

**Оценка филогенетического родства и разграничение видов рода
Klebsormidium (Streptophyta)****Научный руководитель – Темралеева Анна Дисенгалиевна****Портная Елена Анатольевна***Выпускник (специалист)*Институт физико-химических и биологических проблем почвоведения РАН, Пущино,
Россия*E-mail: balandossa@mail.ru*

Klebsormidium - это род нитчатых харофитовых водорослей, который имеет повсеместное распространение и встречается в очень широком диапазоне пресноводных, морских и наземных местообитаний. В настоящее время род насчитывает 20 видов, но приняты таксономически только 17 [4]. Однако в GenBank есть нуклеотидные последовательности только для 8 видов рода. Из-за высокой морфологической однородности и экологической пластичности водоросль представляет сложный в плане идентификации и систематики таксон, в котором филогенетические отношения все еще плохо изучены. В Альгологической коллекции ACSSI [3] имеется два представителя рода *Klebsormidium* — штаммы ACSSI 009 из каштановой почвы Волгоградской области (Россия) и ACSSI 187 из урбаногема г. Гомель (Белоруссия). По данным световой микроскопии они были идентифицированы как *Klebsormidium flaccidum* и *K. elegans* (= *K. bilatum*). По результатам анализа гена 18S рРНК данные штаммы принадлежат кладе *Klebsormidium*, внутри которой не наблюдалось кластеризации. Следовательно, ген 18S рРНК не способен разделить виды внутри рода и необходим более варибельный молекулярный маркер для усиления филогенетического сигнала. С этой целью мы проанализировали первичную структуру спейсера ITS2 и построили дерево методом максимального правдоподобия, на котором с высокой статистической поддержкой обособились 4 клады «*K. dissectum* / *K. nitens* / *K. fluitans* / *K. subtile*», «*K. flaccidum*», «*K. elegans*» и «*K. crenulatum* / *K. mucosum*». Тем не менее, даже более варибельный маркер ITS2 для данной группы водорослей оказался неспособным разделить все описанные виды. Поэтому мы проанализировали вторичную структуру ITS2 в соответствии с концепцией разграничения видов А. Колеман [1, 2]. Обнаружено, что ITS2 ACSSI 009 имел длину 224 н., а ACSSI 187 - 226 н. Оба имели четырехшпильчатую структуру, вторая шпилька содержала U-U мисматч, третья была самая длинная и включала консервативный мотив GGUAGA на верхушке, все шпильки не имели боковых петель. Внутри клад «*K. flaccidum*» и «*K. elegans*» компенсаторных замен не обнаружено, междукладами была найдена 1 компенсаторная замена в первой шпильке ITS2, которая не учитывается при разграничении видов. Таким образом, использование СВС-критерия для разграничения этих близкородственных видов было unsuccessful. Однако, отметим, что только два вида *Klebsormidium* имели интроны в гене 18S рРНК: *K. nitens* длиной 525 н. и *K. subtile* длиной 377 н. Предположено, что наличие/отсутствие интрона может служить доказательством самостоятельности вида. В целом, концепция рода *Klebsormidium* до сих пор не сформулирована, и в настоящее время невозможно определить, какие морфологические, экологические, ультраструктурные признаки следует считать филогенетически значимыми. Необходим поиск новых молекулярных маркеров, а также использование комбинации молекулярно-генетических, морфологических, биохимических, физиологических и экологических признаков для разработки системы рода (полифазный подход).

Источники и литература

- 1) Coleman A.W. The Significance of a coincidence between evolutionary landmarks found in mating affinity and a DNA sequence // Protist. 2000. V. 151. No. 1. P. 1-9.
- 2) Coleman A.W. Is there a molecular key to the level of “biological species” in eukaryotes? A DNA guide // Molecular Phylogenetics and Evolution. 2009. V. 50. No. 1. P. 197-203.
- 3) Альгологическая коллекция ИФХиБПП РАН – Algal Collection of Soil Science Institute (ACSSI): <http://acssi.org/index.php>
- 4) AlgaeBase / Guiry M.D. & Guiry G.M. World-wide electronic publication, National University of Ireland, Galway, 2020: <https://www.algaebase.org>