

Diversity of planktonic pro- and microeukaryotes in water bodies of the Volga-Don basin during the period of cyanobacterial bloom according to metabarcoding data



Umanskaya M.V.^{1*}, Bykova S.V.¹, Gorbunov M.Yu.¹, Tarasova N.G.^{1,2}, Krasnova E.S.¹, Mukhortova O.V.^{1,2}, Sherysheva N.G.¹, Agapov A.A.¹

¹Samara Federal Research Center RAS, Institute of Ecology of the Volga Basin RAS, st. Komzina, 10, Tolyatti, 445003, Russia

²Institute of Biology of Inland Waters named after. I.D. Papanin RAS, pos. Borok, 109, Nekouz district, Yaroslavl region, 152742, Russia

ABSTRACT. The first data on the phylogenetic diversity of planktonic communities of pro- and microeukaryotes in different types of water bodies of the Volga-Don basin during the period of cyanobacterial bloom are presented. *Aphanizomenon flos-aquae*/*Dolichospermum flos-aquae* blooms were found mainly in the Kuibyshev Reservoir; *Planktothrix agardhii* bloom was observed in floodplain lakes of the majority of investigated rivers. Bloom of *Raphidiopsis raciborskii* was found in a lake on the Volga River terrace, and in a pond in the floodplain of the Samara River *Anabaenopsis* dominated among Cyanobacteria. Among heterotrophic prokaryotes, Proteobacteria, Bacteroidota, Verrucomicrobiota, Planctomycetota and Actinobacteriota predominate in the number of sequences, and among protists - Ciliophora, Gyrista (mainly Chrysophyceae), Cryptista and Myzozoa. During the period of cyanobacterial bloom, the contributions of Proteobacteria (especially, Burkholderiales and Pseudomonadales) and Actinobacteriota slightly decrease, while Myzozoa, on the contrary, increase. Monodominant blooms of various species of cyanobacteria significantly change the composition and structure of microbial communities, both at the OTUs and higher taxa levels. The plankton of the pond with *Anabaenopsis* bloom is most peculiar. Communities with blooms of *P. agardhii*, *R. raciborskii* and *A. flos-aquae*/*D. flos-aquae* are more similar to each other.

Keywords: cyanobacterial blooms; bacterioplankton; planktonic protists; community structure; small subunit rRNA gene metabarcoding

For citation: Umanskaya M.V., Bykova S.V., Gorbunov M.Yu., Tarasova N.G., Krasnova E.S., Mukhortova O.V., Sherysheva N.G., Agapov A.A. Diversity of planktonic pro- and microeukaryotes in water bodies of the Volga-Don basin during the period of cyanobacterial bloom according to metabarcoding data // Limnology and Freshwater Biology. 2024. - № 4. - P. 1131-1136. DOI: 10.31951/2658-3518-2024-A-4-1131

1. Introduction

The intensity, frequency, and duration of cyanobacterial blooms in fresh continental water bodies have increased in recent decades due to anthropogenic eutrophication and global climate change. This has been complicated by simultaneous changes in the composition of dominant species complexes and functional groups of cyanobacteria, and also by the change of the areals of certain bloom-forming cyanobacteria species (Huisman et al., 2018). All this causes significant changes in the structure of the entire plankton community of aquatic ecosystems. However, the available information on the impact of cyanobacterial blooms on the structure and

diversity of the plankton community as a whole and its individual components remains insufficient and partly contradictory (Zhao et al., 2022; Xu et al., 2022, etc.). The use of molecular genetic methods allows to assess the diversity of planktonic pro- and microeukaryotes more fully and to analyze complex associative relationships in their communities. So far, different geographical regions of the world have been studied to varying degrees, and there are still “blank spots” on the world map.

The purpose of this study was to determine the phylogenetic diversity of planktonic microbial communities in water bodies of the Volga-Don basin during the blooming period of various species of cyanobacteria.

*Corresponding author.

E-mail address: mvumansk67@gmail.com (Umanskaya M.V.)

Received: June 05, 2024; **Accepted:** July 04, 2024;

Available online: August 30, 2024

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



2. Materials and methods

Eighteen water bodies were studied from June to September 2023, including the Kuybyshev Reservoir and three of its bays, lakes and ponds in the basins of the Sumka, Sok, B. Kinel, Samara, Volga, Don and Khoher rivers (Russia). Integral samples were taken from the photic layer with a step of 0.5-1 m. For DNA extraction 100–250 ml of water was filtered through 0.2 µm sterile Cellulose Nitrate (CN) Membrane Filters (Vladisart, Russia), fixed by 80% ethanol and stored at –18°C until further processing. DNA was extracted and sequenced at Syntol (Moscow, Russia). Amplification of variable regions of the 16S and 18S rRNA genes was performed using specific primers 515F and 806R (Walters et al., 2015) and Euk574F and Euk897R (Hugerth et al., 2014). The library pool was sequenced on Illumina MiSeq using MiSeq Reagent Kit v2 (500 cycles). The Usearch 11.0.67 program (Edgar, 2010) was used for paired-end reads merging and for subsequent processing of the resulting raw combined reads. The taxonomic affiliation of the obtained operational taxonomic units (OTUs) was determined using the SILVA SSU database v. 138.1 and PR2 database v. 5.0.1.

3. Results and discussion

In the combined library, Archaea accounted for 209 OTUs and 2,232 sequences. Bacteria, excluding mitochondria, accounted for 5,703 OTUs and 2,225,250 sequences. 2,606 18S-OTUs with a total number of sequences of 3,039,444 belonged to Protista (including Fungi).

Judging by the proportion of Cyanobacteria sequences among total Bacteria and the ratio of the number of cyanobacteria and chloroplast sequences, cyanobacterial blooms were absent in only 15% of the samples studied in 2023. In the remaining water bodies, blooms with predominance of various species were observed, including: *Planktothrix agardhii* (Gomont) Anagnostidis & Komárek (28% of all samples); *Aphanizomenon flos-aquae* Ralfs ex Bornet & Flahault / *Dolichospermum flos-aquae* (Bornet &

Flahault) P.Wacklin, L.Hoffmann & Komárek (36%); *Raphidiopsis raciborskii* (Woloszynska) Aguilera & al. (6%); *Anabaenopsis* sp. (3%) and mixed blooms of several species in similar quantities (12%). In samples with different types of cyanobacterial bloom, communities of heterotrophic bacteria and microeukaryotic organisms differ in the average number of OTUs per sample and diversity indices (Table). The dominant complex composition in samples with various types of cyanobacterial blooms is shown at figure.

The blooms of *A. flos-aquae* / *D. flos-aquae* in the Kuybyshev Reservoir and some water bodies of the Volga and Samara River basins was quite expected and generally corresponded to long-term results of microscopic observations (Korneva, 2015; Zharikov et al., 2009). The microbial community of this group was dominated by Burkholderiales (Proteobacteria), Ca. Nanopelagicales (Actinobacteriota), Cryptophyceae (Cryptista) and Spirotrichea (Ciliophora).

In most of the studied lakes in the basins of the Don, Khoher, Volga, Samara and Kinel rivers, blooms of *P. agardhii* were recorded in 2023. In previously studied lakes of the Volga floodplain, blooms of this species were not observed (Rozenberg et al., 2006). Data on the composition of cyanobacterial communities in other lakes of this group were obtained for the first time. These communities of heterotrophic prokaryotes and protists were dominated by Chthoniobacterales (Verrucomicrobiota), Proteobacteria, Cryptophyceae (Cryptista), Dinoflagellata and Perkinsea (Myzozoa) and Spirotrichea (Ciliophora).

The lake with the *R. raciborskii* bloom is located at the Volga River terrace; its community was dominated by Proteobacteria, Chitinophagales (Bacteroidota), Pirellulales (Planctomycetota), Cryptophyceae (Cryptista), Spirotrichea and Oligohymenophorea (Ciliophora). The pond with *Anabaenopsis* bloom is located in the Samara River basin and was dominated by Proteobacteria, Pirellulales (Planctomycetota), Chitinophagales (Bacteroidota) and Gyrista: Mediophyceae. It should be noted that only in this pond representatives of Blastocatellia (Acidobacteriota) were found as subdominants.

Table 1. Diversity indicators of plankton communities of heterotrophic prokaryotes and microeukaryotes in samples with blooms of different cyanobacteria species

Cyanobacterial bloom	Diversity indicators							
	Average number of OTUs per sample	Indices			Average number of OTUs per sample	Indices		
		Simpson (1-D)	Shannon (H)	Berger-Parker		Simpson (1-D)	Shannon (H)	Berger-Parker
	Heterotrophic prokaryotes				Microeukaryotes			
<i>Anabaenopsis</i> sp.	944	0.98	4.75	0.080	378	0.88	3.17	0.313
<i>A. flos-aquae</i> / <i>D. flos-aquae</i>	1,119	0.97	4.67	0.14	490	0.99	5.56	0.045
<i>P. agardhii</i>	866	0.99	5.25	0.057	497	0.97	4.53	0.101
<i>R. raciborskii</i>	1,193	0.98	5.08	0.062	499	0.97	4.15	0.09
Mixed blooms	548	0.99	5.54	0.04	572	0.98	4.76	0.083
No blooms	1,168	0.97	4.81	0.12	397	0.96	4.29	0.13

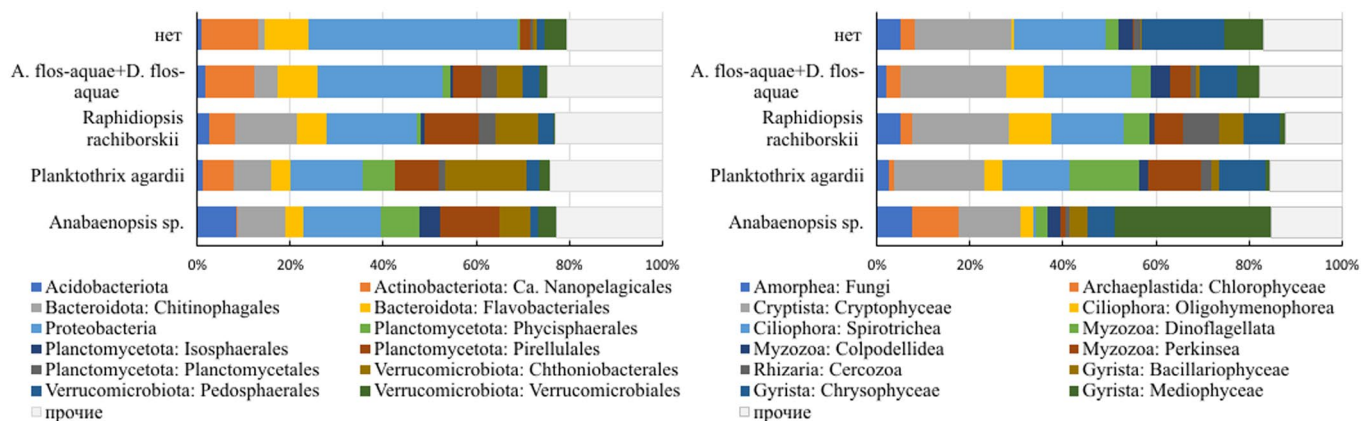


Fig.1. The structure of the microbial planktonic community (relative abundance, % of the total sequences of prokaryotes (left) and microeukaryotes (right)) under different species-specific cyanobacterial blooms and without blooms.

Clustering of all samples using the Jacquard index as a similarity measure showed that, according to the composition of OTUs two clusters of samples are formed at a low level of similarity, first one with *P. agardhii* and *R. raciborskii* blooms, and the second with blooms of *A. flos-aquae* / *D. flos-aquae* and mixed blooms. Samples with no cyanobacterial blooms and with *Anabaenopsis* sp. domination are most different from all the others.

4. Conclusions

Thus, data on the phylogenetic diversity of planktonic pro- and microeukaryotes in different water bodies of the Volga-Don basin during the cyanobacterial bloom have been obtained and reported for the first time. Among prokaryotes, in terms of the number of sequences, Cyanobacteria, Proteobacteria, Bacteroidetes, Verrucomicrobiota, Planctomycetota and Actinobacteriota predominate, and among protists - Ciliophora, Gyrista (mainly Chrysophyceae), Cryptista, Myzozoa and Amorphea. The contributions of Proteobacteria (especially Burkholderiales and Pseudomonadales) and Actinobacteria decrease slightly, while Myzozoa, on the contrary, increase in samples with cyanobacterial blooms. Monodominant blooms of various cyanobacteria species significantly influence the composition and structure of microbial communities. The plankton of the pond with the *Anabaenopsis* bloom is the most peculiar.

Acknowledgement

The study was supported by a grant from the Russian Science Foundation № 23-14-20005, <https://rscf.ru/project/23-14-20005/>.

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.

References

- Edgar R.C. 2010. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. *Bioinformatics* 26(19): 2460-2461. DOI: [10.1093/bioinformatics/btq461](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq461)
- Hugerth L.W., Muller E.E., Hu Y.O. et al. 2014. Systematic design of 18S rRNA gene primers for determining eukaryotic diversity in microbial consortia. *PloS one* 9(4): e95567. DOI: [10.1371/journal.pone.0095567](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0095567)
- Huisman J., Codd G.A., Paerl H.W. et al. 2018. Cyanobacterial blooms. *Nature Reviews Microbiology* 16(8): 471-483. DOI: [10.1038/s41579-018-0040-1](https://doi.org/10.1038/s41579-018-0040-1)
- Korneva L.G. 2015. Phytoplankton of Volga reservoirs. Kostroma: Kostromskoy pechat-nyy dom. (in Russian)
- Rozenberg G.S., Pautova V.N., Pospelov A.P. et al. 2006. Combined delineation of water bodies from the south-east part of the National Park "Samarskaya Luka". *Bulletin "Samarskaya Luka"* 18: 38-96. (in Russian)
- Walters W., Hyde E.R., Berg-Lyons D. et al. 2015. Improved bacterial 16S rRNA gene (V4 and V4-5) and fungal internal transcribed spacer marker gene primers for microbial community surveys. *mSystems* 1(1): e00009-15. DOI: [10.1128/mSystems.00009-15](https://doi.org/10.1128/mSystems.00009-15)
- Xu H., Liu W., Zhang S. et al. 2022. Cyanobacterial bloom intensities determine planktonic eukaryote community structure and stability. *Science of The Total Environment* 838: 156637. DOI: [10.1016/j.scitotenv.2022.156637](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.156637)
- Zhao K., Wang L., You Q. et al. 2022. Impact of cyanobacterial bloom intensity on plankton ecosystem functioning measured by eukaryotic phytoplankton and zooplankton indicators. *Ecological Indicators* 140: 109028. DOI: [10.1016/j.ecolind.2022.109028](https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2022.109028)
- Zharikov V.V., Gorbunov M.Yu., Bykova S.V. et al. 2009. Protists and bacteria of lakes of the Samara region. *Togliatti: Kassandra*. (in Russian)

Разнообразии планктонных про- и микроэукариот в водоемах Волго-Донского бассейна в период цианобактериального цветения по данным метабаркодинга

Краткое сообщение

LIMNOLOGY
FRESHWATER
BIOLOGYУманская М.В.^{1*}, Быкова С.В.¹, Горбунов М.Ю.¹, Тарасова Н.Г.^{1,2},
Краснова Е.С.¹, Мухортова О.В.^{1,2}, Шерышева Н.Г.¹, Агапов А.А.¹¹Самарский федеральный исследовательский центр РАН, Институт экологии Волжского бассейна РАН, ул. Комзина, 10, Тольятти, 445003, Россия²Институт биологии внутренних вод им. И.Д. Папанова РАН, пос. Борок, 109, Некоузский р-н, Ярославская обл., 152742, Россия

АННОТАЦИЯ. В настоящей работе представлены первые данные о филогенетическом разнообразии планктонных сообществ про- и микроэукариот в разнотипных водоемах Волго-Донского бассейна в период цианобактериального цветения. Цветение *Aphanizomenon flos-aquae* / *Dolichospermum flos-aquae* обнаружено в основном в Куйбышевском водохранилище, *P. agardhii* – в основном в пойменных озерах по всей исследованной территории. В бассейнах рек Волга и Самара обнаружено по одному водоему с цветением *Raphidiopsis raciborskii* и *Anabaenopsis* sp., соответственно. Среди гетеротрофных прокариот по числу последовательностей преобладают Proteobacteria, Bacteroidota, Verrucomicrobiota, Planctomycetota и Actinobacteriota, а среди протистов - Ciliophora, Gyrista (преимущественно, Chrysophyceae), Cryptista и Myzozoa. В период цианобактериального цветения вклады Proteobacteria (особенно, Burkholderiales и Pseudomonadales) и Actinobacteriota несколько снижаются, а Myzozoa, напротив, увеличиваются. Монодоминантное цветение различных видов цианобактерий существенно меняет состав и структуру микробных сообществ, причем как на уровне ОТЕ, так и на уровне макротаксонов различного ранга. Наибольшим своеобразием отличается планктон водоема с цветением *Anabaenopsis* sp. Сообщества с цветением *P. agardhii*, *R. raciborskii* и *A. flos-aquae* / *D. flos-aquae* более сходны между собой.

Ключевые слова: цветение цианобактерий, бактериопланктон, планктонные протисты, структура сообществ, метабаркодинг генов малой субъединицы rRNA

Для цитирования: Уманская М.В., Быкова С.В., Горбунов М.Ю., Тарасова Н.Г., Краснова Е.С., Мухортова О.В., Шерышева Н.Г., Агапов А.А. Разнообразие планктонных про- и микроэукариот в водоемах Волго-Донского бассейна в период цианобактериального цветения по данным метабаркодинга // Limnology and Freshwater Biology. 2024. - № 4. - С. 1131-1136. DOI: 10.31951/2658-3518-2024-A-4-1131

1. Введение

В результате антропогенной эвтрофикации и глобальных климатических изменений в последние десятилетия интенсивность, частота и продолжительность цианобактериальных цветений пресных континентальных водоемов возрастает. Кроме того, происходят изменения в составе комплекса доминирующих видов и функциональных групп цианобактерий в различных водоемах, а также меняются ареалы распространения отдельных видов цианобактерий – возбудителей цветения (Huisman et al., 2018). Все это вызывает существенные изменения

структуры всего планктонного сообщества водных экосистем, однако имеющаяся информация о воздействии цианобактериальных цветений на структуру и разнообразие сообщества планктона в целом и его отдельных компонентов остается недостаточной и отчасти противоречивой (Zhao et al., 2022; Xu et al., 2022 и др.). Применение молекулярно-генетических методов позволяет более полно оценивать разнообразие планктонных про-и микроэукариот и анализировать сложные ассоциативные связи в их сообществах, однако различные географические регионы мира исследованы с разной степенью

*Автор для переписки.

Адрес e-mail: mvumansk67@gmail.com (М.В. Уманская)

Поступила: 05 июня 2024; Принята: 04 июля 2024;

Опубликована online: 30 августа 2024

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



подробности и до сих пор на карте мира остаются «белые пятна».

Целью настоящего исследования было определить филогенетическое разнообразие планктонных микробных сообществ в водоемах Волго-Донского бассейна в период цветения различных видов цианобактерий.

2. Материалы и методы

В период с июня по сентябрь 2023 г. были исследованы 18 водоемов, включая Куйбышевское водохранилище с тремя заливами, озера и пруды в бассейнах рек Сумка, Сок, Б. Кинель, Самара, Волга, Дон и Хопер (Россия). Интегральные пробы были отобраны из фотического слоя с шагом 0,5-1 м. For DNA extraction from 100 to 250 ml of water was filtered through 0.2 μm sterile Cellulose Nitrate (CN) Membrane Filters (Vladisart, Russia), fixed by 80% ethanol and stored at -18°C until further processing. Выделение ДНК и секвенирование было проведено в компании «Синтол» (Москва, Россия). Амплификация переменных участков генов 16S и 18S рРНК осуществлялась с помощью специфических праймеров 515F и 806R (Walters et al., 2015) и Euk574F и Euk897R (Hugerth et al., 2014). Пул библиотек был секвенирован на Illumina MiSeq с использованием реактивов MiSeq Reagent Kit v2 (500 cycles). Для объединения парноконцевых ридов и последующей обработки полученных сырых объединенных ридов использовали программу Usearch 11.0.67 (Edgar, 2010). Таксономическую принадлежность выделенных операционных таксономических единиц (ОТЕ) определяли с использованием баз данных SILVA SSU v. 138.1 и PR2 v. 5.0.1.

3. Результаты и обсуждение

Всего в объединенной библиотеке было зарегистрировано 209 ОТЕ, относящихся к Archaea, с общим числом последовательностей 2232; 5703 ОТЕ, принадлежащих к Bacteria (исключая митохондрии), с общим числом последовательностей 2225250; 2606 ОТЕ Protista (включая Fungi), с общим числом последовательностей 3039444.

Судя по доле последовательностей Cyanobacteria в составе Bacteria и соотношению числа последовательностей цианобактерий и хлоропластов цианобактериальное цветение отсутствовало только в 15% исследованных проб. В остальных исследованных водоемах в 2023 г. были обнаружены цветения с преобладанием *Planktothrix agardhii* (Gomont) Anagnostidis & Komárek (28% всех проб); *Aphanizomenon flos-aquae* Ralfs ex Bornet & Flahault / *Dolichospermum flos-aquae* (Bornet & Flahault) P.Wacklin, L.Hoffmann & Komárek (36%); *Raphidiopsis raciborskii* (Woloszynska) Aguilera & al. (6%); *Anabaenopsis* sp. (3%) и смешанное цветение нескольких видов в близких количествах (12%). Сообщества гетеротрофных прокариот и микроэукариот в пробах с цветениями разными видами цианобактерий различаются по среднему числу ОТЕ в пробе и показателям разнообразия (Таблица). Состав доминирующего комплекса в пробах с разными типами цианобактериального цветения представлен на рисунке.

Цветение *A. flos-aquae* / *D. flos-aquae* в Куйбышевском водохранилище и некоторых водоемах бассейна р. Волга и Самара было вполне ожидаемо и в общем соответствовало многолетним результатам микроскопических наблюдений (Korneva, 2015; Zharikov et al., 2009). В микробном сообществе доминировали Burkholderiales (Proteobacteria), Ca. Nanopelagicales (Actinobacteriota), Cryptophyceae (Cryptista) и Spirotrichea (Ciliophora).

В большей части исследованных озер бассейнов р. Дон, Хопер, Волга, Самара и Кинель в 2023 г. было зарегистрировано цветение *P. agardhii*. В исследованных ранее пойменных озерах р. Волга цветение этого вида не отмечалось (Rozenberg et al., 2006), а данные по составу планктонных сообществ других озер этой группы получены впервые. В этих сообществах преобладали Chthoniobacterales (Verrucomicrobiota), Proteobacteria, Cryptophyceae (Cryptista), Dinoflagellata и Perkinsea (Myzozoa), и Spirotrichea (Ciliophora). Водоем с цветением *R. raciborskii* расположен в бассейне р. Волга, в составе его сообщества доминировали Proteobacteria, Chitinophagales (Bacteroidota), Pirellulales (Planctomycetota), Cryptophyceae (Cryptista),

Таблица 1. Показатели разнообразия сообществ гетеротрофных прокариот и микроэукариот в пробах с цветением разных видов цианобактерий.

Цветение	Показатели разнообразия							
	Число ОТЕ в пробе	индексы			Число ОТЕ в пробе	индексы		
		Simpson (1-D)	Shannon (H)	Berger-Parker		Simpson (1-D)	Shannon (H)	Berger-Parker
прокариоты				микроэукариоты				
<i>Anabaenopsis</i> sp.	944	0,98	4,75	0,080	378	0,88	3,17	0,313
<i>A. flos-aquae</i> / <i>D. flos-aqua</i>	1119	0,97	4,67	0,14	490	0,99	5,56	0,045
<i>P. agardhii</i>	866	0,99	5,25	0,057	497	0,97	4,53	0,101
<i>R. raciborskii</i>	1193	0,98	5,08	0,062	499	0,97	4,15	0,090
Смешанное	548	0,99	5,54	0,040	572	0,98	4,76	0,083
Нет цветения	1168	0,97	4,81	0,12	397	0,96	4,29	0,13

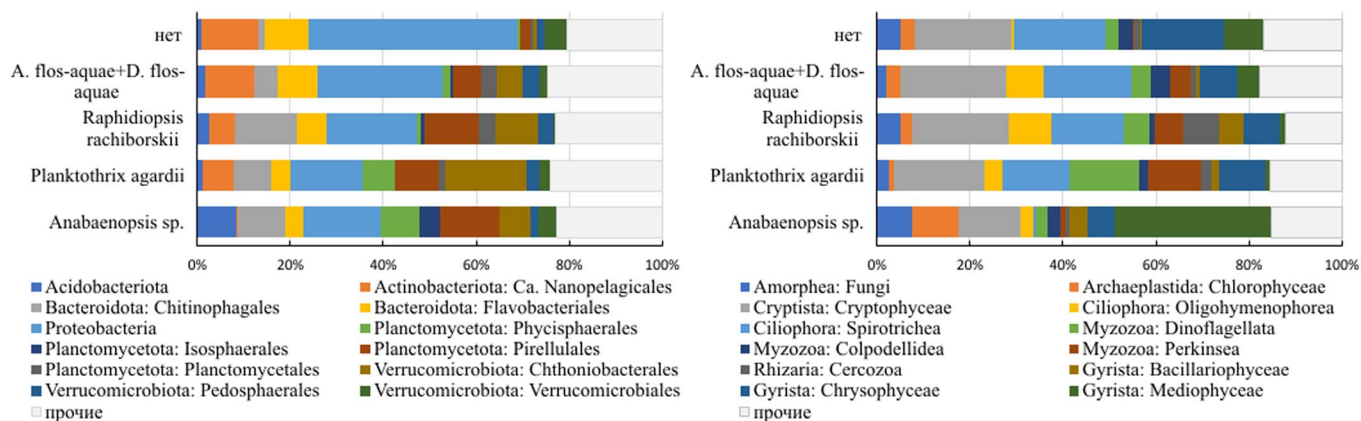


Рис.1. Структура микробного планктонного сообщества (% от общего числа последовательностей прокариот (слева) и микроэукариот (справа)) в условиях цветения разных видов цианобактерий и без цветения

Spirotrichea и Oligohymenophorea (Ciliophora). Водоем с цветением *Anabaenopsis* sp. находится в бассейне р. Самара и в нем доминировали Proteobacteria, Pirellulales (Planctomycetota), Chitinophagales (Bacteroidota) и Gyrysta: Mediophyceae. Надо отметить, что только здесь в состав субдоминантов вошли представители Blastocatellia (Acidobacteriota).

Кластеризация всех проб с использованием в качестве меры сходства индекса Жаккара показала, что по составу ОТЕ на низком уровне сходства формируется смешанный кластер проб с цветением *P. agardhii* и *R. rachiborskii*, с цветением *A. flos-aquae* / *D. flos-aquae* и смешанным типом цветения также объединяются между собой. Пробы без цветения и с цветением *Anabaenopsis* sp. наиболее сильно отличаются от всех остальных.

4. Выводы

Таким образом, впервые получены данные о филогенетическом разнообразии планктонных сообществ про- и микроэукариот в разнотипных водоемах Волго-Донского бассейна в период цианобактериального цветения. Среди прокариот по числу последовательностей преобладают Cyanobacteria, Proteobacteria, Bacteroidota, Verrucomicrobiota, Planctomycetota и Actinobacteriota, а среди протистов - Ciliophora, Gyrysta (преимущественно, Chrysophyceae), Cryptista, Myzozoa and Amorphea. Вклады Proteobacteria (особенно, Burkholderiales и Pseudomonadales) и Actinobacteriota несколько снижаются, а Myzozoa, напротив, увеличиваются в условиях цветения. Монодоминантное цветение различных видов цианобактерий существенно меняет состав и структуру микробных сообществ. Наибольшим своеобразием отличается планктон водоема с цветением *Anabaenopsis* sp.

Благодарности

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-14-20005, <https://rscf.ru/project/23-14-20005/>.

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Список литературы

- Edgar R.C. 2010. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. *Bioinformatics* 26(19): 2460-2461. DOI: [10.1093/bioinformatics/btq461](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq461)
- Hugerth L.W., Muller E.E., Hu Y.O. et al. 2014. Systematic design of 18S rRNA gene primers for determining eukaryotic diversity in microbial consortia. *PloS one* 9(4): e95567. DOI: [10.1371/journal.pone.0095567](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0095567)
- Huisman J., Codd G.A., Paerl H.W. et al. 2018. Cyanobacterial blooms. *Nature Reviews Microbiology* 16(8): 471-483. DOI: [10.1038/s41579-018-0040-1](https://doi.org/10.1038/s41579-018-0040-1)
- Korneva L.G. 2015. Phytoplankton of Volga reservoirs. *Kostroma: Kostromskoy pechat-nyy dom.* (in Russian)
- Rozenberg G.S., Pautova V.N., Pospelov A.P. et al. 2006. Combined delineation of water bodies from the south-east part of the National Park "Samarskaya Luka". *Bulletin "Samarskaya Luka"* 18: 38-96. (in Russian)
- Walters W., Hyde E.R., Berg-Lyons D. et al. 2015. Improved bacterial 16S rRNA gene (V4 and V4-5) and fungal internal transcribed spacer marker gene primers for microbial community surveys. *mSystems* 1(1): e00009-15. DOI: [10.1128/mSystems.00009-15](https://doi.org/10.1128/mSystems.00009-15)
- Xu H., Liu W., Zhang S. et al. 2022. Cyanobacterial bloom intensities determine planktonic eukaryote community structure and stability. *Science of The Total Environment* 838: 156637. DOI: [10.1016/j.scitotenv.2022.156637](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.156637)
- Zhao K., Wang L., You Q. et al. 2022. Impact of cyanobacterial bloom intensity on plankton ecosystem functioning measured by eukaryotic phytoplankton and zooplankton indicators. *Ecological Indicators* 140: 109028. DOI: [10.1016/j.ecolind.2022.109028](https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2022.109028)
- Zharikov V.V., Gorbunov M.Yu., Bykova S.V. et al. 2009. Protists and bacteria of lakes of the Samara region. *Togliatti: Kassandra.* (in Russian)