



УДК 574.58:004

## СОВРЕМЕННЫЕ ТЕНДЕНЦИИ РАЗВИТИЯ БИОЛОГИИ ВОДНЫХ ЭКОСИСТЕМ

© 2017 г. **Е. В. Лихошвай**, д-р биол. наук, зав. отд.

Лимнологический институт Сибирского отделения РАН, г. Иркутск, Россия

E-mail: [likhoshway@mail.ru](mailto:likhoshway@mail.ru)

Поступила в редакцию 20.10.2017 г. Принята к публикации 18.12.2017 г.

Охарактеризованы новые направления океанологии, сформированные в последние несколько лет благодаря внедрению в практику современных методов получения и обработки данных. Это методы массового секвенирования, «омики» и биоинформационные методы хранения и анализа данных. Выявление биологически активных веществ в водной среде и результаты лабораторных экспериментов показывают, что существует молекулярное взаимодействие (сигналинг) как на уровне популяционных и межвидовых отношений между микроорганизмами, так и на уровне их трофических связей. «От молекул к экосистеме» — так охарактеризовано актуальное направление биологии морских экосистем. Объединение и анализ огромных массивов данных, включая полученные с помощью космических съёмки и «облачных» технологий, сформировали новое направление эоинформатики, которое применительно к водным экосистемам позволяет приблизиться к пониманию их структурно-функциональной организации в целом.

**Ключевые слова:** биология водных экосистем, «омики», большие данные, сигналинг

Гидросфера занимает около 70 % площади земного шара [5] и служит местом обитания различных организмов — от бактерий до китов, а также вирусов, в том числе бактериофагов. Развитие и применение современных методов сбора и анализа данных открыло огромное разнообразие водных микроорганизмов и позволило выявить связи как среди них, так и между микро- и макроскопическими организмами. Так, благодаря трансмиссионной электронной микроскопии открыт вириопланктон. Определено, что он влияет на многие биогеохимические и экологические процессы, включая цикл питания, дыхания и распределение веществ в различных звеньях экосистемы. Предложена новая схема структурно-функциональной организации водных экосистем с учётом полученных новых данных о роли вириопланктона [76]. Внедрение методов секвенирования нового поколения способствовало обнаружению массы неизвестных ранее бактерий [37] и вирусов, вместе с ними — новых генов и белков [52]. Создание баз данных и развитие биоинформационных методов анализа позволили выявить корреляционные связи между разными уровнями жизни гидросферы и определить степень их развития в зависимости от факторов окружающей среды. Особенностью водной среды как места обитания является не только возможность сосуществования различных организмов в одном объёме, но и возможность обмена информацией между ними посредством сигнальных молекул, влияющих на развитие и обилие гидробионтов. В настоящем обзоре в основном проанализированы работы последних лет с целью определения «точек роста» в области биологии морских экосистем.

## 1. Основные направления биологии морских экосистем

В последнее десятилетие мировой наукой сформулированы основные направления океанологии, которые предполагают замену редукционистских подходов *системными*. С учётом широкого охвата станций при отборе проб и благодаря развитию технической базы, успехам физических и химических наук, внедрению новых методов анализа данных (аналитических, молекулярно-биологических и информационных), стало возможным исследовать водные объекты не как совокупность отдельных организмов, обитающих в определённых условиях окружающей среды, а как *экосистему в целом*. Переход от изучения биологии отдельных организмов к *молекулярной экосистемной биологии* (molecular eco-systems biology), названный *революционным*, позволяет понять, как *функционируют* водные сообщества [53].

В текущем десятилетии сформировано несколько научных программ изучения морских экосистем. Одна из первых (2011 г.) — Tara Oceans — это новое направление *биологии морских экосистем* (marine eco-systems biology), которое предусматривает интеграцию источников информации путём сочетания полу- или полностью автоматизированных методов сбора данных, новых биоинформационных инструментов и стандартизированной организации данных. Прогнозировалось, что в результате выполнения программы высокопроизводительное секвенирование и количественный анализ изображений обеспечат получение информации для эволюционных и метаболических реконструкций и выявят существующие связи, на основе которых будут построены метаболические карты сообществ и сети между таксонами/генами, и в результате будут созданы собственно модели экосистем [40].

Для понимания того, каким образом взаимодействия между молекулами, клетками и организмами вызывают сложные биологические процессы, такие как деление клеток, рост, изменение поведения и формирование определённых экологических структур, выделены четыре основных подхода [41]:

- высокопроизводительные количественные методы анализа изображений, секвенирования («омики») и фенотипирования, ассоциированные с обработкой и хранением больших массивов данных;
- биохимические и физические методы получения данных для определения количественных параметров, характеризующих молекулы, клетки, группы клеток, организмы и популяции;
- теория сетей и биоинформатика для анализа крупномасштабных вычислительных представлений сложных систем;
- физические модели на основе комбинации статистической физики и физики мягкого тела.

В настоящее время системный подход позволяет объединить знания о структуре морских экосистем, о связях между различными водными организмами и о механизмах, их осуществляющих.

## 2. Метапопуляции микробных сообществ (микробиомы)

Применение методов высокопроизводительного секвенирования и биоинформационных методов анализа данных позволяет охарактеризовать *всё* микробное сообщество, а не только культивируемую его часть. Секвенирование ампликонов генов рибосомных 16S и 18S РНК позволяет выявить таксономическое богатство и разнообразие микроскопических про- и эукариотических организмов в анализируемых пробах, т. е. определить структуру *метапопуляции*. Далее на широком наборе проб, отобранных во временной динамике или при большом географическом охвате, с применением методов математической статистики определяются корреляционные связи между про- и эукариотическими организмами, между ними и факторами окружающей среды. Таким образом, появляется возможность перейти на следующий уровень познания экосистемы «от организмов — к ко-ассоциативным сетям». Использование этого подхода позволило показать, что корреляции между отдельными бактериальными таксонами намного сильнее, чем между бактериями и эукариотами или бактериями и факторами окружающей среды [22], а также выявить экологические связи морских бактерий, архей и протист [63].

На основе ко-ассоциативных сетей возможен переход на следующий уровень — построение *динамических моделей метапопуляций*, которые предсказывают изменение численности различных организмов в зависимости от изменений факторов окружающей среды [20].

### 3. Метаметаболом

*Полногеномное секвенирование* суммарной ДНК выявляет *весь* набор генов данной популяции. Для анализа больших наборов метагеномных данных и предсказания проходящих в популяции *метаболических процессов* предложен ряд вычислительных подходов: Model SEED platform [31], COBRA Toolbox [59], метод построения сетей PRMT (Predicted Relative Metabolomic Turnover) [43], Meta-Pathways [42]. Метод PRMT незаменим, по мнению разработчиков, в крупных проектах по мониторингу экосистем, в которых анализируются огромные массивы данных (metadata). Это не только упомянутая выше Tara Oceans, но и программы Global Ocean Survey, Hawaiian Ocean Time Series, Bermudan Ocean Time Series, the Long Term Ecological Research sites, NEON и the Earth Microbiome Project.

В 2014 г. на продолжающемся пути «перевода биологии в информационную науку» сконструированы базы данных ePGDBs (environmental pathway/genome databases) [27], которые позволяют на основе метагеномных данных устанавливать метаболические взаимодействия в отдельных микробиомах, в том числе при оценке качества вод [68]. Необходимость постановки и решения новых задач для биологии обуславливает постоянное развитие вычислительных методов для анализа метагеномных данных (см. обзор [28]).

Объединение подходов *метагеномики*, *метатранскриптомики* и *метаметабономики* даёт более полное представление о микробиоме [9]. Использование вместе ко-ассоциативных и метаболических сетей позволит глубже понимать скрытые механизмы, обеспечивающие стабильность и динамику микробных сообществ [16].

### 4. Метавирусом

Сравнительно недавно методом трансмиссионной микроскопии (ТЭМ) открыт новый важный компонент водных экосистем — вирусы [11]. Метод ТЭМ даёт возможность прямого подсчёта вирусных частиц с одновременным определением их морфологии. Водными вирусами оказались в основном бактериофаги с характерной морфологией «голова-хвост». Их концентрация в  $10^3$ – $10^7$  раз превышала концентрацию фагов, которую можно определить методом «бляшек» (путём посева проб на газон культивируемых бактерий). Помимо морских экотопов, где концентрация вирусных частиц варьирует от миллионов [3] до сотен миллионов [11] в одном мл, огромной численностью и разнообразием бактериофагов характеризуется также озеро Байкал [1]. Таким образом, выявлено *новое трофическое звено* в этой крупнейшей пресноводной экосистеме [2].

По общей оценке, в Мировом океане содержится  $10^{30}$  вирусных частиц [65], что составляет 200 мегатонн углерода [66]. Вирусы поражают все водные биологические объекты, и можно сказать, что им отведена важная роль в *глобальном круговороте биогенных элементов*. Введено понятие «*вирусный шунт*», через который может проходить до 25 % первичной продукции углерода океана [75]; предложена *новая структурно-функциональная модель водных экосистем*, согласно которой биогеохимические и экологические процессы, включая цикл питания, дыхания и распределение веществ в различных звеньях экосистемы, проходят «под контролем» вириопланктона [4, 76]. В 2014 г. коллектив океанологов и математиков [74] предложил *количественную мультитрофическую модель*, согласно которой вирусы в водных экосистемах приводят к: (1) усилению круговорота органического вещества; (2) уменьшению его переноса на более высокие трофические уровни; (3) увеличению общей первичной продукции.

Применение высокопроизводительных методов секвенирования существенно расширило представления о количестве, разнообразии и особенностях локального распределения вирусов. Так, проанализировав свыше 5 Тб данных метагеномного секвенирования из 3042 географически различных локализаций (морских, пресноводных, наземных экосистем, почвы, термальных источников, а также проб, собранных с растений, животных и человека), исследователи обнаружили свыше 125 000 частичных

DNA-вирусных геномов, при этом в 16 раз увеличилось количество известных вирусных генов. Половина этих геномов группировалась отдельно, а большинство геномов содержало гены, не относящиеся к какому-либо известным вирусам [52].

Известно, что после фаговой инфекции в геноме хозяина остаются последовательности CRISPR (clustered regularly interspaced short palindromic repeats), которые обеспечивают «иммунитет» к повторной инфекции тех же фагов. По их наличию в геноме бактерии можно заключить, что она была ранее инфицирована определённым фагом. Для автоматического сканирования последовательностей CRISPR написана программа CRISPRFinder, которая идентифицирует CRISPR и выделяет повторы и уникальные последовательности. С её помощью создана база данных (CRISPRdb), которая автоматически ежемесячно пополняется новыми опубликованными последовательностями геномов. Оказалось, что CRISPR обнаружены в 40 % бактерий и 90 % архей [23]. По мнению авторов, применение метагеномного анализа CRISPR открывает новые возможности на пути к всестороннему анализу вирус-микробных взаимодействий [34]. С использованием данных о CRISPR удвоено количество микробиальных филл, поражаемых вирусами, и идентифицированы вирусы, которые могут инфицировать организмы разных филл. Анализ распределения вирусов в разнообразных экосистемах показал высокую специфичность к месту обитания большинства из них, но выявил и космополитные группы вирусов [52].

В результате выполнения международных проектов, в том числе упомянутых выше, на большом количестве станций проведён метагеномный и информационный анализ вирома. Выявлены биогеографические структуры и показано, как вирусные сообщества пассивно переносятся океаническими течениями и локально структурируются условиями окружающей среды, где и воздействуют на сообщества «хозяина» [15]. Охарактеризован *глобальный океанический виром* (global ocean virome) и представлена карта Мирового океана с распределением 2-цепочечных ДНК-вирусов. Идентифицировано свыше 15 тыс. эпи- и мезопелагических популяций, которые составляют 867 вирусных кластеров, определённых до рода. Это примерно в три раза увеличило количество известных вирусных популяций в океане и удвоило число родов бактериальных и архейных вирусов. Две трети из выделенных кластеров представляют собой новые вирусы, не имеющие культивируемых представителей. Более того, идентифицировано 243 вирус-кодируемых дополнительных метаболических гена, из которых только 95 были известны ранее. Четыре из них могут при обилии вирусов напрямую управлять циклами серы и азота [56].

В 2016 г. в рамках проекта «Микробиом человека» (Human Microbiome Project) разработан биоинформационный инструмент ViromeScan, применение которого позволяет рассматривать сложные сообщества, содержащие бактерии, археи, эукариотические организмы и вирусы, т. е. *все домены жизни*. Этот инновационный метагеномный анализ, который характеризует таксономию вирома прямо из сырых данных NGS (next-generation sequencing), использует иерархические базы данных эукариотических вирусов для того, чтобы однозначно и более точно применять «чтения» (полученные в результате секвенирования последовательности) к вирусным видам. Он работает более чем в 1000 раз быстрее предыдущих продуктов [54]. Методы анализа вирусных геномов продолжают улучшаться: так, уже предложены подходы для сборки *полноразмерных* вирусных геномов [12].

В недавнем обзоре приведена схема анализа метасообществ прокариот и вирусов в целом с использованием NGS и биоинформационных методов [34]. Из микробного сообщества, минуя этап выделения и культивирования отдельных организмов, выделяют суммарную ДНК, затем полученную ДНК секвенируют с использованием современных высокопроизводительных методов, далее на основе референсных баз данных путём биоинформационного анализа получают представление о таксономическом составе микробного сообщества. Также реконструируют полные геномы, определяют варианты структуры геномов, устанавливают метаболические пути, которые могут проходить в данном сообществе, выстраивают сети межвидовых взаимодействий.

Таким образом, схема структурно-функциональной организации водных экосистем, предложенная в 2000 г. вместе с введением понятия «вириопланктон» [76], может быть актуализирована и наполнена фактическими данными.

## 5. Сигналинг в водных экосистемах

Сигналинг применительно к водным экосистемам рассматривается как обмен информацией между организмами посредством *сигнальных молекул* (infochemicals). В результате этого может происходить изменение активности и роста одних организмов под воздействием других. Посредством выделенных в водную среду веществ может осуществляться взаимодействие между разными группами микроскопических организмов:

- между *бактериями, бактериями и грибами*, обитающими в одних экологических нишах (см. обзор [60]), включая QS-эффект (quorum sensing), влияние на подвижность, экспрессию генов и устойчивость к антибиотикам;
- между *бактериями и микроводорослями* [10, 30, 62, 80], включая взаимодействия, приводящие к изменению плоидности водорослей [71];
- между *разными микроводорослями* [77], в том числе *цианобактериями и зелёными* [19];
- между *диатомеями и микрзоопланктоном — динофлагеллятами* [7, 79], *динофлагеллятами и цилиатами*, что изменяет динамику их роста и соотношение видов [44].

Взаимодействие продуцентов и консументов изучено наиболее подробно. В среде обитания первичные продуценты (прежде всего диатомеи, на долю которых приходится до 40 % первичной продукции Мирового океана [51, 69]) подвергаются прессингу со стороны консументов. По оценкам [61], от 49 до 77 % первичной продукции в океанах выедается микрзоопланктоном. Помимо жёстких панцирей, которые предохраняют диатомей от выедания [26], имеются и молекулярные механизмы защиты. Среди метаболитов диатомовых водорослей определены различные липиды, каротиноиды, стеролы и изопреноиды, токсины (см. обзор [64]).

Биологической активности и роли в окружающей среде *домоевой кислоты* (нейротоксина), выделяемой несколькими видами диатомовой водоросли *Pseudo-nitzschia*, посвящён обзор [78]. Согласно одной из гипотез, экологическая роль домоевой кислоты — быть детергентом (отпугивающим веществом) от выедания консументами [46]. Экспериментально показано, что в присутствии копепод токсичность потенциальной пищи — диатомеи *Pseudo-nitzschia seriata* [29, 67] — увеличивается даже без прямого контакта между организмами (при разделении мембраной) [67]. Большинство видов диатомей продуцируют по меньшей мере 2 класса оксипинов, полиненасыщенные альдегиды и нелетучие оксипиновы. Эти компоненты могут действовать как сдерживающий консументов фактор, нарушая их репродуктивный процесс [38], повышая смертность самок [21], уменьшая биомассу [14], повреждая ранние личиночные стадии развития (в экспериментах) [14, 17, 24, 57, 72].

В 2016 г. [45] впервые для микроводорослей выделены 16 новых оксипинов, которые вырабатываются в конце «цветения» диатомовых водорослей. Оказалось, что копепод-диатомовые взаимодействия сложнее: оксипиновы диатомей влияют не только на репродукцию копепод, но и на уровень экспрессии стрессовых белков (белков теплового шока, каталазы, глутатион-S-трансферазы, альдегиддегидрогеназы), обеспечивая тем самым ответную защитную реакцию консументов на молекулярном уровне. Недавно впервые показано [47], что летучие органические компоненты (VOCs, volatile organic compounds), выделяемые планктонными водорослями, могут восприниматься копеподами как сигнальные молекулы присутствия пищи, включая у них механизм хемотаксиса. Освобождающиеся VOC из бентосных диатомей, разрушенных в результате их поедания гастроподами, также воспринимаются как сигнал обнаружения пищи для других консументов [49].

Эти работы выявляют сложную природу сигналинга между растениями и животными, сосуществующими в водной среде.

## 6. Некоторые современные модели водных экосистем

Появились подходы, моделирующие «парадокс фитопланктона» — одновременное сосуществование в одной среде многих видов, в т. ч. токсичных и нетоксичных [18, 36]. Основой современных моделей является мультидисциплинарный подход. Так, рассмотрены, в частности, механизмы физико-

биолого-биогеохимических взаимодействий в мезомасштабе [48], механизмы, контролирующие размерные характеристики и функциональное разнообразие сообществ фитопланктона в зависимости от концентрации биогенных элементов, избирательного выедания [70] и осаднения фитопланктона [8], роль разнообразия фитопланктона в возникновении океанической стехиометрии [13].

Генерализованное понимание различных экосистем и входящих в их состав организмов может дать недавно разработанная *модель реакции популяции* (population-reaction model), включающая суборганизменный уровень (ткани, клетки, молекулы). Она может быть использована в различных экологических аспектах, таких как взаимодействие хищник — жертва, изменение климата, эволюция и стабильность разнообразия [35]. В данном случае наблюдается опережение предложений от информационных наук. Для наполнения такой модели требуется проведение широких системных биологических исследований, сопряжённых с получением океанологами и лимнологам разны́х специализаций гидрохимических и гидрофизических, молекулярно-биологических и биохимических данных.

**Заключение.** Развитие современной биологии водных экосистем продвигается по пути «от молекул — к экосистемам» [40]. Открываются всё новые данные о жизни микромира, позволяющие получить более широкое представление о его организации и функционировании. Наряду с фундаментальной значимостью прослеживаются и перспективы практического применения результатов исследований биологии водных экосистем.

Водоросли, в первую очередь диатомеи, могут быть рассмотрены, благодаря способности синтезировать жидкие липиды, как источники *биотоплива* [32, 33, 50, 55]. Исследователи также оценивают возможность их коммерческого применения [6, 73]. Некоторые группы органических продуктов диатомовых водорослей возможно использовать в качестве пищевых добавок, другие перспективны в нанотехнологии или медицине. Из диатомей можно выделить новые аттрактанты и детерренты, которые регулируют биохимические связи между видами в морской среде и могут быть практически использованы [64]. Интересно, что большинство новых для диатомей оксипиринов, которые были ранее описаны для наземных растений, в настоящее время исследуют в качестве лекарств для лечения заболеваний человека, вызванных патогенными организмами [45]. Отмечая прогресс в изучении микроводорослей и их значимость в прикладном аспекте, а также руководствуясь принципами синтетической биологии, предложено развивать *синтетическую биологию водорослей* [58]. Применение алгоритмов моделирования имеет важное практическое значение для *биотехнологии*, *биоэнергетики* и *биоремедиации*, т. к. позволяет целенаправленно создавать многовидовые микробные сообщества с определёнными функциями и прогнозируемым поведением [39]. Для получения новых знаний и их практического применения целесообразно использовать «облачные» технологии, позволяющие объединять и анализировать огромные массивы данных, собранных современными методами (от «омик» до космических съёмки). Таким образом, на стыке микробной экологии и информационных наук родилось новое направление *экоинформатики* [25].

*Работа подготовлена в рамках темы гос. задания Лимнологического института СО РАН № 0345-2016-0001 «Исследования эволюционных, экологических и молекулярно-биологических аспектов кремний-зависимых хромист как основных участников круговорота кремния в водных экосистемах».*

## СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ / REFERENCES

1. Дрюккер В. В., Дутова Н. В. Изучение морфологического разнообразия бактериофагов озера Байкал // *Доклады РАН*. 2006. Т. 410, № 6. С. 847–849. [Drucker V. V., Dutova N. V. Study on morphological diversity of bacteriophages in Lake Baikal. *Doklady RAN*, 2006, vol. 410, no. 6, pp. 847–849. (in Russ.)]. doi: [10.1134/S001249660605022X](https://doi.org/10.1134/S001249660605022X).
2. Дрюккер В. В., Дутова Н. В. Бактериофаги как новое трофическое звено в экосистеме глубоководного озера Байкал // *Доклады РАН*. 2009. Т. 427, № 2. С. 277–281.

- [Drucker V. V., Dutova N. V. Bacteriophages as a new trophic link in the ecosystem of the deep-water Lake Baikal. *Doklady RAN*, 2009, vol. 427, no. 2, pp. 277–281. (in Russ.)). doi: [10.1134/S0012496609040103](https://doi.org/10.1134/S0012496609040103).
3. Копылов А. И., Сажин А. Ф., Заботкина Е. А., Романенко А. В., Романова Н. Д., Макаревич П. Р., Венгер М. П. Вирусы, бактерии и гетеротрофные нанофлагелляты в планктоне моря Лаптевых // *Океанология*. 2016. Т. 56, № 6. С. 869–878. [Kopylov A. I., Sazhin A. F., Zabolotkina Ye. A., Romanenko A. V., Romanova N. D., Makarevich P. R., Venger M. P. Viruses, bacteria, and heterotrophic nanoflagellates in Laptev Sea plankton. *Okeanologiya*, 2016, vol. 56, no. 6, pp. 869–878. (in Russ.)). doi: [10.1134/S0001437016050052](https://doi.org/10.1134/S0001437016050052).
  4. Лихошвай Е. В. В каждой капле воды – вирусы! // *Наука из первых рук*. 2016. Т. 70, № 4. С. 88–94. [Likhoshvay Ye. V. V kazhdoj kaple vody – virusy! *Nauka iz pervykh ruk*, 2016, vol. 70, no. 4, pp. 88–94. (in Russ.)].
  5. Степановских А. С. *Экология. Учебник для вузов*. Москва : ЮНИТИ-ДАНА, 2001. 703 с. [Stepanovskikh A. S. *Ekologiya. Uchebnik dlya vuzov*. Moscow: YUNITI-DANA, 2001, 703 p. (in Russ.)].
  6. Чернова Н. И., Киселева С. В. Биотопливо из водорослей: технологии, продуктивность, перспективы // *Энергия: экономика. Техника, экология*. 2014. № 8. С. 24–32. [Chernova N. I., Kiseleva S. V. Biotoplivo iz vodoroslej: tekhnologii, produktivnost', perspektivy. *Energiya: ekonomika. Tekhnika, ekologiya*, 2014, no. 8, pp. 24–32. (in Russ.)].
  7. Accoroni S., Percopo I., Cerino F., Romagnoli T., Pichierrri S., Perrone C., Totti C. Allelopathic interactions between the HAB dinoflagellate *Ostreopsis* cf. *ovata* and macroalgae. *Harmful Algae*, 2015, vol. 49, pp. 147–155. doi: [10.1016/j.hal.2015.08.007](https://doi.org/10.1016/j.hal.2015.08.007).
  8. Acevedo-Trejos E., Brandt G., Bruggeman J., Merico A. Mechanisms shaping size structure and functional diversity of phytoplankton communities in the ocean. *Scientific Reports*, 2015, vol. 5, article no. 8918, pp. 1–8. doi: [10.1038/srep08918](https://doi.org/10.1038/srep08918).
  9. Aguiar-Pulido V., Huang W., Soares-Ulloa V., Cickovski T., Mathee K., Narasimhan G. Metagenomics, Metatranscriptomics, and Metabolomics Approaches for Microbiome Analysis. *Evolutionary Bioinformatics*, 2016, vol. 12, no. S1, pp. 5–16. doi: [10.4137/EBO.S36436](https://doi.org/10.4137/EBO.S36436).
  10. Amin S. A., Hmelo L. R., van Tol H. M., Durham B. P., Carlson L. T., Heal K. R., Morales R. L., Berrhiauume C. T., Parker M. S., Djunaedi B., Ingalls A. E., Parsek M. R., Moran M. A., Armbrust E. V. Interaction and signalling between a cosmopolitan phytoplankton and associated bacteria. *Nature*, 2015, vol. 522, pp. 98–101. doi: [10.1038/nature14488](https://doi.org/10.1038/nature14488).
  11. Bergh Ø., Borsheim K. Y., Bratbak G., Heldal M. High abundance of viruses found in aquatic environments. *Nature*, 1989, vol. 340, pp. 467–468. doi: [10.1038/340467a0](https://doi.org/10.1038/340467a0).
  12. Berthet N., Descorps-Declère S., Nkili-Meyong A. A., Nakouné E., Gessain A., Manuguerra J. C., Kazanji M. Improved assembly procedure of viral RNA genomes amplified with Phi29 polymerase from new generation sequencing data. *Biological Research*, 2016, vol. 49, pp. 39. doi: [10.1186/s40659-016-0099-y](https://doi.org/10.1186/s40659-016-0099-y).
  13. Bonachela J., Klausmeier C. A., Edwards K. F., Litchman E., Levin S. A. The role of phytoplankton diversity in the emergent oceanic stoichiometry. *Journal of Plankton Research*, 2016, vol. 38, no. 4, pp. 1021–1035. doi: [10.1093/plankt/fbv087](https://doi.org/10.1093/plankt/fbv087).
  14. Brugnano C., Granata A., Guglielmo L., Minutoli R., Zagami G., Ianora A. The deleterious effect of diatoms on the biomass and growth of early stages of their copepod grazers. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 2016, vol. 476, pp. 41–49. doi: [10.1016/j.jembe.2015.11.015](https://doi.org/10.1016/j.jembe.2015.11.015).
  15. Brum J. R., Ignacio-Espinoza J. C., Roux S., Doulier G., Acinas S. G., Alberti A., Chaffron S., Cruaud C., De Vargas C., Gasol J. M., Gorsky G., Gregory A. C., Guidi L., Hingamp P., Iudicone D., Not F., Ogata H., Pesant S., Poulos B. T., Schwenck S. M., Speich S., Dimier C., Kandels-Lewis S., Picheral M., Searson S., Tara Oceans Coordinators, Bork P., Bowler C., Sunagawa S.,

- Wincker P., Karsenti E., Sullivan M.B. Patterns and ecological drivers of ocean viral communities. *Science*, 2015, vol. 348, no. 6237, pp. 875. doi: [10.1126/science.1261498](https://doi.org/10.1126/science.1261498).
16. Cardona C., Weisenhorn P., Henry C., Gilbert J.A. Network-based metabolic analysis and microbial community modeling. *Current Opinion in Microbiology*, 2016, vol. 31, pp. 124–131. doi: [10.1016/j.mib.2016.03.008](https://doi.org/10.1016/j.mib.2016.03.008).
17. Castellano I., Ercolesi E., Romano G., Ianora A., Palumbo A. The diatom-derived aldehyde decadienal affects life cycle transition in the ascidian *Ciona intestinalis* through nitric oxide/ERK signaling. *Open Biology*, 2015, vol. 5, pp. 1–10. doi: [10.1098/rsob.140182](https://doi.org/10.1098/rsob.140182).
18. Chakraborty S., Ramesh A., Dutta P.S. Toxic phytoplankton as a keystone species in aquatic ecosystems- stable coexistence. *Oikos*, 2016, vol. 125, pp. 735–746. doi: [10.1111/oik.02322](https://doi.org/10.1111/oik.02322).
19. Chang X., Eigemann F., Hilt S. Do macrophytes support harmful cyanobacteria? Interactions with a green alga reverse the inhibiting effects of macrophyte allelochemicals on *Microcystis aeruginosa*. *Harmful Algae*, 2012, vol. 19, pp. 76–84. doi: [10.1016/j.hal.2012.06.002](https://doi.org/10.1016/j.hal.2012.06.002).
20. Dam P., Fonseca L.L., Konstantinidis K.T., Voit E.O. Dynamic models of the complex microbial metapopulation of lake Mendota. *Systems Biology and Applications*, 2016, vol. 2, pp. 1–7. doi: [10.1038/npjbsa.20167](https://doi.org/10.1038/npjbsa.20167).
21. Dhanker R., Molinero J.C., Kumar R., Tseng L.C., Ianora A., Hwang J.S. Responses of the estuarine copepod *Pseudodiaptomus annandalei* to diatom polyunsaturated aldehydes: Reproduction, survival and postembryonic development. *Harmful Algae*, 2015, vol. 43, pp. 74–81. doi: [10.1016/j.hal.2015.02.002](https://doi.org/10.1016/j.hal.2015.02.002).
22. Gilbert J.A., Steele J., Caporaso J.G., Steinbrück L., Reeder J., Huse S., McHardy A.C., Knight R., Joint I., Somerfield P., Fuhrman J.A., Field D. Defining seasonal marine microbial community dynamics. *ISME Journal*, 2012, vol. 6, pp. 298–308. doi: [10.1038/ismej.2011.107](https://doi.org/10.1038/ismej.2011.107).
23. Grissa I., Vergnaud G., Pourcel C. The CRISPRdb database and tools to display CRISPRs and to generate dictionaries of spacers and repeats. *BMC Bioinformatics*, 2007, vol. 8, pp. 172. doi: [10.1186/1471-2105-8-172](https://doi.org/10.1186/1471-2105-8-172).
24. Gudimova E., Eilertsen H.C., Jørgensen T.Ø., Hansen E. *In vivo* exposure to northern diatoms arrests sea urchin embryonic development. *Toxicon*, 2016, vol. 109, pp. 63–69. doi: [10.1016/j.toxicon.2015.11.001](https://doi.org/10.1016/j.toxicon.2015.11.001).
25. Hahn A.S., Konwar K.M., Louca S., Hanson N.W., Hallam S.J. The information science of microbial ecology. *Current Opinion in Microbiology*, 2016, vol. 31, pp. 209–216. doi: [10.1016/j.mib.2016.04.014](https://doi.org/10.1016/j.mib.2016.04.014).
26. Hamm C.E., Merkel R., Springer O., Jurkojc P., Maier C., Prechtel K., Smetacek V. Architecture and material properties of diatom shells provide effective mechanical protection. *Nature*, 2003, vol. 421, pp. 841–843. doi: [10.1038/nature01416](https://doi.org/10.1038/nature01416).
27. Hanson N.W., Konwar K.M., Hawley A.K., Altman T., Karp P.D., Hallam S.J. Metabolic pathways for the whole community. *BMC Genomics*, 2014, vol. 15, pp. 619. doi: [10.1186/1471-2164-15-619](https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-619).
28. Hanson N.W., Konwar K.M., Wu S.J., Hallam S.J. Introduction to the analysis of environmental sequence information using metapathways. In: *Computational Methods for Next Generation Sequencing Data Analysis*. I. Măndoiu, A. Zelikovsky (Eds.). Hoboken, NJ, USA: John Wiley & Sons, Inc., 2016, ch. 2, pp. 25–56. doi: [10.1002/9781119272182.ch2](https://doi.org/10.1002/9781119272182.ch2).
29. Harðardóttir S., Pančić M., Tammilehto A., Krock B., Møller E.F., Nielsen T.G., Lundholm N. Dangerous relations in the Arctic marine food web: interactions between toxin producing *Pseudo-nitzschia* diatoms and *Calanus* copepodites. *Marine Drugs*, 2015, vol. 13, pp. 3809–3835. doi: [10.3390/md13063809](https://doi.org/10.3390/md13063809).
30. Harvey E.L., Deering R.W., Rowley D.C., El Gamal A., Schorn M., Moore B.S., Johnson M.D., Mincer T.J., Whalen K.E. A Bacterial Quorum-Sensing Precursor Induces Mortality in the Marine Coccolithophore. *Frontiers in Microbiology*, 2015, vol. 7, pp. 59. doi: [10.3389/fmicb.2016.00059](https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00059).
31. Henry C.S., DeJongh M., Best A.A., Frybarger P.M., Linsay B., Stevens R.L. High-throughput generation, optimization and analysis of genome-scale metabolic models.

- Nature Biotechnology*, 2010, vol. 28, no. 9, pp. 977–984. doi: [10.1038/nbt.1672](https://doi.org/10.1038/nbt.1672).
32. Hildebrand M., Davis A.K., Smith S.R., Traller J.C., Abbriano R. The place of diatoms in the biofuels industry. *Biofuels*, 2012, vol. 3, no. 2, pp. 221–240. doi: [10.4155/bfs.11.157](https://doi.org/10.4155/bfs.11.157).
33. Hildebrand M., Abbriano R.M., Polle J.E.W., Traller J.C., Tretacoste E.M., Smith S.R., Davis A.K. Metabolic and cellular organization in evolutionarily diverse microalgae as related to biofuels production. *Current Opinion in Chemical Biology*, 2013, vol. 17, pp. 506–514. doi: [10.1016/j.cbpa.2013.02.027](https://doi.org/10.1016/j.cbpa.2013.02.027).
34. Hiraoka S., Yang C.C., Iwasaki W. Metagenomics and Bioinformatics in Microbial Ecology: Current Status and Beyond. *Microbes and Environments*, 2016, vol. 31, no. 3, pp. 204–212. doi: [10.1264/jisme2.ME16024](https://doi.org/10.1264/jisme2.ME16024).
35. Hosoda K., Kadowaki K., Nakamura Y. Population–reaction model and microbial experimental ecosystems for understanding hierarchical dynamics of ecosystems. *Biosystems*, 2016, vol. 140, pp. 28–34. doi: [10.1016/j.biosystems.2015.12.005](https://doi.org/10.1016/j.biosystems.2015.12.005).
36. Huang W., de Araujo Campos P.R., de Olliveira V.M., Ferreira F.F. A resource-based game theoretical approach for the paradox of the plankton. *PeerJ*, 2016, vol. 4, pp. e2329. doi: [10.7717/peerj.2329](https://doi.org/10.7717/peerj.2329).
37. Hug L.A., Baker B.J., Anantharaman K., Brown C.T., Probst A.J., Castelle C.J., Butterfield C.N., Hermsdorf A.W., Amano Y., Ise K., Suzuki Y., Dudek N., Relman D.A., Finstad K.M., Amundson R., Thomas B.C., Banfield J.F. A new view of the tree of life. *Nature Microbiology*, 2016, vol. 1, article no. 16048. doi: [10.1038/nmicrobiol.2016.48](https://doi.org/10.1038/nmicrobiol.2016.48).
38. Ianora A., Bastianini M., Carotenuto Y., Casotti R., Roncalli V., Miralto A., Romano G., Gerech A., Fontana A., Turner J.T. Non-volatile oxylipins can render some diatom blooms more toxic for copepod reproduction. *Harmful Algae*, 2015, vol. 44, pp. 1–7. doi: [10.1016/j.hal.2015.02.003](https://doi.org/10.1016/j.hal.2015.02.003).
39. Johns N.I., Blazejewski T., Gomes A.L.C. Principles for designing synthetic microbial communities. *Current Opinion in Microbiology*, 2016, vol. 31, pp. 146–153. doi: [10.1016/j.mib.2016.03.010](https://doi.org/10.1016/j.mib.2016.03.010).
40. Karsenti E., Acinas S.G., Bork P., Bowler C., De Vargas C., Raes J., Sullivan M., Arendt D., Benzoni F., Claverie J.M., Follows M., Gorsky G., Hingamp P., Iudicone D., Jaillon O., Kandels-Lewis S., Krzic U., Not F., Ogata H., Pesant S., Reynaud E.G., Sardet C., Sieracki M.E., Speich S., Velayoudon D., Weissenbach J., Wincker P., Tara Oceans Consortium. A Holistic Approach to Marine Eco-Systems Biology. *PLOS Biology*, 2011, vol. 9, no. 10, pp. e1001177. doi: [10.1371/journal.pbio.1001177](https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001177).
41. Karsenti E. Towards an ‘Oceans Systems Biology’. *Molecular Systems Biology*, 2012, vol. 8, pp. 575. doi: [10.1038/msb.2012.8](https://doi.org/10.1038/msb.2012.8).
42. Konwar K.M., Hanson M.W., Bhatia M.P., Kim D., Wu S.J., Hahn A.S., Morgan-Lang C., Cheung H.K., Hallam S.J. MetaPathways v2.5: quantitative functional, taxonomic and usability improvements. *Bioinformatics*, 2015, vol. 31, no. 20, pp. 3345–3347. doi: [10.1093/bioinformatics/btv361](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv361).
43. Larsen P.E., Collart F.R., Field D., Meyer F., Keegan K.P., McGrath J., Quinn J., Gilbert J.A. Predicted Relative Metabolomic Turnover (PRMT): determining metabolic turnover from a coastal marine metagenomic dataset. *Microbial Informatics and Experimentation*, 2011, vol. 1, pp. 4. doi: [10.1186/2042-5783-1-4](https://doi.org/10.1186/2042-5783-1-4).
44. Lavrentyev P.J., Franze G., Pierson J.J., Stoecker D.K. The Effect of Dissolved Polyunsaturated Aldehydes on Microzooplankton Growth Rates in the Chesapeake Bay and Atlantic Coastal Waters. *Marine Drugs*, 2015, vol. 13, pp. 2834–2856. doi: [10.3390/md13052834](https://doi.org/10.3390/md13052834).
45. Lauritano C., Romano G., Roncalli V., Amoresano A., Fontanarosa C., Bastianini M., Braga F., Carotenuto Y., Ianora A. New oxylipins produced at the end of a diatom bloom and their effects on copepod reproductive success and gene expression levels. *Harmful Algae*, 2016, vol. 55, pp. 221–229. doi: [10.1016/j.hal.2016.03.015](https://doi.org/10.1016/j.hal.2016.03.015).
46. Lincoln J.A., Turner J.T., Bates S.S., Léger C., Gauthier D. Feeding, egg production and egg hatching success of the copepods *Acartia tonsa*

- and *Temora longicornis* on diets of the toxic diatom *Pseudo-nitzschia multiseries* and the non-toxic diatom *Pseudo-nitzschia pungens*. *Hydrobiologia*, 2001, vol. 453, pp. 107–120.
47. Maibam C., Fink P., Romano G., Buia M. C., Butera E., Zupo V. *Centropages typicus* (Crustacea, Copepoda) reacts to volatile compounds produced by planktonic algae. *Marine Ecology*, 2015, vol. 36, pp. 819–834. doi: [10.1111/maec.12254](https://doi.org/10.1111/maec.12254).
48. McGillicuddy D. J. Mechanisms of Physical-Biological-Biogeochemical Interaction at the Oceanic Mesoscale. *Annual Review of Marine Science*, 2015, vol. 8, pp. 13.1–13.36. doi: [10.1146/annurev-marine-010814-015606](https://doi.org/10.1146/annurev-marine-010814-015606).
49. Moelzner J., Fink P. Gastropod grazing on a benthic alga leads to liberation of food-finding infochemicals. *Oikos*, 2015, vol. 124, pp. 1603–1608. doi: [10.1111/oik.02069](https://doi.org/10.1111/oik.02069).
50. Mujeeb M. A., Vedamurthy A. B., Shivasharana C. T. Current strategies and prospects of biodiesel production: A review. *Applied Scientific Research*, 2016, vol. 7, no. 1, pp. 120–133.
51. Nelson D. M., Tréguer P., Brzezinski M. A., Leynaert A., Quéguiner B. Production and dissolution of biogenic silica in the ocean. Revised global estimates, comparison with regional data and relationship to biogenic sedimentation. *Global Biogeochemical Cycles*, 1995, vol. 9, pp. 359–372. doi: [10.1029/95GB01070](https://doi.org/10.1029/95GB01070).
52. Paez-Espino D., Eloie-Fadrosch E. A., Pavlopoulos G. A., Thomas A. D., Huntemann M., Mikhailova N., Rubin E., Ivanova N. N., Kyripides N. C. Uncovering earth's virome. *Nature*, 2016, vol. 536, pp. 425–430. doi: [doi:10.1038/nature19094](https://doi.org/10.1038/nature19094).
53. Raes J., Bork P. Molecular eco-systems biology: towards an understanding of community function. *Nature Reviews Microbiology*, 2008, vol. 6, pp. 693–699. doi: [10.1038/nrmicro1935](https://doi.org/10.1038/nrmicro1935).
54. Rampelli S., Soverini M., Turrone S., Quercia S., Biazzi E., Briqidi P., Candela M. ViromeScan: a new tool for metagenomic viral community profiling. *BMC Genomics*, 2016, vol. 17, pp. 165. doi: [10.1186/s12864-016-2446-3](https://doi.org/10.1186/s12864-016-2446-3).
55. Rocca S., Agostini A., Giuntoli J., Marelli L. *Biofuels from algae: technology options, energy balance and GHG emissions Insights from a literature review*. European Commission, 2015, 89 p. (JRC Science for Policy Report; no. 98760). doi: [10.2790/125847](https://doi.org/10.2790/125847).
56. Roux S., Hawley A. K., Beltran M. T., Scofield M., Schwientek P., Stepanauskas R., Woyke T., Hallam S. J., Sullivan M. B. Ecology and evolution of viruses infecting uncultivated SUP05 bacteria as revealed by single-cell- and meta-genomics. *Elife*, 2016, vol. 3, pp. e03125. doi: [10.7554/eLife.03125](https://doi.org/10.7554/eLife.03125).
57. Ruocco N., Varrella S., Romano G., Ianora A., Bentley M. G., Somma D., Leonardi A., Mellone S., Zuppa A., Costantini M. Diatom-derived oxylipins induce cell death in sea urchin embryos activating caspase-8 and caspase 3/7. *Aquatic Toxicology*, 2016, vol. 176, pp. 128–140. doi: [10.1016/j.aquatox.2016.04.012](https://doi.org/10.1016/j.aquatox.2016.04.012).
58. Scaife M. A., Smith A. G. Towards developing algal synthetic biology. *Biochemical Society Transactions*, 2016, vol. 44, pp. 716–722. doi: [10.1042/BST20160061](https://doi.org/10.1042/BST20160061).
59. Schellenberger J., Que R., Fleming R. M. T., Thiele I., Orth J. D., Feist A. M., Zielinski D. C., Bordbar A., Lewis N. E., Rahmanian S., Kang J., Hyduke D. R., Palsson B. Ø. Quantitative prediction of cellular metabolism with constraint-based models: the COBRA Toolbox v2.0. *Nature Protocols*, 2011, vol. 6, no. 9, pp. 1290–1307. doi: [10.1038/nprot.2011.308](https://doi.org/10.1038/nprot.2011.308).
60. Schmidt R., Cordovez V., de Boer W., Raaijmakers J. Volatile affairs in microbial interactions. *The ISME Journal*, 2015, vol. 9, pp. 2329–2335. doi: [10.1038/ismej.2015.42](https://doi.org/10.1038/ismej.2015.42).
61. Schmoker C., Hernandez-Leon S., Calbet A. Microzooplankton grazing in the oceans: impacts, data variability, knowledge gaps and future directions. *Journal of Plankton Research*, 2013, vol. 35, no. 4, pp. 691–706. doi: [10.1093/plankt/fbt023](https://doi.org/10.1093/plankt/fbt023).
62. Smriga S., Fernandez V. I., Mitchell J. G., Stocker R. Chemotaxis toward phytoplankton drives organic matter partitioning among marine bacteria. *PNAS*, 2016, vol. 113, no. 6, pp. 1576–1581. doi: [10.1073/pnas.1512307113](https://doi.org/10.1073/pnas.1512307113).
63. Steele J. A., Countway P. D., Xia L., Vigil P. D., Beman J. M., Kim D. Y., Chow C. E. T.,

- Sachdeva R., Jones A. C., Schwalbach M. S., Rose J. M., Hewson I., Patel A., Sun F., Caron D. A., Fuhrman J. A. Marine bacterial, archaeal and protistan association networks reveal ecological linkages. *ISME Journal*, 2011, vol. 5, pp. 1414–1425. doi: [10.1038/ismej.2011.24](https://doi.org/10.1038/ismej.2011.24).
64. Stonik V., Stonik I. Low-Molecular-Weight Metabolites from Diatoms: Structures, Biological Roles and Biosynthesis. *Marine Drugs*, 2015, vol. 13, pp. 3672–3709. doi: [10.3390/md13063672](https://doi.org/10.3390/md13063672).
65. Suttle C. A. Marine viruses – major players in the global ecosystem. *Nature Reviews Microbiology*, 2007, vol. 5, pp. 801–812. doi: [10.1038/nrmicro1750](https://doi.org/10.1038/nrmicro1750)
66. Suttle C. A. Viruses: unlocking the greatest biodiversity on Earth. *Genome*, 2013, vol. 56, pp. 542–544. doi: [10.1139/gen-2013-0152](https://doi.org/10.1139/gen-2013-0152).
67. Tammilehto A., Nielsen T. G., Krock B., Møller E. F., Lundholm N. Induction of domoic acid production in the toxic diatom *Pseudo-nitzschia seriata* by calanoid copepods. *Aquatic Toxicology*, 2015, vol. 159, pp. 52–61. doi: [10.1016/j.aquatox.2014.11.026](https://doi.org/10.1016/j.aquatox.2014.11.026).
68. Tan B., Ng C., Nshimiyimana J. P., Loh L. L., Gin K. Y. H., Thompson J. R. Next-generation sequencing (NGS) for assessment of microbial water quality: current progress, challenges, and future opportunities. *Frontiers in Microbiology*, 2015, vol. 6, pp. 1027. doi: [10.3389/fmicb.2015.01027](https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01027).
69. Tréguer P., Nelson D. M., Van Bennekom A. J., Demaster D. J., Leynaert A., Quéquiner B. The balance of silica in the world ocean: a reestimate. *Science*, 1995, vol. 268, no. 5209, pp. 375–379.
70. Valina S. M., Follows M. J., Dutkewicz S., Montoya J. M., Cermeno P., Loreau M. Global relationship between phytoplankton diversity and productivity in the ocean. *Nature Communications*, 2014, vol. 5, pp. 4299. doi: [10.1038/ncomms5299](https://doi.org/10.1038/ncomms5299).
71. Van Tol H. M., Amin S. A., Armbrust E. V. Ubiquitous marine bacterium inhibits diatom cell division. *ISME Journal*, 2017, vol. 11, no. 1, pp. 31–42. doi: [10.1038/ismej.2016.112](https://doi.org/10.1038/ismej.2016.112).
72. Varrella S., Romano G., Costantini S., Ruocco N., Ianora A., Bentley M. G. Toxic Diatom Aldehydes Affect Defence Gene Networks in Sea Urchins. *PLoS ONE*, 2016, vol. 11, no. 2, pp. e0149734. doi: [10.1371/journal.pone.0149734](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0149734).
73. Wang J.-K., Seibert M. Prospects for commercial production of diatoms. *Biotechnology for Biofuels*, 2016, vol. 10, no. 16, pp. 1–16. doi: [10.1186/s13068-017-0699-y](https://doi.org/10.1186/s13068-017-0699-y).
74. Weitz J. S., Stock C. A., Wilhelm S. W., Bourouiba L., Coleman M. L., Buchan A., Follows M. J., Fuhrman J. A., Jover L. F., Lennon J. T., Middelboe M., Sonderegger D. L., Suttle C. A., Taylor B. P., Thingstad T. F., Wilson W. H., Wommack K. E. A multitrophic model to quantify the effects of marine viruses on microbial food webs and ecosystem processes. *ISME Journal*, 2015, vol. 9, no. 6, pp. 1352–1364. doi: [10.1038/ismej.2014.220](https://doi.org/10.1038/ismej.2014.220).
75. Wilhelm S. W., Suttle C. A. Viruses and nutrient cycles in the sea. *BioScience*, 1999, vol. 49, no. 10, pp. 781–788. doi: [10.2307/1313569](https://doi.org/10.2307/1313569).
76. Wommack K. E., Colwell R. R. Virioplankton: viruses in aquatic ecosystems. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2000, vol. 64, no. 1, pp. 69–114. doi: [10.1128/MMBR.64.1.69-114.2000](https://doi.org/10.1128/MMBR.64.1.69-114.2000).
77. Yang Y., Liu Q., Chai Z., Tang Y. Inhibition of marine coastal bloom-forming phytoplankton by commercially cultivated *Gracilaria lemaneiformis* (Rhodophyta). *Journal of Applied Physiology*, 2015, vol. 27, pp. 2341–2352. doi: [10.1007/s10811-014-0486-0](https://doi.org/10.1007/s10811-014-0486-0).
78. Zabaglo K., Chrapusta E., Bober B., Kaminski A., Adamski M., Bialczyk J. Environmental roles and biological activity of domoic acid: a review. *Algal Research*, 2016, vol. 13, pp. 94–101. doi: [10.1016/j.algal.2015.11.020](https://doi.org/10.1016/j.algal.2015.11.020).
79. Zheng J. W., Li D. W., Lu Y., Chen J., Liang J. J., Zhang L., Yang W. D., Liu J. S., Lu S. H., Li H. Y. Molecular exploration of algal interaction between the diatom *Phaeodactylum tricornutum* and the dinoflagellate. *Algal Research*, 2016, vol. 17, pp. 132–141. doi: [10.1016/j.algal.2016.04.019](https://doi.org/10.1016/j.algal.2016.04.019).
80. Zhou J., Lyu Y., Richlen M. L., Anderson D. M., Cai Z. Quorum Sensing Is a Language

of Chemical Signals and Plays an Ecological Role in Algal Bacterial Interactions. *Critical Reviews in Plant Sciences*,

2016, vol. 35, no. 2, pp. 81–105. doi: [10.1080/07352689.2016.1172461](https://doi.org/10.1080/07352689.2016.1172461).

## ACTUAL TRENDS IN WATER ECOSYSTEM BIOLOGY DEVELOPMENT

**Ye. V. Likhoshway**

Limnological Institute, Siberian Branch, Russian Academy of Sciences, Irkutsk, Russian Federation

E-mail: [likhoshway@mail.ru](mailto:likhoshway@mail.ru)

This synopsis characterizes new trends in oceanology arising for the last some years as a result of practical application of actual methods in data obtaining and processing. First of all, these are methods of massive parallel sequencing, “-omics” and bioinformatics methods of data storage and analysis. Identifying biologically active substances in water environment and results of laboratory-based experiments show the existence of molecular signal transduction both at the level of population and interspecies relations between microorganisms and at the level of their trophic connections. “From molecules to ecosystem” – is an actual trend in biology of marine ecosystems. Unification and analysis of large databases including space imagery and “cloud” technologies created a new trend of research in ecoinformatics; this allows to understand structural-functional organization of water ecosystems as a whole.

**Keywords:** oceans systems biology, “-omics”, big data, signaling