

Association between hydrochemical parameters and microbial community structure in rivers of the Republic of Tatarstan

Short communication
LIMNOLOGY
FRESHWATER
BIOLOGY

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

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

ABSTRACT. Microbiota plays an important role in the aquatic ecosystem, maintaining balance through its ability to utilize and synthesize various substances. Anthropogenic pollution affects the composition of the aquatic microbiota, thereby disrupting the stability of the system. In this work, a comprehensive analysis of the hydrochemical parameters of the rivers of Tatarstan was carried out together with the microbiome. This has enabled the identification of bacteria that can be used as bioindicators of pollution in aquatic ecosystems. It was found that the abundance of the cyanobacteria *Synechococcaceae* was reduced in samples with high organic matter content, and the abundance of *Microcystaceae* was increased with high levels of total phosphorus and phosphates. There is also evidence that members of the *Proteobacteria* phylum can be bioindicators of high nitrate levels in water.

Keywords: river microbiome, 16S rRNA gene, hydrochemical parameters, Republic of Tatarstan, next generation sequencing

For citation: Markelova M.I., Khusnutdinova D.R., Senina A.M., Siniagina M.N., Boulygina E.A., Khaliullina L.J., Khaliullin I.I., Grigoryeva T.V. Association between hydrochemical parameters and microbial community structure in rivers of the Republic of Tatarstan // Limnology and Freshwater Biology. 2024. - № 4. - P. 992-997. DOI: 10.31951/2658-3518-2024-A-4-992

1. Introduction

Microbiota plays a key role in maintaining the balance of river ecosystems through its involvement in various biochemical processes. Hydrochemical indicators such as pH, hardness, phosphorus, nitrite, nitrate and other elements characterize water quality and may indicate the presence of anthropogenic pollution. Hydrochemical parameters are also known to affect organisms and biochemical processes in aquatic environments (Lebedeva et al., 2021; Corniello et al., 2022). River microbiome analysis can identify microorganisms that are bioindicators of aquatic contamination as well as active participants in self-cleaning processes. Thus, the aim of the work was to identify the association between the abundance of bacterial families in the microbiota and hydrochemical parameters of rivers of the Republic of Tatarstan.

2. Materials and methods

Water samples were collected in sterile tubes from the surface of the mouths of the Volga, Kama, and

Kazanka rivers in the territory of the Kuibyshev reservoir in the Republic of Tatarstan for three years (four sampling points each in September 2017, 2018, and 2019). Water sample parameters evaluated included pH, total hardness, total phosphorus, manganese, ammonium, nitrate, nitrite, phosphate, bicarbonate, biological and chemical oxygen demand (BOD5 and COD), color, clarity, suspended solids and temperature. Water samples of 50 ml were centrifuged at 8000 rpm for 15 minutes to obtain a sediment from which DNA was isolated using the "DNA-Express" kit (Lytech, Russia). Next, amplicon libraries of the V3-V4 variable regions of the 16S rRNA gene were prepared and sequenced on the MiSeq platform (Illumina, USA). Bioinformatic data processing was performed using the Qiime 1.9 program. Spearman correlations were calculated using the "psych" package in R.

3. Results and discussion

Correlation analysis revealed many statistically significant associations between bacterial family abundance and water parameters (Fig.). The largest number

*Corresponding author.

E-mail address: mimarkelova@gmail.com (M.I. Markelova)

Received: June 01, 2024; **Accepted:** June 14, 2024;

Available online: August 30, 2024

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



of significant correlations with microbiota was found for water clarity and suspended solids. This confirms the results found in artificial marine aquariums (Patin et al., 2018). Most of the positive correlations with the clarity were found for the bacterial families of the phyla *Proteobacteria* and *Chloroflexi*, and negative ones — for representatives of the phylum *Bacteroidetes*. It was also found that with an increase in pH and BOD5 levels, as well as a decrease in nitrate content in water samples, the abundance of families of the phylum *Proteobacteria* decreases. This decrease was previously identified both in aquatic and soil ecosystems (Lindström et al., 2005; Kim et al., 2016; Kim et al., 2021; Saneha et al., 2023). Therefore, representatives of *Proteobacteria* (families *Pelagibacteraceae*, *Methylophilaceae* and an unidentified member of the order *Burkholderiales*) are bioindicators of rivers with low content of organic matter, which can be biochemically utilized, and high content of nitrates. It was also found that the proportion of the cyanobacterial family *Synechococcaceae* decreases with increasing COD levels. Therefore, *Synechococcaceae* can be used as bioindicator of water pollution by organic substances that cannot be biochemically degraded (Kim et al., 2016). The abundance of other cyanobacteria, *Microcystaceae*, was positively correlated with increases

in total phosphorus and phosphate concentrations in water samples. This was also found in the anthropogenically polluted Taihu Lake in China (Qian et al., 2017). Thus, *Microcystaceae* can be used as a bioindicator for the pollution of water systems by wastewater.

4. Conclusion

Bacteria that can be used as bioindicators of pollution in aquatic ecosystems were identified through a comprehensive analysis of hydrochemical parameters of rivers in Tatarstan together with the microbiome.

Acknowledgements

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

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.

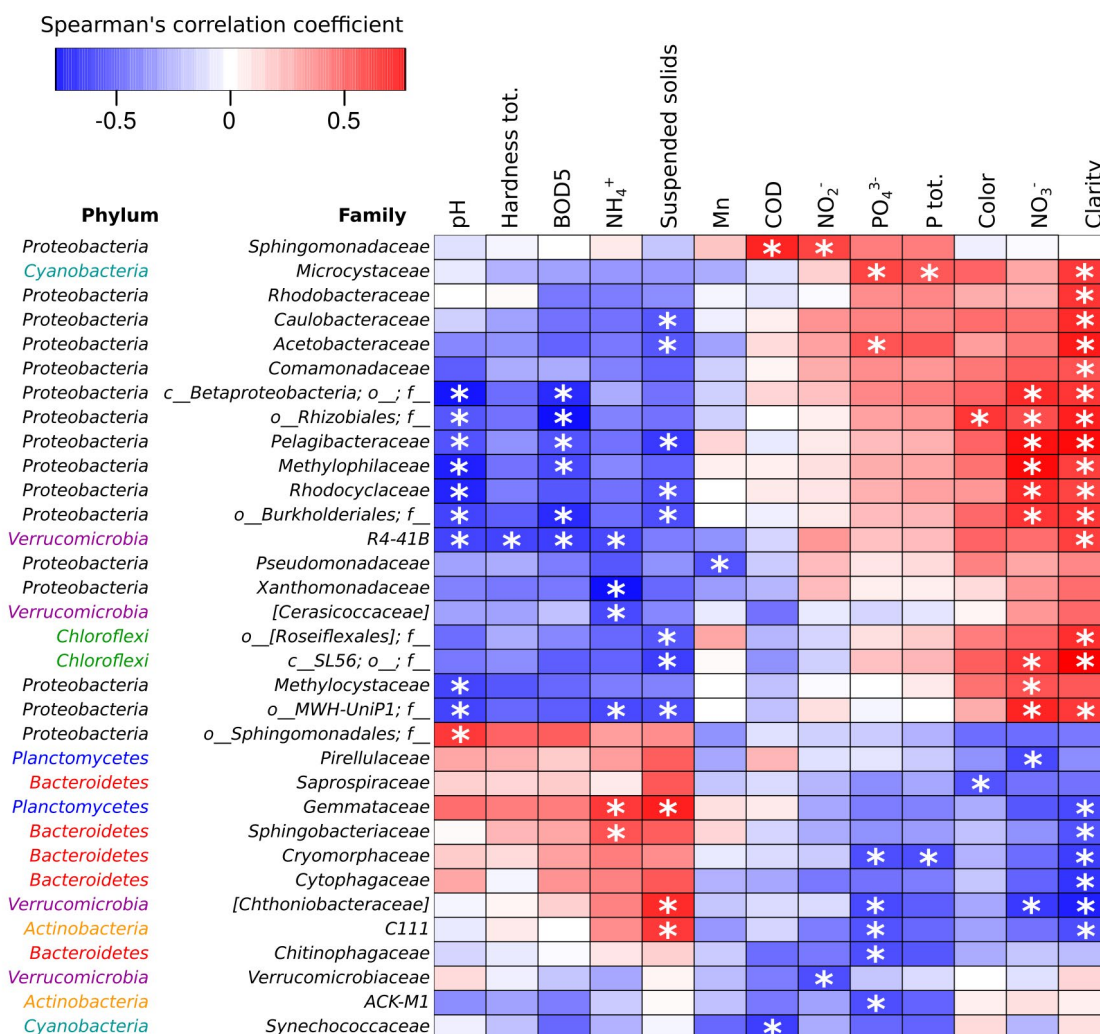


Fig. Correlations between the hydrochemical parameters and the microbial families.

References

Corniello A., Guida M., Stellato L. et al. 2022. Hydrochemical, isotopic and microbiota characterization of telese mineral waters (Southern Italy). *Environmental Geochemistry and Health* 44: 1-22. DOI: [10.1007/s10653-021-00806-4](https://doi.org/10.1007/s10653-021-00806-4)

Kim H.J., Jung S.W., Lim D.I. et al. 2016. Effects of temperature and nutrients on changes in genetic diversity of bacterioplankton communities in a semi-closed bay, South Korea. *Marine pollution bulletin* 106: 139-148. DOI: [10.1016/j.marpolbul.2016.03.015](https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2016.03.015)

Kim H.S., Lee S.H., Jo H.Y. et al. 2021. Diversity and composition of soil Acidobacteria and Proteobacteria communities as a bacterial indicator of past land-use change from forest to farmland. *Science of the Total Environment* 797: 148944. DOI: [10.1016/j.scitotenv.2021.148944](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.148944)

Lebedeva E.G., Kharitonova N.A., Chelnokov G.A. 2021. Microbiota and hydrochemistry of thermal groundwaters of the Kuldur Spa (Far East, Russia). *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* 666:022095. DOI: [10.1088/1755-1315/666/2/022095](https://doi.org/10.1088/1755-1315/666/2/022095)

Lindström E.S., Kamst-Van Agterveld M.P., Zwart G. 2005. Distribution of typical freshwater bacterial groups is associated with pH, temperature, and lake water retention time. *Applied and Environmental Microbiology* 71: 8201-8206. DOI: [10.1128/AEM.71.12.8201-8206.2005](https://doi.org/10.1128/AEM.71.12.8201-8206.2005)

Patin N.V., Pratte Z.A., Regensburger M. et al. 2018. Microbiome dynamics in a large artificial seawater aquarium. *Applied and Environmental Microbiology* 84(10): e00179-18. DOI: [10.1128/AEM.00179-18](https://doi.org/10.1128/AEM.00179-18)

Qian H., Lu T., Song H. et al. 2017. Spatial variability of cyanobacteria and heterotrophic bacteria in Lake Taihu (China). *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology* 99: 380-384. DOI: [10.1007/s00128-017-2149-8](https://doi.org/10.1007/s00128-017-2149-8)

Saneha S., Pattamapitoon T., Bualert S. et al. 2023. Relationship between bacteria and nitrogen dynamics in wastewater treatment oxidation ponds. *Global Journal of Environmental Science and Management* 9(4): 707-718. DOI: [10.22034/gjesm.2023.04.04](https://doi.org/10.22034/gjesm.2023.04.04)

Взаимосвязь гидрохимических показателей с составом микробных сообществ рек Республики Татарстан

Краткое сообщение

LIMNOLOGY
FRESHWATER
BIOLOGY

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

Казанский федеральный университет, ул. Кремлевская, д.18, Казань, 420008, Россия

АННОТАЦИЯ. Микробиота играет значительную роль в экосистеме водоемов, поддерживая баланс за счет способности утилизировать и синтезировать различные вещества. Антропогенное загрязнение оказывает влияние на состав микробиоты водоемов, нарушая тем самым устойчивость системы. В настоящей работе был проведен комплексный анализ гидрохимических показателей рек Татарстана совместно с микробиомом, что позволило выявить бактерии, которые могут быть использованы в качестве биоиндикаторов загрязнения водных экосистем. Установлено, что доля представителей цианобактерий *Synechococcaceae* была снижена в образцах с высоким загрязнением органическими веществами, а доля *Microcystaceae* повышена при высоком содержании общего фосфора и фосфатов. Также выявлено, что представители филы *Proteobacteria* могут являться биоиндикаторами высокого содержания нитратов в воде.

Ключевые слова: микробиом рек, ген16S рРНК, гидрохимические показатели рек, Республика Татарстан, секвенирование следующего поколения

Для цитирования: Маркелова М.И., Хуснутдинова Д.Р., Сенина А.М., Синягина М.Н., Булыгина Е.А., Халиуллина Л.Ю., Халиуллин И.И., Григорьева Т.В. Взаимосвязь гидрохимических показателей с составом микробных сообществ рек Республики Татарстан // Limnology and Freshwater Biology. 2024. - № 4. - С. 992-997. DOI: 10.31951/2658-3518-2024-A-4-992

1. Введение

Микробиота играет ключевую роль в поддержании баланса экосистемы рек, участвуя в различных биохимических процессах. Гидрохимические показатели воды, такие как рН, жесткость, содержание фосфора, нитритов, нитратов и других элементов, характеризуют качество воды и могут указывать на наличие антропогенных загрязнений. Также известно, что гидрохимические параметры оказывают влияние на живые организмы и биохимические процессы, происходящие в водной среде (Lebedeva et al., 2021; Corniello et al., 2022). Анализ микробиома рек может позволить выявить как микроорганизмы-биоиндикаторы загрязнения водоема, так и обнаружить активных участников процессов самоочищения. Таким образом, целью работы явилось выявление взаимосвязей между представленностью бактериальных семейств микробиоты и гидрохимическими параметрами рек Республики Татарстан.

2. Материалы и методы

Пробы воды отбирались в стерильные пробирки с поверхности устья рек Волга, Кама и Казанка на территории Куйбышевского водохранилища в Республике Татарстан в течение трех лет (по 4 точки отбора в сентябре 2017, 2018 и 2019 гг.). Оценивались показатели образцов воды, такие как рН, общая жесткость, содержание общего фосфора, марганца, ионов аммония, нитрата, нитрита, фосфата, гидрокарбоната, а также биологическое и химическое потребление кислорода (БПК₅ и ХПК), цветность, прозрачность, взвешенные вещества и температура воды. Образцы воды объемом 50 мл центрифугировали в течение 15 минут при 8000 об/мин для получения осадка, из которого выделяли ДНК с использованием набора «ДНК-Экспресс» (НПФ «Литех», Россия). Далее осуществляли подготовку библиотек ампликонов переменных регионов V3-V4 гена 16S рРНК с последующим секвенированием на платформе MiSeq (Illumina, США). Биоинформатическая обработка данных осуществлялась с помощью программы Qiime 1.9. Корреляции Спирмена были рассчитаны с использованием пакета «psych» в среде R.

*Автор для переписки.

Адрес e-mail: mimarkelova@gmail.com (М.И. Маркелова)

Поступила: 01 июня 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.



3. Результаты и обсуждение

Корреляционный анализ позволил выявить множество статистически значимых взаимосвязей представленности бактериальных семейств и исследуемых параметров воды (Рис.). Наибольшее количество достоверных корреляций с микробиотой было обнаружено для показателя прозрачности воды и содержания взвешенных веществ, что подтверждает результаты, выявленные для искусственных морских аквариумов (Patin et al., 2018). Причем большая часть положительных корреляций с прозрачностью выявлена для бактериальных семейств фил *Proteobacteria* и *Chloroflexi*, а отрицательные — для представителей филы *Bacteroidetes*. Также было выявлено, что при увеличении уровня pH и БПК5, а также снижении содержания нитратов в образцах воды снижается доля ряда семейств филы *Proteobacteria*, что ранее было выявлено как в водоемах, так и в почвенных экосистемах (Lindström et al., 2005; Kim et al., 2016; Kim et al., 2021; Sanaha et al., 2023). Следовательно, представители *Proteobacteria* (семейства *Pelagibacteraceae*, *Methylophilaceae* и неопределенный представитель порядка *Burkholderiaceae*) являются биоиндикато-

рами водоемов с низким содержанием органического вещества, которое может быть утилизировано биохимически, и высоким содержанием нитратов. Кроме того, было установлено, что при увеличении ХПК снижается доля семейства цианобактерий *Synechococcaceae*. Таким образом, представители *Synechococcaceae* могут быть использованы в качестве биомаркера загрязнения водоемов органическими веществами, которые не могут быть деградированы биохимически (Kim et al., 2016). Доля другого представителя цианобактерий — *Microcystaceae* — положительно коррелировала с увеличением концентрации общего фосфора и фосфатов в образцах воды, что также характерно для антропогенно загрязненного озера Тайху в Китае (Qian et al., 2017). Таким образом, *Microcystaceae* могут являться биоиндикатором загрязнения водоемов сточными водами.

4. Выводы

Комплексный анализ гидрохимических показателей рек Татарстана совместно с микробиомом позволил выявить бактерии, которые могут быть использованы в качестве биоиндикаторов загрязнения водных экосистем.

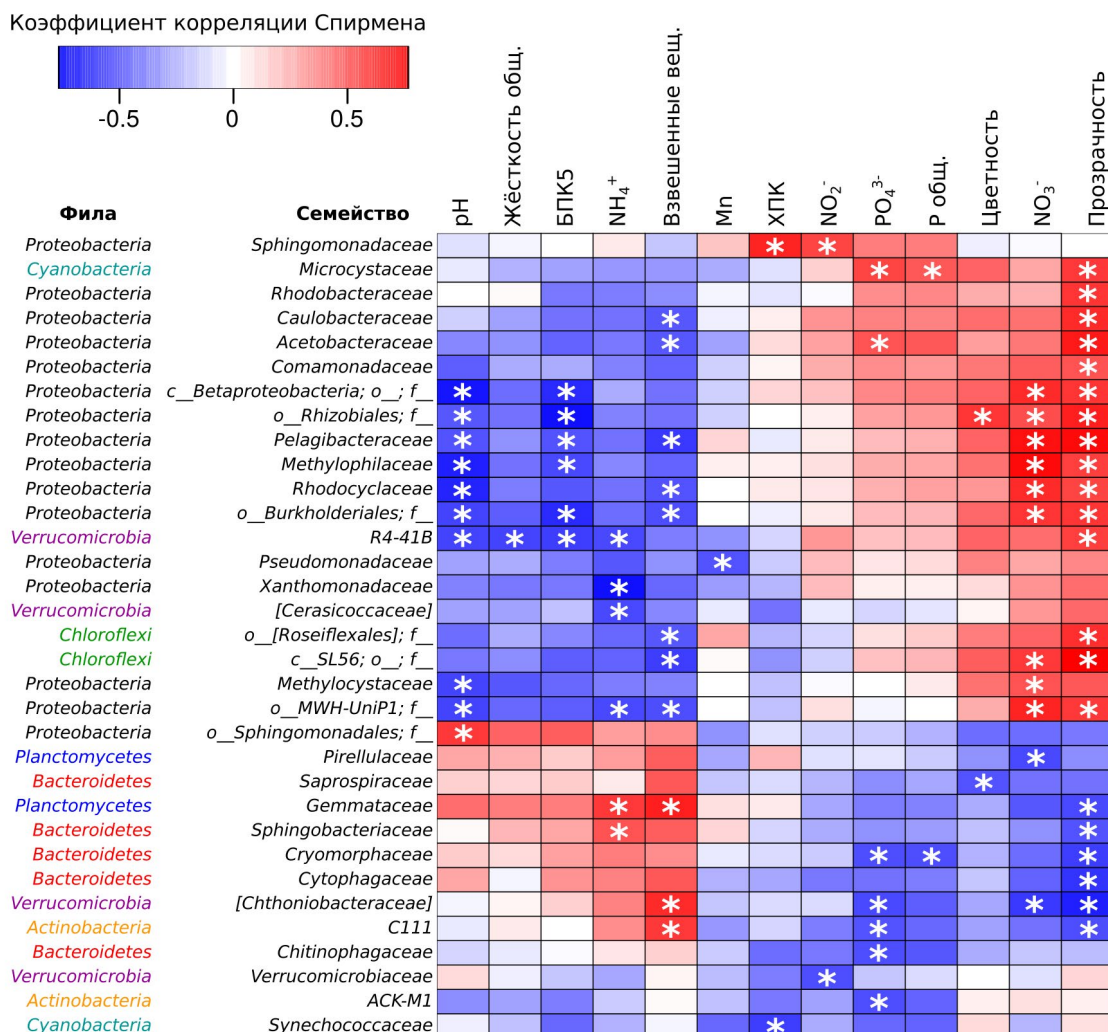


Рис. Корреляции гидрохимических показателей образцов воды и представителей микробиоты на уровне семейств. * - p-value < 0.05.

Благодарности

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

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Список литературы

Corniello A., Guida M., Stellato L. et al. 2022. Hydrochemical, isotopic and microbiota characterization of telese mineral waters (Southern Italy). *Environmental Geochemistry and Health* 44: 1-22. DOI: [10.1007/s10653-021-00806-4](https://doi.org/10.1007/s10653-021-00806-4)

Kim H.J., Jung S.W., Lim D.I. et al. 2016. Effects of temperature and nutrients on changes in genetic diversity of bacterioplankton communities in a semi-closed bay, South Korea. *Marine pollution bulletin* 106: 139-148. DOI: [10.1016/j.marpolbul.2016.03.015](https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2016.03.015)

Kim H.S., Lee S.H., Jo H.Y. et al. 2021. Diversity and composition of soil Acidobacteria and Proteobacteria communities as a bacterial indicator of past land-use change from forest to farmland. *Science of the Total Environment* 797: 148944. DOI: [10.1016/j.scitotenv.2021.148944](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.148944)

Lebedeva E.G., Kharitonova N.A., Chelnokov G.A. 2021. Microbiota and hydrochemistry of thermal groundwaters of the Kuldur Spa (Far East, Russia). *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* 666:022095. DOI: [10.1088/1755-1315/666/2/022095](https://doi.org/10.1088/1755-1315/666/2/022095)

Lindström E.S., Kamst-Van Agterveld M.P., Zwart G. 2005. Distribution of typical freshwater bacterial groups is associated with pH, temperature, and lake water retention time. *Applied and Environmental Microbiology* 71: 8201-8206. DOI: [10.1128/AEM.71.12.8201-8206.2005](https://doi.org/10.1128/AEM.71.12.8201-8206.2005)

Patin N.V., Pratte Z.A., Regensburger M. et al. 2018. Microbiome dynamics in a large artificial seawater aquarium. *Applied and Environmental Microbiology* 84(10): e00179-18. DOI: [10.1128/AEM.00179-18](https://doi.org/10.1128/AEM.00179-18)

Qian H., Lu T., Song H. et al. 2017. Spatial variability of cyanobacteria and heterotrophic bacteria in Lake Taihu (China). *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology* 99: 380-384. DOI: [10.1007/s00128-017-2149-8](https://doi.org/10.1007/s00128-017-2149-8)

Saneha S., Pattamapitoon T., Bualert S. et al. 2023. Relationship between bacteria and nitrogen dynamics in wastewater treatment oxidation ponds. *Global Journal of Environmental Science and Management* 9(4): 707-718. DOI: [10.22034/gjesm.2023.04.04](https://doi.org/10.22034/gjesm.2023.04.04)