

Comparative analysis of the microbial community in the water resources of the city of Kazan



Siniagina M.N.*, Khusnutdinova D.R., Markelova M.I., Senina A.M., Khaliullina L.J., Khaliullin I.I., Grigoryeva T.V.

Kazan Federal University, 18 Kremlyovskaya Str., Kazan 420008, Russia

ABSTRACT. The study of microbial communities is a useful tool for monitoring the degradation of aquatic ecosystems. Using 16S rRNA gene sequencing, we analyzed the bacterial communities of the rivers Volga and Kazanka which are the water resources of the city of Kazan. Despite the lack of significant differences in the biodiversity of these river ecosystems, some microbial taxa indicate the degradation status of the Kazanka River ecosystems compared to the Volga River.

Keywords: microbial community, next-generation sequencing, 16S rRNA gene, river ecosystem, biodiversity, Kazan

For citation: Siniagina M.N., Khusnutdinova D.R., Markelova M.I., Senina A.M., Khaliullina L.J., Khaliullin I.I., Grigoryeva T.V. Comparative analysis of the microbial community in the water resources of the city of Kazan // Limnology and Freshwater Biology. 2024. - № 4. - P. 1095-1100. DOI: 10.31951/2658-3518-2024-A-4-1095

1. Introduction

Water ecosystems in urban areas are constantly exposed to negative anthropogenic factors, which can lead to alteration of the natural flow regime, water pollution and a decrease in biodiversity. When monitoring river ecosystems in order to assess their status, it is common to analyze water communities and identify indicator organisms, particularly microorganisms that are more sensitive to moderate and chronic environmental degradation (Yang et al., 2019). However, freshwater microbial communities have mainly been studied in lake ecosystems, while river ecosystems have been studied to a lesser extent (Savio et al., 2015). Therefore, this study presents a comparative analysis of the microbial communities of the Volga and Kazanka rivers.

2. Materials and methods

Water samples were taken from the surface of the Volga River (n=12) and Kazanka River (n=13) between 2017 and 2019. All collected samples were centrifuged to concentrate biomass. DNA was extracted using a DNA-express kit (Lytech, Russia). The V3–V4 region of the 16S rRNA gene was amplified and then sequenced on MiSeq platform (Illumina, USA) using 300 bp paired-end read mode. The obtained data were

analyzed using the QIIME v. 1.9.1. The paired reads were merged and filtered for quality. The sequences were grouped into operational taxonomic units (OTUs) based on a 97% similarity threshold to the GreenGenes v. 13.8 reference database. For diversity analysis of the bacterial community, the Shannon index was calculated. Student's t-test was used to compare the bacterial community between the rivers (p-value < 0.05 considered significant).

3. Results and discussion

There were no significant differences in the microbial diversity between the Volga and Kazanka rivers (Shannon index was 6.95 ± 0.42 and 6.52 ± 0.68 , respectively). Both Volga and Kazanka communities were equally represented by dominant bacterial taxa (>1% of the community in average) such as the representatives of the orders *Actinomycetales*, *Acidimicrobiales*, *Sphingobacteriales* and *Microbacteriaceae*, the families *Comamonadaceae* and *Microbacteriaceae*, and the genera *Flavobacterium* and *Sediminibacterium*.

According to a comparative analysis of the Volga and Kazanka microbial communities, there are statistically significant differences in the abundance of 102 bacterial taxa (p<0.05). Data on the abundance of dominant bacterial taxa (>1% of the com-

*Corresponding author.

E-mail address: marias25@mail.ru (M.N. Siniagina)

Received: May 31, 2024; **Accepted:** June 14, 2024;

Available online: August 30, 2024



munity) that differed significantly between the Volga and Kazanka Rivers are represented in Figure. It is interesting that cyanobacteria of the genus *Microcystis* made up the majority of the community in the Volga River ($12.61 \pm 8.90\%$) and were almost absent in the Kazanka River ($0.15 \pm 0.36\%$). At the same time, the Kazanka was dominated by cyanobacteria of the genus *Planktothrix* ($24.53 \pm 10.71\%$), which were rare in the Volga ($0.57 \pm 0.74\%$). Both genera of cyanobacteria are capable of producing toxins and are the dominant cause of freshwater blooms worldwide (Chen et al., 2020; Wilhelm et al., 2020).

While bacteria of the family *Pelagibacteraceae* ($9.68 \pm 2.39\%$) and the genus *Limnohabitans* ($4.57 \pm 1.13\%$) were dominant in the Volga, the Kazanka River contained significantly lower levels of these bacteria ($2.53 \pm 0.98\%$ и $2.69 \pm 0.98\%$, respectively). Bacteria of the family *Pelagibacteraceae* are common in both freshwater and marine waters, and the genus *Limnohabitans* is most often found in river and lake ecosystems (Farkas et al., 2022). In the Volga River, the abundance of class SL56 of the phylum *Chloroflexi* ($3.01 \pm 0.84\%$) and the families *Methylophilaceae* ($2.43 \pm 0.77\%$) and *Xanthomonadaceae* ($1.28 \pm 0.65\%$) was significantly higher than in the Kazanka River ($0.34 \pm 0.16\%$, $0.91 \pm 0.36\%$ and $0.35 \pm 0.32\%$, respectively). Interestingly, bacteria of the family *Methylophilaceae* are known denitrifiers, while both the family *Xanthomonadaceae* and the genus *Limnohabitans* are considered indicators of remediation in river eco-

systems (Yang et al., 2019). The low abundance of these taxa in the Kazanka may indicate a deterioration of the aquatic ecosystem. In addition, the Kazanka River has a higher numbers of the genus *Candidatus Xiphinematobacter* of the family *Chthoniobacteraceae*, which has been shown to be associated with high levels of arsenic in water (de Diego et al., 2022).

4. Conclusion

Thus, α -diversity in the river ecosystems of Kazan, represented by the Volga and the Kazanka rivers, does not differ significantly. However, the abundance of some bacterial taxa is significantly lower in the Kazanka, which indicates water pollution and degradation of the river ecosystem.

Acknowledgements

The work was carried out at the Interdisciplinary Center of Shared Use of Kazan Federal University and was supported by the subsidy allocated to Kazan Federal University for the state assignment in the sphere of scientific activities (project #FZSM-2023-0013).

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.

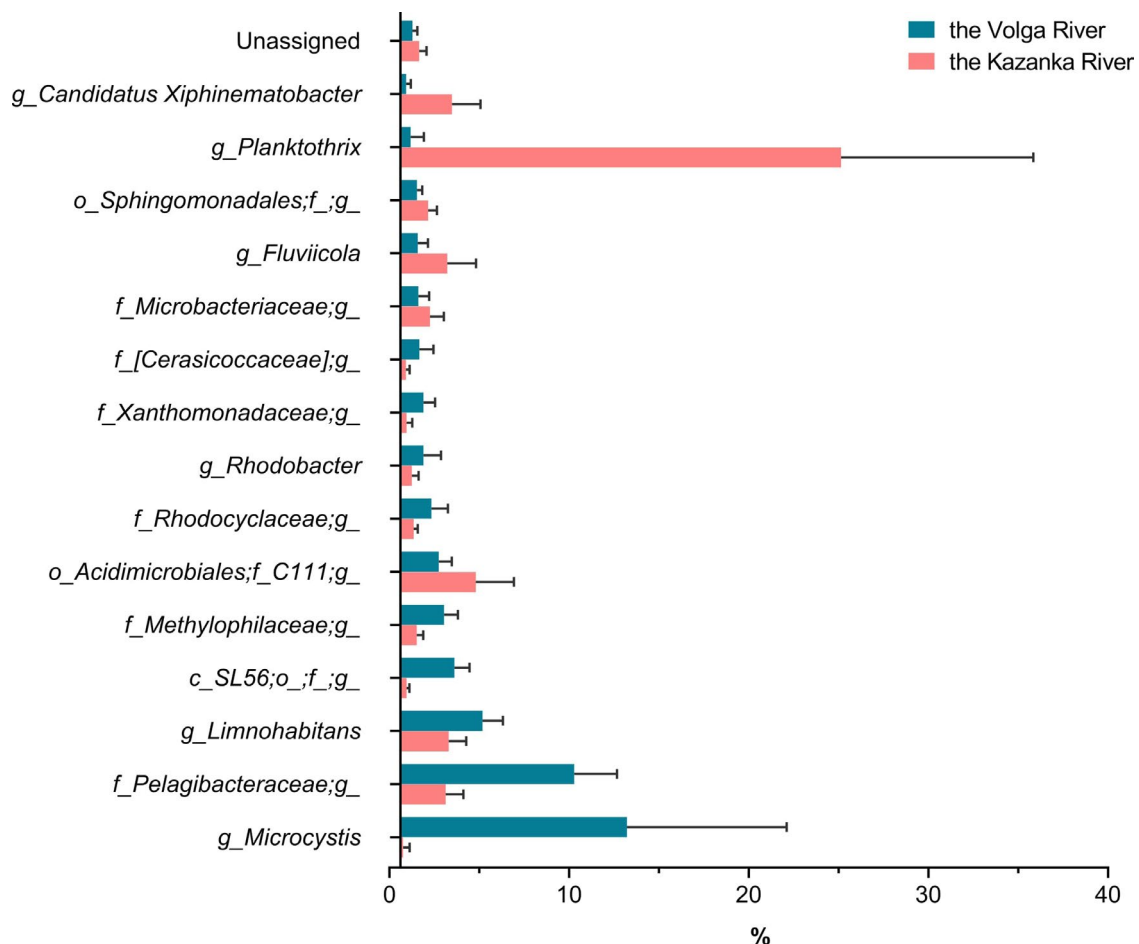


Fig. Abundance of dominant bacterial taxa (>1% of the community) that differ significantly between the Volga and Kazanka Rivers ($p < 0.05$)

References

Chen X., Bai D., Song C. et al. 2020. Microcystis bloom in an urban lake after river water diversion—a case study. *Water* 12(6): 1811. DOI: [10.3390/w12061811](https://doi.org/10.3390/w12061811)

de Diego G.A., Penas-Steinhardt A., Ferro J.P. et al. 2022. Impact of exposure to arsenic on the bacterial microbiota associated with river biofilms in the Pampas region. *Aquatic Toxicology* 252: 106319. DOI: [10.1016/j.aquatox.2022.106319](https://doi.org/10.1016/j.aquatox.2022.106319)

Farkas M., Szoboszlai S., Vörös L. et al. 2022. Bacterial community dynamics along a river-wetland-lake system. *Water* 14(21): 3519. DOI: [10.3390/w14213519](https://doi.org/10.3390/w14213519)

Savio D., Sinclair L., Ijaz U.Z. et al. 2015. Bacterial diversity along a 2600 km river continuum. *Environmental microbiology* 17(12): 4994-5007. DOI: [10.1111/1462-2920.12886](https://doi.org/10.1111/1462-2920.12886)

Wilhelm S.W., Bullerjahn G.S., McKay R.M. 2020. The complicated and confusing ecology of Microcystis blooms. *MBio* 11(3): 10-128. DOI: / DOI: [10.1128/mbio.00529-20](https://doi.org/10.1128/mbio.00529-20)

Yang Y., Li S., Gao Y. et al. 2019. Environment-driven geographical distribution of bacterial communities and identification of indicator taxa in Songhua River. *Ecological Indicators* 101: 62-70. DOI: [10.1016/j.ecolind.2018.12.047](https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2018.12.047)

Сравнительная характеристика микробных сообществ водных ресурсов города Казани

Краткое сообщение

LIMNOLOGY
FRESHWATER
BIOLOGY

Синягина М.Н., Хуснутдинова Д.Р., Маркелова М.И., Сенина А.М., Халиуллина Л.Ю., Халиуллин И.И., Григорьева Т.В.

Казанский (Приволжский) федеральный университет, Кремлевская 18, Казань, 420008, Россия

АННОТАЦИЯ. Исследование микробных сообществ является полезным инструментом для мониторинга деградации водных экосистем. С помощью секвенирования гена 16S рРНК мы провели анализ бактериальных сообществ водных ресурсов города Казань – рек Волга и Казанка. Несмотря на отсутствие отличий в биоразнообразии данных речных экосистем, выявлены некоторые таксоны микроорганизмов, которые указывают на ухудшение состояния экосистемы р. Казанка по сравнению с р. Волга.

Ключевые слова: микробное сообщество, секвенирование следующего поколения, ген 16S рРНК, речная экосистема, биоразнообразие, Казань

Для цитирования: Синягина М.Н., Хуснутдинова Д.Р., Маркелова М.И., Сенина А.М., Халиуллина Л.Ю., Халиуллин И.И., Григорьева Т.В. Сравнительная характеристика микробных сообществ водных ресурсов города Казани // Limnology and Freshwater Biology. 2024. - № 4. - С. 1095-1100. DOI: 10.31951/2658-3518-2024-A-4-1095

1. Введение

Водные экосистемы, расположенные вблизи городов, постоянно подвергаются антропогенному воздействию, что может приводить к негативным последствиям, таким как изменение естественных водных потоков, загрязнение воды и снижение биоразнообразия. Для мониторинга состояния речных экосистем и оценки степени их нарушения проводят анализ водных сообществ и выявляют индикаторные организмы, в том числе микроорганизмы, которые более чувствительны к умеренной и хронической деградации окружающей среды (Yang et al., 2019). Однако пресноводные микробные сообщества исследуются преимущественно в озерных экосистемах, в то время как речные экосистемы остаются менее изученными (Savio et al., 2015). В этой связи, в данной работе мы представляем сравнительную характеристику микробных сообществ рек Волга и Казанка.

2. Материалы и методы

Отбор проб проводился с поверхности воды рек Волги (n=12) и Казанки (n=13) в период с 2017 по 2019 год. Собранные образцы концентрировали центрифугированием и далее проводили

выделение ДНК с помощью коммерческого набора «ДНК-экспресс» (Литех, Россия). Анализ микробного сообщества проводился методом секвенирования переменного региона V3-V4 гена 16S рРНК на платформе MiSeq (Illumina, США) в режиме парных прочтений по 300 п.н. Полученные данные были проанализированы с помощью программы QIIME v. 1.9.1. Парные риды были объединены, отфильтрованы по качеству. Прочтения были сгруппированы в операционные таксономические единицы (OTU) на основе 97%-ного порога сходства с базой данных GreenGenes v. 13.8. Для характеристики разнообразия бактериального сообщества был рассчитан индекс Шеннона. Для выявления статистически значимых различий при сравнительном анализе бактериального сообщества рек применяли Т-критерий Стьюдента.

3. Результаты и обсуждение

Микробное разнообразие рек Волга и Казанка достоверно не различается (индекс Шеннона $6,95 \pm 0,42$ и $6,52 \pm 0,68$, соответственно). В обоих речных сообществах среди доминирующих таксонов (>1% сообщества в среднем) в равной доле представлены бактерии порядков *Actinomycetales*,

*Автор для переписки.

Адрес e-mail: marias25@mail.ru (М.Н. Синягина)

Поступила: 31 мая 2024; Принята: 14 июня 2024;

Опубликована online: 30 августа 2024

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



Acidimicrobiales, *Sphingobacteriales* и *Microbacteriaceae*, семейств *Comamonadaceae* и *Microbacteriaceae*, а также родов *Flavobacterium* и *Sediminibacterium*.

По результатам сравнительного анализа микробных сообществ рек Казанка и Волга были выявлены статистически значимые различия в представленности 102 таксонов ($p < 0,05$). Данные о численности доминантных бактериальных таксонов, достоверно различавшихся между р. Волга и р. Казанка, представлены на рисунке. Интересно, что составляющие большую долю в р. Волга цианобактерии рода *Microcystis* ($12,61 \pm 8,90\%$) практически отсутствуют в р. Казанка ($0,15 \pm 0,36\%$). В то же время, в р. Казанка доминируют цианобактерии рода *Planktothrix* ($24,53 \pm 10,71\%$), которые практически отсутствуют в р. Волга ($0,57 \pm 0,74\%$). Представители обоих родов цианобактерий способны продуцировать токсины и являются доминирующими источниками цветения в пресных водах по всему миру (Chen et al., 2020; Wilhelm et al., 2020).

Доля доминирующих в р. Волге бактерий семейства *Pelagibacteraceae* ($9,68 \pm 2,39\%$) и рода *Limnohabitans* ($4,57 \pm 1,13\%$), была значимо ниже в р. Казанка ($2,53 \pm 0,98\%$ и $2,69 \pm 0,98\%$, соответственно). Представители семейства *Pelagibacteraceae* распространены как в пресных, так и морских водах, а представители рода *Limnohabitans* наиболее часто встречаются в реках и водно-болотных системах (Farkas et al., 2022). В р. Волга достоверно выше представленность бактерий класса SL56 филы *Chloroflexi* ($3,01 \pm 0,84\%$), а также семейств *Methylophilaceae* ($2,43 \pm 0,77\%$) и *Xanthomonadaceae*

($1,28 \pm 0,65\%$) по сравнению с их долей в р. Казанка ($0,34 \pm 0,16\%$, $0,91 \pm 0,36\%$ и $0,35 \pm 0,32\%$, соответственно). Интересно, что представители семейства *Methylophilaceae* являются распространенными денитрификаторами, а бактерий семейства *Xanthomonadaceae* и рода *Limnohabitans* считаются индикаторами восстановления речных экосистем (Yang et al., 2019). Низкая представленность данных таксонов в р. Казанка может указывать на ухудшение состояния водной экосистемы реки. Кроме того, в р. Казанка достоверно выше доля рода *Candidatus Xiphinematobacter* семейства *Chthoniobacteraceae*, доля которого повышается при высоком содержании мышьяка в воде (de Diego et al., 2022).

4. Заключение

Таким образом, α -разнообразие речных экосистем города Казани – рек Волга и Казанка – не отличается. Однако в бактериальном сообществе р. Казанка достоверно ниже представленность ряда таксонов, которые указывают на наличие водных загрязнений и нарушение данной речной экосистемы.

Благодарности

Работа выполнена на базе Междисциплинарного центра коллективного пользования КФУ за счет субсидии, выделенной КФУ на выполнение государственного задания в сфере научной деятельности (№ FZSM-2023-0013).

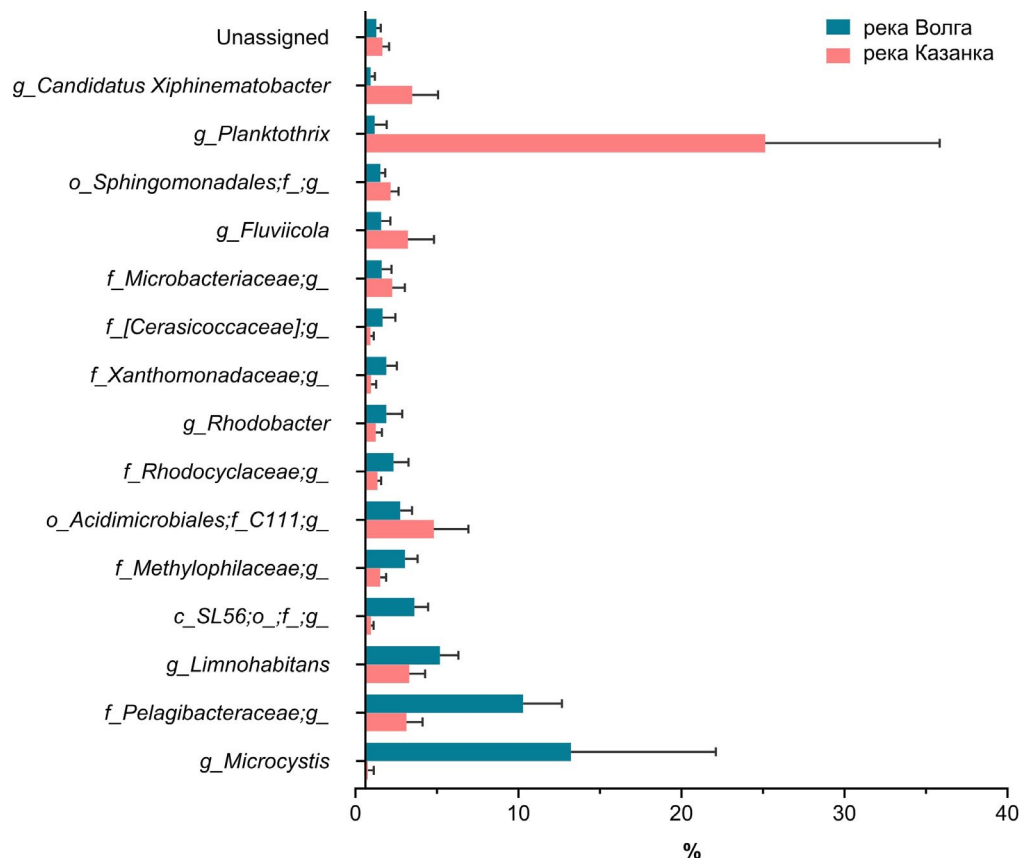


Рис. Представленность доминантных бактериальных таксонов (>1% сообщества), достоверно различающихся между р. Волга и р. Казанка ($p < 0,05$)

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Список литературы

Chen X., Bai D., Song C. et al. 2020. Microcystis bloom in an urban lake after river water diversion—a case study. *Water* 12(6): 1811. DOI: [10.3390/w12061811](https://doi.org/10.3390/w12061811)

de Diego G.A., Penas-Steinhardt A., Ferro J.P. et al. 2022. Impact of exposure to arsenic on the bacterial microbiota associated with river biofilms in the Pampas region. *Aquatic Toxicology* 252: 106319. DOI: [10.1016/j.aquatox.2022.106319](https://doi.org/10.1016/j.aquatox.2022.106319)

Farkas M., Szoboszlay S., Vörös L. et al. 2022. Bacterial community dynamics along a river-wetland-lake system. *Water* 14(21): 3519. DOI: [10.3390/w14213519](https://doi.org/10.3390/w14213519)

Savio D., Sinclair L., Ijaz U.Z. et al. 2015. Bacterial diversity along a 2600 km river continuum. *Environmental microbiology* 17(12): 4994-5007. DOI: [10.1111/1462-2920.12886](https://doi.org/10.1111/1462-2920.12886)

Wilhelm S.W., Bullerjahn G.S., McKay R.M. 2020. The complicated and confusing ecology of Microcystis blooms. *MBio* 11(3): 10-128. DOI: / DOI: [10.1128/mbio.00529-20](https://doi.org/10.1128/mbio.00529-20)

Yang Y., Li S., Gao Y. et al. 2019. Environment-driven geographical distribution of bacterial communities and identification of indicator taxa in Songhua River. *Ecological Indicators* 101: 62-70. DOI: [10.1016/j.ecolind.2018.12.047](https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2018.12.047)