

## Определение систематического положения трех видов культивируемых протистов из озера Байкал

*Саранчина Александра Евгеньевна*

*Студент (магистр)*

Иркутский государственный университет, Биолого-почвенный факультет, Иркутск,  
Россия

*E-mail: alexandra147801@gmail.com*

Озеро Байкал - уникальное пресноводное озеро, не имеющих аналогов в мире. Одним из основных биотических факторов, обеспечивающих его уникальность, являются планктонные сообщества. В силу большого разнообразия и экстремальных характеристик местообитания байкальские микроорганизмы могут являться источником новых потенциальных биологически активных соединений [4]. Следует отметить, что для подробного изучения и воспроизведения нужных соединений необходимы монокультуры изучаемых организмов.

Цель исследования: определить систематическое положение трех культивируемых протистов, собранных из озера Байкал, с помощью анализа последовательностей гена 18S рРНК.

Проба планктона была отобрана в озере Байкал в проливе Ольхонские Ворота. В лаборатории из данной пробы удалось получить три монокультуры низших эукариот, адаптированных к искусственной среде. Первоначальный морфологический анализ определил принадлежность культур к группе Немимастигорофа, к виду *Paraphysomonas vestita* и классу Chrysophyceae. Чтобы уточнить эти предположения, мы сделали генетический анализ всех трех монокультур по участку гена 18S рРНК. Для этого использовали следующие методы: выделение геномной ДНК с помощью коммерческого набора, постановка ПЦР, очистка полученного ПЦР-продукта, а также секвенирование по Сэнгеру. Конечная длина проанализированных последовательностей составила от 442 до 507 п.н. С помощью инструмента NCBI BLAST были найдены схожие последовательности. Дальнейший биоинформатический анализ проводился в программах UGENE, IQ-TREE, iTOL.

Согласно результатам анализа с помощью NCBI BLAST, первая культура (схожая по морфологии с группой Немимастигорофа) имеет больше всего сходства с родом Cyclidium (Ciliophora). Филогенетическое древо, включающее данную пробу, несколько схожих последовательностей из базы данных NCBI, а также внешние группы *Uronema marinum*, *Paranophrys magna* [2] и *Hemimastix kukwesjijk*, подтверждает эту гипотезу.

Вторая культура (предположительно *Paraphysomonas vestita*) действительно показала наилучшее сходство с родом *Paraphysomonas*. На филогенетическом древе данная культура оказалась в одной кладе с такими видами, как *Paraphysomonas foraminifera*, *Paraphysomonas vestita* и *Paraphysomonas* sp. При добавлении в анализ последовательностей других представителей Paraphysomonadida [3] было выявлено, что полученная нами культура относится к кладе D рода *Paraphysomonas*.

Последняя монокультура, предположительно принадлежавшая к классу Chrysophyceae, оказалась близка к роду *Spongomonas* (Cercozoa). Представители класса Chrysophyceae на древе, в которое включены также представители разных групп Cercozoa [1] представляют собой внешнюю группу для *Spongomonas* и нашей пробы.

По результатам секвенирования трех байкальских монокультур простейших эукариот по участку гена 18S рРНК удалось установить принадлежность культур к родам *Cyclidium*, *Paraphysomonas* и *Spongomonas*.

Образцы культур любезно предоставлены к.б.н. А.И. Таничевым.

### Источники и литература

- 1) 1.Howe A. T. et al. Novel cultured protists identify deep-branching environmental DNA clades of Cercozoa: new genera Tremula, Micrometopion, Minimassistertia, Nudifila, Peregrinia //Protist. – 2011. – Т. 162. – №. 2. – С. 332-372.
- 2) 2.Pan X. et al. One freshwater species of the genus Cyclidium, Cyclidium sinicum spec. nov. (Protozoa; Ciliophora), with an improved diagnosis of the genus Cyclidium //International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. – 2017. – Т. 67. – №. 3. – С. 557-564.
- 3) 3.Scoble J. M., Cavalier-Smith T. Scale evolution in Paraphysomonadida (Chrysophyceae): sequence phylogeny and revised taxonomy of Paraphysomonas, new genus Clathromonas, and 25 new species //European journal of protistology. – 2014. – Т. 50. – №. 5. – С. 551-592.
- 4) 4.Zemskaya T. I. et al. Microorganisms of Lake Baikal—the deepest and most ancient lake on Earth // Applied Microbiology and Biotechnology. – 2020. – Т. 104. – № 14. – С. 6079–6090.