants Y.P., Khanaev I.V. et al. 2020. Comparative analysis of free-living and particle-associated bacterial communities of Lake Baikal during the ice-covered period. *Journal of Great Lakes Research* 46: 508–518.
- Bukin Y.S., Mikhailov I.S., Petrova D.P. et al. 2023. The effect of metabarcoding 18S rRNA region choice on diversity of microeukaryotes including phytoplankton. *World Journal of Microbiology and Biotechnology* 39: 229.
- Edgar R.C. 2010. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. *Bioinformatics* 26: 2460–2461. DOI: [10.1093/bioinformatics/btq461](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq461)
- Timoshkin O.A. 2011. Main tendencies in research of ancient lake biodiversity; most interesting recent discoveries in biodiversity of Lake Baikal. In: Timoshkin O.A. (Ed.), *Index of animal species inhabiting Lake Baikal and its catchment area*. Vol. II. Novosibirsk: Nauka, pp. 1423–1428 (in Russian)

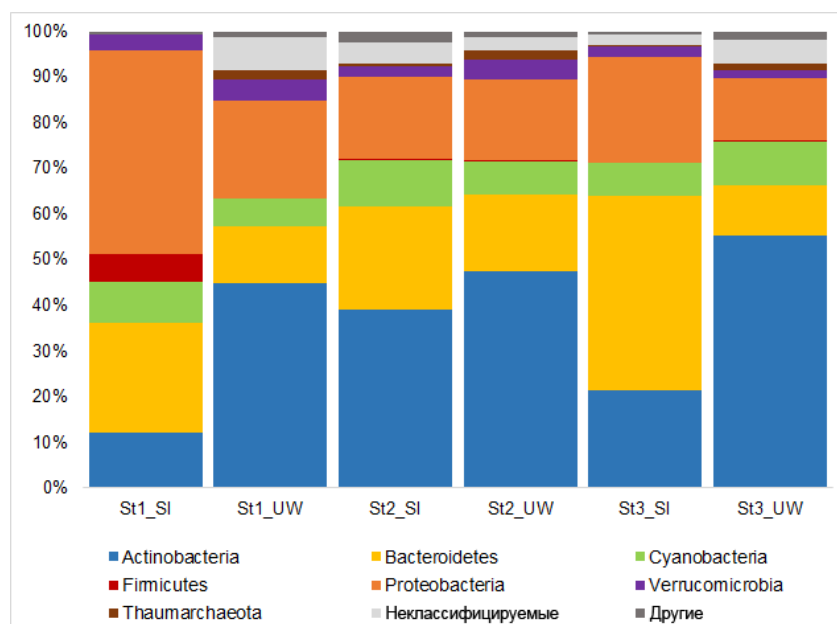


Рис. Таксономический состав бактериальных сообществ пролива Малое Море в марте 2016 г. по данным высокопроизводительного секвенирования фрагментов генов 16S рРНК.