Секция 2.

Генетика, эволюция и филогения

УДК 575.8:582.26 *Генетика, эволюция и филогения*

Идентификация с помощью молекулярно-генетических методов некоторых родов семейства Thalassiosiraceae

Molecular genetic identification of some diatom genera of the family Thalassiosiraceae

Качур Д.И.[1], Шульгина М.А.[1,2]

Diana I. Kachur, Mariia A. Shulgina

[1]Национальный научный центр морской биологии имени А.В. Жирмунского – ННЦМБ ДВО РАН (Владивосток, Россия)
[2]Научно-образовательный комплекс «Приморский океанариум» – филиал ННЦМБ ДВО имени А.В. Жирмунского ДВО РАН (Владивосток, Россия)

В нашей работе представлен молекулярно-генетический анализ диатомовых водорослей родов *Minidiscus* и *Mediolabrus*, относящихся к семейству Thalassiosiracea, отобранных на побережье Японского моря Дальнего Востока России. В ходе исследования рассматривается сложность идентификации двух рассматриваемых родов и анализ полученных данных.

Ключевые слова: диатомовые водоросли; Thalassiosiraceae; филогения; Японское море

Диатомовые водоросли родов *Minidiscus* и *Mediolabrus*, относящиеся к семейству Thalassiosiraceae, распространены по всему миру, как в прибрежных водах, так и по всей океанической толще воды. Плотность клеток данных микроводорослей может быть очень высокой и составлять более миллиона клеток на литр, вызывая так называемое «цветение».

Идентификация видов, диаметр клеток которых составляет 5 мкм и менее, зачастую затруднена из-за сложности и трудоемкости определения их видовой принадлежности (Kaczmarska et al., 2009). Несмотря на быстрый рост развития молекулярных методов, систематики часто не включают молекулярные исследования в описание видов. При этом точная идентификация имеет решающее значение для изучения биоразнообразия и биогеографии фитопланктона.

Амплификация образцов *Minidiscus* и *Mediolabrus* по участку 18S была проведена с помощью праймеров SSU_F (5’-KACCTGGTTGATCCTGCCAGT-3’) и SSU_R (5’-TCACCTACGGAAACCTTGT-3’) (Li et al., 2018). Для дальнейшего филогенетического анализа мы привлекли дополнительные последовательности из GenBank и литературных данных (Li et al., 2020; Park et al., 2017). Реконструкция филогенетических деревьев по методам MP, ML и NJ была выполнена в программной среде R. Реконструкция деревьев по методу BI была выполнена в программе MrBayes на основе 1000000 поколений с 2 запусками четырех параллельных цепей Маркова с частотой выборки 1 на 100 поколений. Топология BI была принята как основная ввиду наиболее полного разрешения узлов.

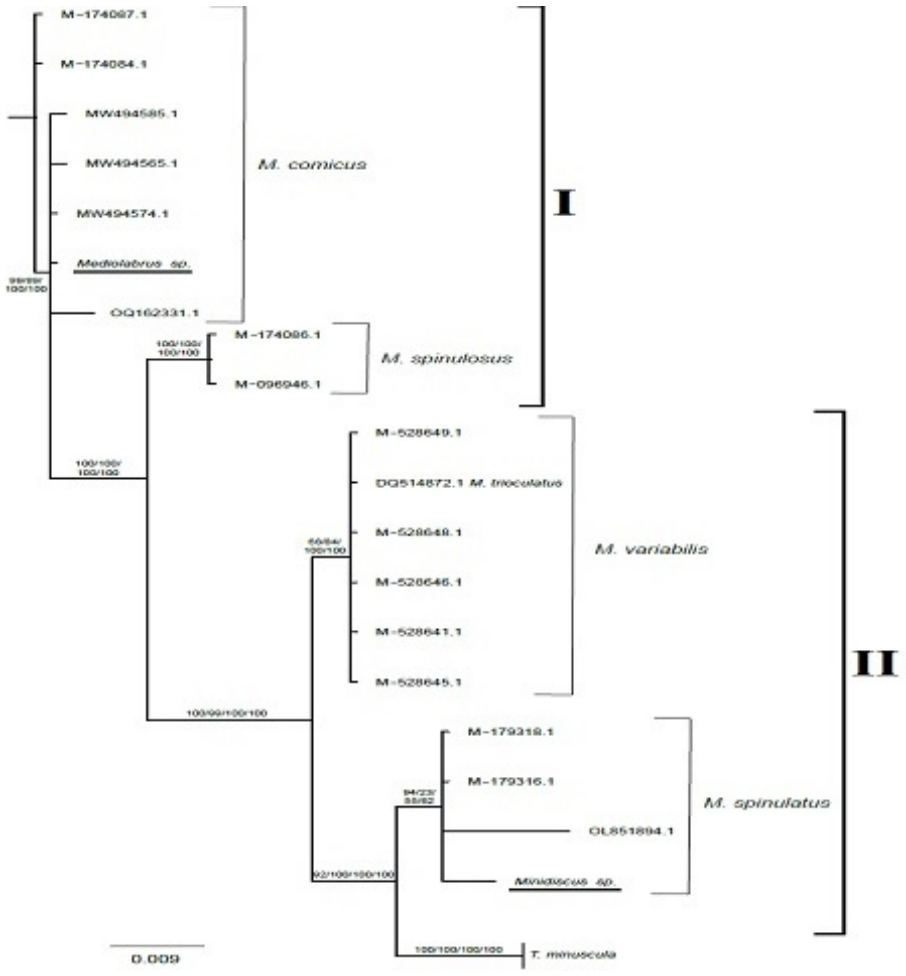

Рис. 1. Укорененное BI-дерево на основе последовательностей 18S рДНК, показывающее филогенетические отношения между видами родов *Mediolabrus* и *Minidiscus.* Устойчивость топологий в узлах для алгоритмов BI/NJ/MP/ML указана в процентах.

Fig. 1. Rooted BI tree based on 18S rDNA sequences showing phylogenetic relationships between species of the genus *Mediolabrus* and *Minidiscus*. The stability of topologies at nodes for the BI/NJ/MP/ML algorithms is given in percents.

На полученном дереве род *Mediolabrus* и род *Minidiscus* сформировали две отчетливые филогруппы. Наша последовательность *Mediolabrus sp.* находится в кладе *M. comicus*. Клада хорошо поддержана по всем 4-м методам реконструкции, устойчивость топологии составляет 100%, либо близкие к 100% значения. Другая последовательность *Minidiscus sp.* находится в кладе *M. spinulatus*. Клада имеет низкие поддержки только по методу NJ (23%), остальные методы показывают устойчивость топологии более 50% (рис. 1).

Значение дивергенции между нашей последовательностью *Mediolabrus sp.* и последовательностями *M. comicus* составляет 0,001%, что можно скорее назвать внутривидовым расстоянием, а не межвидовым, это вполне соотносится с положением последовательности на филогенетическом дереве. Последовательность *Minidiscus sp.* имеет значение дивергенции 0,005% и 0,008% с видами *M. variabilis, M. trioculatus и M. spinulatus.* И всё же, смотря на положение рассматриваемой последовательности на филогенетическом дереве, можно сказать, что данный образец относится к виду *M. spinulatus*.

Исследования частично проведены на площадке ЦКП «Приморский океанариум», ННЦМБ ДВО РАН (Владивосток).

Авторы заявляют ***об отсутствии конфликта интересов****, требующего раскрытия в данной статье.*

Список литературы

1. *Kaczmarska I., Lovejoy C., Potvin M., Macgillivary M.* Morphological and molecular characteristics of selected species of *Minidiscus* (Bacillariophyta, Thalassiosiraceae) // European Journal of Phycology. 2009. V.44, №4. P. 461–475. DOI: https://doi.org/10.1080/09670260902855873

2. *Li Y., Guo Y.Q., Guo X.H.* Morphology and molecular phylogeny of *Thalassiosira sinica* sp. nov. (Bacillariophyta) with delicate areolae and fultoportulae pattern // European Journal of Phycology. 2018. V.53, №2. P. 122–134. DOI: https://doi.org/10.1080/09670262.2017.1386329

3. *Li Y., Guo X.H., Lundholm L.* Molecular phylogeny and taxonomy of the genus *Minidiscus* (Bacillariophyceae), with description of *Mediolabrus* gen. nov // Journal of Phycology. 2020. V.56, №6. P. 1443–1456. DOI: https://doi.org/10.1111/jpy.13038

4. *Park J.S., Jung S.W., Ki J.S., Guo R., Kim H.J., Lee K.W., Lee J.H.* Transfer of the small diatoms *Thalassiosira proschkinae* and *T. spinulata* to the genus *Minidiscus* and their taxonomic re-description // PLoS One. 2017. V.12, №9. P. 1–20. DOI: https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181980

Статья поступила в редакцию 18.06.2025; поступила после доработки 24.07.2025; принята к публикации 28.08.2025

Сведения об авторах

Качур Диана Игоревна – м.н.с., Национальный научный центр морской биологии им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Россия, Владивосток (Zhirmunsky National Scientific Center of Marine Biology, Far Eastern Branch, RAS, Russia, Vladivostok), Лаборатория молекулярной систематики; dina-cherry@mail.ru; ORCID – https://orcid.org/0009-0004-9612-2391; SPIN-код 5514-8381.

Шульгина Мария Александровна – м.н.с., Национальный научный центр морской биологии им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток, Россия (Zhirmunsky National Scientific Center of Marine Biology, Far Eastern Branch, RAS, Russia, Vladivostok), Лаборатория морской микробиоты; к.б.н., н.с., Научно-образовательный комплекс «Приморский океанариум» – филиал ННЦМБ им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Россия, Владивосток (“Primorsky Aquarium”, National Scientific Center of Marine Biology, Far Eastern Branch, RAS, Russia, Vladivostok), науч. руководитель Лаб. биотехнологии морских микроводорослей; annekee@mail.ru; ORCID – https://orcid.org/0000-0002-4744-9230; SPIN-код 9254-2438.

Корреспондентский адрес: Россия, 690041, Владивосток, ул. Пальчевского, д. 17 ННЦМБ ДВО РАН, тел. (423) 231-09-05

Molecular genetic identification of some diatom genera of the family Thalassiosiraceae

Diana I. Kachur[1], Mariia A. Shulgina[1,2]

[1]Zhirmunsky National Scientific Center of Marine Biology, Far Eastern Branch, RAS (Russia, Vladivostok)

[2]“Primorsky Aquarium”, National Scientific Center of Marine Biology, Far Eastern Branch, RAS (Russia, Vladivostok)

Our work presents a molecular genetic analysis of diatoms of the genera *Minidiscus* and *Mediolabrus* of the family Thalassiosiracea, collected on the coast of the Sea of Japan in the Russian Far East. The study shows the difficulty of identification the two small diatom genus and analyzes the obtained data.

Key words: diatoms; Thalassiosiraceae; phylogeny; Sea of Japan

References

1. Kaczmarska I., Lovejoy C., Potvin M., Macgillivary M. Morphological and molecular characteristics of selected species of *Minidiscus* (Bacillariophyta, Thalassiosiraceae). *European Journal of Phycology.* 2009. V.44, №4. P. 461–475. DOI: https://doi.org/10.1080/09670260902855873

2. Li Y., Guo Y.Q., Guo X.H. Morphology and molecular phylogeny of *Thalassiosira sinica* sp. nov. (Bacillariophyta) with delicate areolae and fultoportulae pattern. *European Journal of Phycology.* 2018. V.53, №2. P. 122–134. DOI: https://doi.org/10.1080/09670262.2017.1386329

3. Li Y., Guo X.H., Lundholm L. Molecular phylogeny and taxonomy of the genus *Minidiscus* (Bacillariophyceae), with description of *Mediolabrus* gen. nov. *Journal of Phycology.* 2020. V.56, №6. P. 1443–1456. DOI: https://doi.org/10.1111/jpy.13038

4. Park J.S., Jung S.W., Ki J.S., Guo R., Kim H.J., Lee K.W., Lee J.H. Transfer of the small diatoms *Thalassiosira proschkinae* and *T. spinulata* to the genus *Minidiscus* and their taxonomic re-description. *PLoS One.* 2017. V.12, №9. P. 1–20. DOI: https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181980

ССЫЛКА НА СТАТЬЮ:

Качур Д.И., Шульгина М.А. Идентификация с помощью молекулярно-генетических методов некоторых родов семейства Thalassiosiraceae // Вопросы современной альгологии. 2025. № 1 (37). Р. 68–71. URL: http://algology.ru/2132

Kachur D.I., Shulgina M.A. Molecular genetic identification of some diatom genera of the family Thalassiosiraceae. *Voprosy sovremennoi algologii (Issues of modern algology)*. 2025. № 1 (37). P. 68–71. URL: http://algology.ru/2132

DOI – https://doi.org/10.33624/2311-0147-2025-1(37)-68-71; EDN – AGYPRS

УДК 582.26 Генетика, эволюция и филогения

Новые находки диатомовых водорослей рода *Adlafia moser*, Lange-Bert. and Metzeltin 1998 на территории Российского Кавказа

New findings of diatoms of the genus *Adlafia moser*, Lange-Bert. and Metzeltin 1998 on the territory of the Russian Caucasus

Кухарук М.Ю.[1]., Куликовский М.С.[2], Глущенко А.М.[2], Кезля Е.М.[2]

Maksim J. Kukharuk, Maxim S. Kulikovskiy, Anton M. Glushchenko, Elena M. Kezlya

[1]Северо-Кавказский федеральный университет – ФГАОУ ВО «СКФУ» (Ставрополь, Россия)
[2]Институт физиологии растений имени К.А. Тимирязева РАН – ИФР РАН (Москва, Россия)

Проведено исследование культур диатомовых водорослей рода *Adlafia*, полученных с территории Кабардино-Балкарской республики и г. Сочи. Проведен анализ микрофотографий, сканирующая электронная микроскопия, молекулярно-генетический анализ.

Ключевые слова: диатомовые водоросли; *Adlafia*; Кавказ

Adlafia – род диатомовых водорослей, включающий около сорока видов, который был отделен от *Navicula* s.l. (Moser et al., 1998), голотипом является *Adlafia muscora* (Kociolek & Reviers) Gerd Moser, Lange-Bertalot & Metzeltin. Все известные виды *Adlafia* имеют небольшие размеры. Максимальная длина створки обычно составляет менее 25 мкм, только у нескольких видов – более 35 мкм (Monnier et al., 2012). Очертания створок обычно от линейных до линейно-ланцетных или эллиптических, с концами, более или менее оттянутыми, клювовидными или головчатыми. Поверхность шва имеет плоскую форму, слабо изогнута, с расширенными порами в центральной части и сильно отклоненными концами. Осевая область очень узкая, а центральная область изменчива, но никогда не расширяется и не достигают края створки. Плотность штрихов обычно высока, с четким радиальным рисунком, который постепенно сужается к концам створки. Штрихи расположены в один ряд и тянутся непрерывно от лицевой стороны створки к загибу. Простые, маленькие, округлые ареолы расположены непрерывно по поверхности створки, по краю и вниз на загиб; они открыты изнутри и закрыты снаружи гименом. *Adlafia* - широко распространенный, возможно, космополитический пресноводный род (Morales & Le, 2005).

Материалом для данной работы послужили пробы водорослей с территории Кабардино-Балкарской республики, собранные Куликовским М.С. в 2020 году, и из окрестностей г. Сочи в 2024 году. Из данных образцов в лаборатории молекулярной систематики водных растений ИФР РАН были получены три культуры водорослей рода *Adlafia*, которые были использованы для приготовления постоянных препаратов и выделения ДНК. Постоянные препараты были изготовлены с использованием смолы Naphrax и исследованы под световым микроскопом с использованием DIC (Куликовский и др., 2016), а также с помощью СЭМ на базе Научно-лабораторного комплекса чистых зон СКФУ.

Выделенные образцы ДНК были использованы для проведения ПЦР реакции, для которой были выбраны два наиболее часто используемых в баркодировании диатомовых водорослей маркера – ядерный 18S рРНК V4 (праймеры F-D512 /R-D978rev) и хлоропластный rbcL (праймеры rbcL66+ и rbcL1255- и rbcL404+ для секвенирования) (Kezlya et al., 2023). Все полученные секвенограммы были обработаны и выровнены на референс и проанализированы с использованием баз данных GenBank и Diat. barcode (Rimet et al., 2019).

Полученные данные позволяют нам дополнить информацию о разнообразии и филогении исследуемого рода.

Работа выполнена при поддержке гранта РНФ 24-14-00165 и в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (122042700045-3).

*Авторы заявляют **об отсутствии конфликта интересов**, требующего раскрытия в данной статье.*

Список литературы

1. *Куликовский М.С., Глущенко А.М., Генкал С.И., Кузнецова И.В.* Определитель диатомовых водорослей России. – Ярославль: Общество с ограниченной ответственностью «Филигрань», 2016. – 804 с. – ISBN 978-5-906682-72-7.

2. *Kezlya E., Tseplik N., Kulikovskiy M.* Genetic Markers for Metabarcoding of Freshwater Microalgae: Review // Biology. 2023. V.12, №7. ID 1038. DOI: https://doi.org/10.3390/biology12071038

3. *Monnier O, Ector L, Rimet F, Ferréol M, Homann L. Adlaa langebertalotii* sp. nov. (Bacillariophyceae), a new diatom from the Grand-Duchy of *Luxembourg morphologically* similar to *A. suchlandtii* comb. nov. // Nova Hedwigia Beihe. 2012. V. 141. P. 131–140.

4. *Morales E.A., Le M.* A new species of the diatom genus *Adlafia* (Bacillariophyceae) from the United States // Proc. Acad. Nat. Sci. Philadelphia. 2005. V. 154. P. 149 –154.

5. *Moser G., Lange-Bertalot H., Metzeltin D.* Insel der Endemiten. Geobotanisches Phänomen Neukaledonien. Island of endemics New Caledonia – a geobotanical phenomenon // Bibliotheca Diatomologica. 1998. V.38. 464 p.

6. *Rimet F., Gusev E., Kahlert M., Kelly M., Kulikovskiy M., Maltsev Y., Mann D., Pfannkuchen M., Trobajo R., Vasselon V., Zimmermann J., Bouchez A.* Diat. barcode, an open-access curated barcode library for diatoms // Sci. Rep. 2019. V.9. ID 15116.

Статья поступила в редакцию 18.06.2025; поступила после доработки 29.07.2025; принята к публикации 28.08.2025

Сведения об авторах

Кухарук Максим Юрьевич – к.б.н., зав. каф. ботаники, физиологии и биохимии растений, Северо-Кавказский федеральный университет, Россия, Ставрополь (North-Caucasus Federal University, Russia, Stavropol); kuth87@mail.ru; ORCID – https://orcid.org/0000-0003-4093-5807; SPIN-код 4343-9170.

Куликовский Максим Сергеевич – д.б.н., г.н.с., Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН (ИФР РАН), Россия, Москва (Timiryazev Institute of Plant Physiology, RAS, Russia, Moscow); max-kulikovsky@yandex.ru; ORCID – https://orcid.org/0000-0003-0999-9669; SPIN-код 4170-2884.

Глущенко Антон Михайлович – к.б.н., в.н.с., Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН (ИФР РАН), Россия, Москва (Timiryazev Institute of Plant Physiology, RAS, Russia, Moscow); chelovek91_91@mail.ru; ORCID – https://orcid.org/0000-0002-3876-3455; SPIN-код 1506-0119.

Кезля Елена Михайловна – к.б.н., с.н.с., Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН (ИФР РАН), Россия, Москва (Timiryazev Institute of Plant Physiology, RAS, Russia, Moscow); melosira@mail.ru; ORCID – https://orcid.org/0000-0002-5263-9338; SPIN-код 3196-8240.

Корреспондентский адрес: Россия, 127276, Москва, ул. Ботаническая, д. 35, ИФР РАН, тел. (499) 678-54-00.

New findings of diatoms of the genus *Adlafia moser*, Lange-Bert. and Metzeltin 1998 on the territory of the Russian Caucasus

Maksim J. Kukharuk[1], Maxim S. Kulikovskiy[2], Anton M. Glushchenko[2], Elena M. Kezlya[2]

[1]North-Caucasus Federal University (Russia, Stavropol)
[2]Timiryazev Institute of Plant Physiology, RAS (Russia, Moscow)

A study was conducted on samples of planktonic and benthic diatoms collected in October 2024 from the high-mountain lakes Kara-Köl and Tumanly-Köl (Karachay-Cherkess Republic). Eight pure cultures were isolated and processed, and their genotyping was performed.

Key words: Diatoms; sediments; high-mountain lakes; Kara-Köl; Tumanly-Köl

References

1. Kulikovsky M.S., Glushchenko A.M., Genkal S.I., Kuznetsova I.V. Determinant of Russian diatoms. Filigree Limited Liability Company, Yaroslavl, 2016. 804 p. (In Russ.)

2. Kezlya E., Tseplik N., Kulikovskiy M. Genetic Markers for Metabarcoding of Freshwater Microalgae: Review. *Biology.* 2023. V.12, №7. ID 1038. DOI: https://doi.org/10.3390/biology12071038

3. Monnier O., Ector L., Rimet F., Ferréol M., Homann L. *Adlaa langebertalotii* sp. nov. (Bacillariophyceae), a new diatom from the Grand-Duchy of *Luxembourg morphologically* similar to *A. suchlandtii* comb. nov. *Nova Hedwigia Beihe*. 2012. V.141. P. 131–140.

4. Morales E.A., Le M. A new species of the diatom genus *Adlafia* (Bacillariophyceae) from the United States. *Proc. Acad. Nat. Sci. Philadelphia.* 2005. V.154. P. 149–154.

5. Moser G., Lange-Bertalot H., Metzeltin D. Insel der Endemiten. Geobotanisches Phänomen Neukaledonien. Island of endemics New Caledonia – a geobotanical phenomenon. *Bibliotheca Diatomologica.* 1998. V.38. 464 p.

6. Rimet F., Gusev E., Kahlert M., Kelly M., Kulikovskiy M., Maltsev Y., Mann D., Pfannkuchen M., Trobajo R., Vasselon V., Zimmermann J., Bouchez A. Diat. barcode, an open-access curated barcode library for diatoms. *Sci. Rep.* 2019. V.9. ID 15116.

ССЫЛКА НА СТАТЬЮ:

Кухарук М.Ю., Куликовский М.С., Глущенко А.М., Кезля Е.М. Новые находки диатомовых водорослей рода *Adlafia moser*, Lange-Bert. and Metzeltin 1998 на территории Российского Кавказа // Вопросы современной альгологии. 2025. № 1 (37). Р. 72–74. URL: http://algology.ru/2133

Kukharuk M.J., Kulikovskiy M.S., Glushchenko A.M., Kezlya E.M. New findings of diatoms of the genus *Adlafia moser*, Lange-Bert. and Metzeltin 1998 on the territory of the Russian Caucasus. *Voprosy sovremennoi algologii (Issues of modern algology)*. 2025. № 1 (37). P. 72–74. URL: http://algology.ru/2133

DOI – https://doi.org/10.33624/2311-0147-2025-1(37)-72-74; EDN – WHTOWU

УДК 582.261/.279 Генетика, эволюция и филогения

Опыт изучения диатомовых водорослей некоторых водоемов и водотоков г. Москвы методом метабаркодинга

The experience of studying diatoms of selected reservoirs and watercourses in Moscow using metabarcoding

Миронова Э.А.[1,2], Кезля Е.М.[1], Куликовский М.С.[1]

Elina A. Mironova, Elena M. Kezlya, Maxim S. Kulikovskiy

[1]Институт физиологии растений имени К.А. Тимирязева РАН – ИФР РАН (Москва, Россия)
[2]Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, биологический факультет (Москва, Россия)

С применением метода метабаркодинга изучен состав и распространение диатомовых водорослей в планктоне двадцати водных объектов на территории г. Москвы. В качестве генетического маркера выбран регион 18S V9–ITS1 rRNA.Секвенирование выполнено на платформе Illumina MiSeq с последующей таксономической аннотацией по базе SILVA и NCBI. Идентифицировано более 30 родов диатомей, включая *Navicula, Thalassiosira, Aulacoseira, Nitzschia* и др. Проведено сравнение состава сообществ между водными объектами разных типов (водоемы и водотоки), проанализировано влияние физико-химических показателей воды на состав сообщества диатомовых.

Ключевые слова: метабаркодинг; диатомовые водоросли; биомониторинг; Москва; фитопанктон

Водные экосистемы на территории г. Москвы испытывают существенное антропогенное влияние, связанное со значительной рекреационной нагрузкой со стороны городской среды. В связи с этим, анализ состояния поверхностных водоёмов и водотоков Москвы имеет приоритетное значение. Контроль качества поверхностных вод на территории города осуществляют такие организации как «Мосводоканал» (питьевое водоснабжение), Управление Роспотребнадзора по г. Москве (рекреационные водные объекты), Департамент природопользования и охраны окружающей среды г. Москвы, ГПБУ «Мосэкомониторинг», Отдел мониторинга воды (мониторинг водных объектов с целью выявления источников загрязнения и оценка экологической эффективности водоохранных мероприятий). Все эти организации контролируют широкий спектр физико-химических и микробиологических показателей согласно СанПиН и, насколько нам известно, гидробиологический анализ не проводят. При этом состояние водной экосистемы определяется методами биоиндикации, которые позволяют определить изменение ее состояния в ответ на загрязнение, обнаружить воздействия на водоем, предшествующие времени взятия анализа, а также определить

последствия разового загрязнения. Результаты физико-химического метода определяют показатели только на момент взятия проб.

Водоросли образуют начальное звено трофической цепи и, в связи с этим, несут большую функциональную нагрузку. Как известно, они очень чувствительны к условиям окружающей среды: быстро растут, быстро реагируют на изменения химических, физических или биологических факторов и, поэтому, используются в качестве биоиндикаторов для оценки качества воды и общего состояния экосистем. Одной из ключевых биоиндикаторных групп для оценки состояния пресноводных экосистем являются диатомовые водоросли (Bacillariophyta). Благодаря высокой чувствительности к изменениям условий среды и накопленной научной базе, они широко используются в экологическом мониторинге водоёмов (Kelly et al., 2008). Изучение биоразнообразия и анализ состава их сообществ обеспечивает выявление изменений окружающей среды, которые произошли по естественным причинам или в результате антропогенного воздействия.

Классические методы, основанные на микроскопии, довольно трудозатратны. Микроводоросли отличаются высоким видовым разнообразием. Изучение и анализ их сообщества требует высокой квалификации специалиста, обширных знаний в области морфологии и таксономии, постоянного обновления знаний в связи частыми таксономическими преобразованиями во всех группах водорослей. Криптическое разнообразие, показанное для многих таксонов микроводорослей, также не может быть обнаружено при микроскопировании. К тому же для анализа большого объёма проб классические подходы малоэффективны, а нехватка квалифицированных специалистов в этой области, особенно в последние годы, еще более затрудняет их применение. При этом метабаркодирование (метод идентификации таксономического состава сообщества из образцов окружающей среды путем амплификации и высокопроизводительного секвенирования последовательностей маркерных генов баркодов или метабаркодинг) уже признано альтернативным (более быстрым и экономичным) методом в отличие от традиционного метода микроскопии для экологической оценки и мониторинга пресноводных водоемов, рек и морей на основе микроводорослей.

В настоящее время, метод метабаркодинга активно внедряется в практики биомониторинга по всему миру. В ряде стран разработаны руководства и стандарты по применению метабаркодинга для оценки разнообразия микроводорослей и цианобактерий (Kelly et al. 2020, Elersek et al. 2021, Jerney et al. 2022). В России таких разработок на настоящий момент, насколько нам известно, нет. В целом исследования микроводорослей и цианобактерий с применением метабакродинга в России проводят лишь единичные научные коллективы.

В данном исследовании проведено изучение фитопланктона двадцати водных объектов Москвы с применением метода метабаркодинга. Материалом для работы послужили пробы планктона, собранные в июне–июле 2024 года. В исследование были включены как водотоки (Москва-река, Яуза, Сетунь, Чаченка), так и водоемы (пруды в районах Сколково, Крылатское, Екатерининские и Патриаршие пруды, Мещерское озеро и другие) с разной рекреационной нагрузкой. Для анализа 100 литров природной воды пропускали через стерильную планктонную сеть с диаметром ячеи 29 мкм до финального объема 250 мл. Далее из общей пробы отбирали два подобразца по 50 мл (один фиксировали на месте, один сохраняли в сумке-холодильнике). По приезду в лабораторию образец на метабаркодинг отфильтровывали через аналитические трековые мембраны ООО «РЕАТРЕК-Фильтр» с диаметром пор 0,4 мкм при помощи аппарата для вакуумной фильтрации Sartorius и ручного вакуумного насоса. После этого фильтры с биомассой переносили в пробирки и немедленно замораживали. Одновременно во всех точках проводили измерение основных физико-химических

показателей (температура, pH, суммарная электропроводность) при помощи портативного прибора HANNA и отбор проб воды на химический анализ.

Для метабаркодинга использовали маркерный регион 18S V9–ITS1 и праймеры 1391F и ITS2_broad (Boenigk et al. 2018). Пробоподготовку и секвенирование на платформе Illumina MiSeq (2×300 п.н.) проводили в кампании «Синтол» (г. Москва). Биоинформатическая обработка включала фильтрацию по качеству, кластеризацию ампликонов в таксономические единицы (ASV, amplicon sequence variant) и таксономическую аннотацию по референсным базам SILVA и NCBI.

В результате анализа получены данные по составу диатомовых в фитопланктоне в 20 водных объектах на территории г. Москвы. Всего идентифицировано более 30 родов диатомей. Наиболее часто встречающимися родами оказались: *Thalassiosira* Cleve, *Navicula* Bory., *Aulacoseira* Thwaites, *Nitzschia*, *Ulnaria* (Kützing) Compère, *Gomphonema* Kützing, а также *Cyclotella* (Kützing) Brébisson, *Amphora* Ehrenberg ex Kützing, *Cocconeis* Ehrenberg. ASV этих родов обнаружены в трех и более водных объектах.

В докладе будут обсуждены результаты сравнения состава сообществ диатомовых между водными объектами разных типов (водоемов и водотоков), проведено сравнение данных, полученных с применением классического подхода (микроскопирование) и метабаркодинга, проанализировано влияние физико-химических показателей воды на состав сообщества диатомовых.

Работа выполнена при поддержке гранта РНФ 24-24-20116 (https://rscf.ru/project/24-24-20116/).

Авторы заявляют ***об отсутствии конфликта интересов****, требующего раскрытия в данной статье.*

Список литературы

1. *Kelly M., Juggins S., Guthrie R., Pritchard S., Jamieson J., Rippey B., Hirst, H., Yallop M.* Assessment of ecological status in UK rivers using diatoms // Freshwater Biology. 2008. V. 53, №. 2. P. 403–422. DOI: https://doi.org/10.1111/j.1365-2427.2007.01903.x

2. *Jerney J., Hällfors H., Oja J., Reunamo A., Suikkanen S., Lehtinen S.* Guidelines for using environmental DNA in Finnish marine phytoplankton monitoring–Improved biodiversity assessment through method complementation. – Reports of Finnish Environment Institute, 2022. – V.40. – 69 p.

3. *Boenigk J., Wodniok S., Bock C., Beisser D., Hempel C., Grossmann L., Lange A., Jensen M.* Geographic distance and mountain ranges structure freshwater protist communities on a European scale // Metabarcoding Metagenom. 2018. V. 2, e21519. DOI: https://doi.org/10.3897/mbmg.2.21519

4. *Kelly M., Boonham N., Juggins S., Mann D., Glover R.* Further development of a DNA based metabarcoding approach to assess diatom communities in rivers. – Bristol: Environment Agency, 2020. – 133 p.

5. *Elersek T.* Technical Guidelines for eDNA Monitoring in Alpine Waters for Stakeholders and End-Users. 2024. http://www.alpine-space.eu/project/eco-alpswater/ (дата обращения: 28.05.2025).

Статья поступила в редакцию 18.06.2025; поступила после доработки 09.07.2025; принята к публикации 28.08.2025

Сведения об авторах

Миронова Элина Алексеевна – инженер, Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН (ИФР РАН), Россия, Москва (Timiryazev Institute of Plant Physiology, RAS, Russia, Moscow); Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, биологический факультет, Москва, Россия (Lomonosov Moscow State University, Russia, Moscow); elechka-03@mail.ru; ORCID – https://orcid.org/0009-0003-0695-9837.

Кезля Елена Михайловна – к.б.н., с.н.с., Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН (ИФР РАН), Россия, Москва (Timiryazev Institute of Plant Physiology, RAS, Russia, Moscow); melosira@mail.ru; ORCID – https://orcid.org/0000-0002-5263-9338; SPIN-код 3196-8240.

Куликовский Максим Сергеевич – д.б.н., зав. Лабораторией, Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН (ИФР РАН), Россия, Москва (Timiryazev Institute of Plant Physiology, RAS, Russia, Moscow); max-kulikovsky@yandex.ru; ORCID – https://orcid.org/0000-0003-0999-9669; SPIN-код 4170-2884.

Корреспондентский адрес: Россия, 127276, Москва, ул. Ботаническая, д. 35, ИФР РАН, тел. (499) 678-54-00.

The experience of studying diatoms of selected reservoirs and watercourses in Moscow using metabarcoding

Elina A. Mironova[1,2], Elena M. Kezlya[1], Maxim S. Kulikovskiy[1]

[1]Timiryazev Institute of Plant Physiology, RAS (Russia, Moscow)
[2]Lomonosov Moscow State University (Russia, Moscow)

Composition and distribution of diatoms in the plankton of 20 waterbodies in Moscow has been studied with metabarcoding. The 18S V9–ITS1 rRNA region was selected as a genetic marker for molecular study. Sequencing was performed on the Illumina MiSeq platform, followed by taxonomic annotation based on SILVA and NCBI. More than 30 genera of diatoms have been identified, including *Navicula*, *Thalassiosira*, *Aulacoseira*, *Nitzschia*. A comparison of the composition of communities between water \bodies of different types (reservoirs and watercourses) has been carried out, and the influence of physicochemical parameters of water on the composition of the diatom communities has been analyzed.

Key words: metabarcoding; diatoms; biomonitoring; Moscow; phytoplankton

References

1. Kelly M., Juggins S., Guthrie R., Pritchard S., Jamieson J., Rippey B., Hirst, H., Yallop M. Assessment of ecological status in UK rivers using diatoms. *Freshwater Biology.* 2008. V. 53, №. 2. P. 403–422. DOI: https://doi.org/10.1111/j.1365-2427.2007.01903.x

2. Jerney J., Hällfors H., Oja J., Reunamo A., Suikkanen S., Lehtinen S. Guidelines for using environmental DNA in Finnish marine phytoplankton monitoring–Improved biodiversity assessment through method complementation. Reports of Finnish Environment Institute, 2022. V.40. 69 p.

3. Boenigk J., Wodniok S., Bock C., Beisser D., Hempel C., Grossmann L., Lange A., Jensen M. Geographic distance and mountain ranges structure freshwater protist communities on a European scale. *Metabarcoding Metagenom.* 2018. V. 2, e21519. DOI: https://doi.org/10.3897/mbmg.2.21519

4. Kelly M., Boonham N., Juggins S., Mann D., Glover R. Further development of a DNA based metabarcoding approach to assess diatom communities in rivers. Bristol: Environment Agency, 2020. 133 p.

5. Elersek T. Technical Guidelines for eDNA Monitoring in Alpine Waters for Stakeholders and End-Users. 2024. http://www.alpine-space.eu/project/eco-alpswater/ (date: 28.05.2025).

ССЫЛКА НА СТАТЬЮ:

Миронова Э.А., Кезля Е.М., Куликовский М.С. Опыт изучения диатомовых водорослей некоторых водоемов и водотоков г. Москвы методом метабаркодинга // Вопросы современной альгологии. 2025. № 1 (37). Р. 75–78. URL: http://algology.ru/2134

Mironova E.A., Kezlya E.M., Kulikovskiy M.S. The experience of studying diatoms of selected reservoirs and watercourses in Moscow using metabarcoding. *Voprosy sovremennoi algologii (Issues of modern algology)*. 2025. № 1 (37). P. 75–78. URL: http://algology.ru/2134

DOI – https://doi.org/10.33624/2311-0147-2025-1(37)-75-78; EDN – ZRJQYC

УДК 575.222.72 Генетика, эволюция и филогения

Горизонтальный перенос митохондриальных генов у пеннатных бесшовных диатомей

Horizontal transfer of mitochondrial genes in pennate araphid diatoms

Налимова М.А.[1], Марченков А.М.[1], Захарова Ю.Р.[1], Тетерина В.И.[1], Давидович Н.А.[2], Давидович О.И.[2], Подунай Ю.А.[2], Петрова Д.П.[1]

Maria A. Nalimova, Artyom M. Marchenkov, Yulia R. Zakharova, Veronica I. Teterina, Nickolai A. Davidovich, Olga I. Davidovich, Yuliia A. Podunay, Daria P. Petrova

[1]Лимнологический институт – ЛИН СО РАН (Иркутск, Россия)
[2]Карадагская научная станция имени Т.И. Вяземского – природный заповедник РАН – филиал ФИЦ ИНБЮМ имени А.О. Ковалевского (Феодосия, Россия)

Диатомовые водоросли демонстрируют высокую степень дифференциации, что позволяет быстро адаптироваться к новым условиям окружающей среды. Мы проанализировали генетическую дифференциацию для моноклональных штаммов рода *Ulnaria*, выделенных из географически удаленных водоемов. В результате анализа фрагментов *cox*1 было установлена гетерогенность популяций видов *Ulnaria acus*, *Ulnaria danica* и *Ulnaria ulna*. В ходе нашей работы впервые удалось установить факт межвидовой гибридизации для диатомовых водорослей путем анализа маркерных генов: ядерного (18S рРНК), хлоропластного (*rbc*L) и митохондриальных (*cox*1, *atp*6).

Ключевые слова: диатомовые водоросли; 18S рРНК; *cox*1; *atp*6; *rbc*L; горизонтальный перенос генов; митохондриальные гены

Диатомовые водоросли (Bacillariophyta) – одноклеточные автотрофные эукариотические организмы, доминирующие в составе бентосных и планктонных сообществ морских и пресных водоемах. Широкое распространение видов безусловно способствует морфологической, физиологически и генетической дифференциации популяций, которая играет важную роль в быстрой адаптации к условиям окружающей среды. Неравномерное распределение отдельных генотипов у ряда видов может быть связано с различиями в их экологических предпочтениях. Возможно, оказывает влияние чередование полового и бесполого размножения, поскольку в периоды бесполого размножения генотипическое разнообразие постепенно сокращается в результате естественного отбора.

В своем исследовании мы сосредоточились на определении генетической дифференциации в популяциях пресноводных пеннатных диатомовых водорослях рода *Ulnaria (Ulnaria acus* (Kützing) Abol, *Ulnaria danica* (Kützing) Compère & Bukhtiyarova и

Ulnaria ulna (Nitzsch) Compère). В работе мы провели анализ маркерных генов у моноклональных штаммов, выделенных из озер Западно-Кавказкого региона, оз. Матано (Индонезия), оз. Байкал, а также р. Сарт и р. Эрдр (Франция).

Согласно филогенетической реконструкции гена 18S рРНК, анализируемые последовательности отнесены к кладам, соответствующими родам *Ulnaria* и *Fragilaria*. Последовательности всех штаммов, которые по данным морфологического анализа были отнесены к *U. acus* образуют одну кладу с высокой степенью поддержки. Группа *U. danica* / *U. ulna* содержит последовательности штаммов из оз. Рица, оз. Голубое, оз. Байкал и штаммов, выделенных из водоемов Италии, последовательности для которых опубликованы в базе данных NCBI. Отсутствие разделения между представителями этих двух видов на основе анализа разных вариабельных участков 18S рРНК было показано ранее (Zakharova et al., 2023). Следует отметить, что *U. ulna* и *U. danica* имеют схожую морфологию и при этом ряд тонких отличительных признаков (Zakharova et al., 2023).

Анализ *cox*1 показал разделение штаммов *U. acus* на три клады. Клады 1 и 2 содержат последовательности штаммов, выделенных из географический удаленных водоемах Евразии. Клада 3 образована только последовательностями *cox*1 двух штаммов из оз. Матано. Выделение индонезийских штаммов в отдельный генотип может быть связано с тем, что у изолированной и относительно малочисленной островной популяции, не имеющей связи с континентом, было больше шансов накопить различия в гене *cox*1.

Последовательности *cox*1 штаммов *U. ulna* и *U. danica* не разделяются на отдельные клады видового порядка. Показано формирования трех клад, представляющих собой разные генотипы, которые могут встречаться в географически удаленных точках. Ранее были показаны географические пределы распространения данных видов на территории Евразии. *U. ulna* имеет широкое распространение в западной части континента, тогда как *U. danica* – в восточной части. Популяции *U. ulna* способны к межвидовой гибридизации с популяциями *U. danica*, находящимися в районе Западно-Сибирской низменности и к востоку от нее вплоть до оз. Байкал (Подунай, 2022). Согласно последним данным в фитопланктоне оз. Байкал присутствует только *U. danica* (Zakharova et al., 2023).

По данным анализа 18S рРНК штамм ACH275 является *F. radians*, а штаммы 5KH561 и G.21.0309-OC-3 отнесены к *U. danica* и *U. ulna,* соответсвенно (рис. 1 18S rRNA). По результатам филогенетического анализа фрагмента гена *cox*1 эти штаммы относятся к *U. acus*. Можно предположить, что в естественных условиях между парами *F. radians* и *U. acus*, *U. danica* и *U. acus*, *U. ulna* и *U. acus* возможна гибридизация, а исследуемые штаммы являются гибридами первого поколения. Однако, нет данных о межвидовой гибридизации между этими видами в лабораторных условиях (Подунай и др., 2021). Факт того, что ядерный и митохондриальный маркерные гены дают разную видовую принадлежность, может свидетельствовать о возможности горизонтального переноса генов (ГПГ) между исследуемыми видами, а именно передачи генетической информации между репродуктивно изолированными видами.

Для подтверждения выдвинутого предположения был проведен филогенетический анализ фрагментов хлоропластного гена *rbc*L и митохондриального гена *atp*6. Распределение последовательностей при филогенетическом анализе фрагмента гена *rbc*L по кладам видового уровня соответствует результату, полученному при анализе фрагментов гена 18S рРНК. В результате филогенетического анализа фрагмента гена *atp*6 (рис. 1 *atp*6) штаммы ACH275, 5KH561 и G.21.0309-OC-3 были отнесены в кладу, которая содержит только последовательности представителей *U. acus*. Согласно последовательности митохондриального генома *U. acus* расстояние между *cox*1 и *atp*6 составляет 16 508 п.н. Можно выдвинуть предположение, что ГПГ затронул протяженные участки митохондриального генома. Остается пока неясным

произошел ли в данном случае ГПГ всего митохондриального генома или его части. Считается, что ГПГ относительно распространен среди эукариот, является частью эволюционного процесса и может оказать влияние на адаптацию к новым условиям.

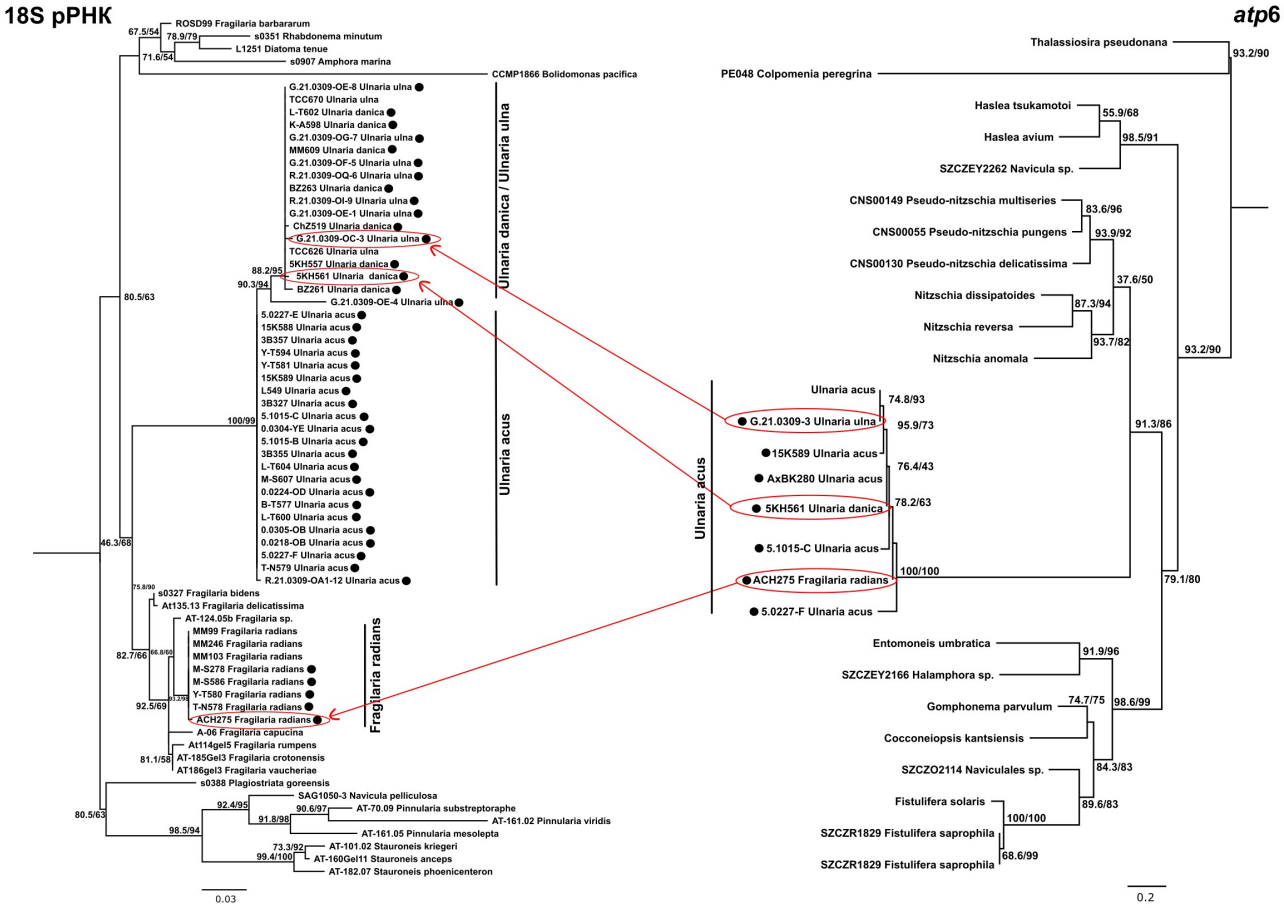

Рис. 1. Сопоставление филогенетических реконструкций фрагментов генов 18S рРНК и *atp*6 представителей родов *Fragilaria* и *Ulnaria*. Точками отмечены последовательности, полученные в работе. Штаммы, для которых установлен горизонтальный перенос генов, отмечены красным цветом.

Fig. 1. Comparison of phylogenetic reconstructions of 18S rRNA and *atp*6 gene fragments of representatives of the genera *Fragilaria* and *Ulnaria*. The dots mark the sequences obtained in the work. Strains for which horizontal gene transfer has been established are marked in red.

Исследование финансировалось Министерством науки и высшего образования Российской Федерации проект № 121032300191-3. Отбор и выделение штаммов из оз. Рица, оз. Голубого, оз. Матано, р. Эрдр и р. Сарта проводилось сотрудниками Карадагской научной станцией им. Т.И. Вяземского – природного заповедника РАН в рамках проекта № 124030100100-0.

Авторы заявляют ***об отсутствии конфликта интересов****, требующего раскрытия в данной статье.*

Список литературы

1. *Подунай Ю.А.* Половое воспроизведение, система скрещивания и биогеография представителей рода *Ulnaria* (Kutzing) Compère (Bacillariophyta): Автореф. дис. канд. биол. наук. – Севастополь, 2022. – 23 с.

2. *Подунай Ю.А., Давидович О.И., Давидович Н.А.* Репродуктивная совместимость европейских популяций у двух видов *Ulnaria* (Bacillariophyta) // Вестник Московского университета. Серия 16. Биология. 2021. Т. 76, № 2. С.76–82.

3. *Zakharova Y., Marchenkov A., Petrova D., Bukin Y., Morozov A., Bedoshvili Y., Podunay Y., Davidovich O., Davidovich N., Bondar A., Kahlert M., Likhoshway Y.* Delimitation of Some Taxa of *Ulnaria* and *Fragilaria* (Bacillariophyceae) Based on Genetic, Morphological Data and Mating Compatibility // Diversity. 2023. V. 15, № 271. P. 1–26. DOI: https://doi.org/10.3390/d15020271

Статья поступила в редакцию 18.06.2025; поступила после доработки 09.07.2025; принята к публикации 28.08.2025

Сведения об авторах

Налимова Мария Анатольевна – инженер, Лимнологический институт Сибирского отделения РАН, Россия, Иркутск (Limnological Institute, Siberian Branch, RAS, Russia, Irkutsk); nalimov.maria@yandex.ru; ORCID – https://orcid.org/0009-0008-2458-6495; SPIN-код 4486-7925.

Марченков Артём Михайлович – к.б.н., н.с., Лимнологический институт Сибирского отделения РАН, Россия, Иркутск (Limnological Institute, Siberian Branch, RAS, Russia, Irkutsk); marchenkov.am@bk.ru; ORCID – https://orcid.org/0000-0002-4820-9394; SPIN-код 6556-2682.

Захарова Юлия Робертовна – к.б.н., н.с., Лимнологический институт Сибирского отделения РАН, Россия, Иркутск (Limnological Institute, Siberian Branch, RAS, Russia, Irkutsk); julia.zakharova@gmail.com; ORCID – https://orcid.org/0000-0003-2075-1269.

Тетерина Вероника Игоревна – к.б.н., н.с., Лимнологический институт Сибирского отделения РАН, Россия, Иркутск (Limnological Institute, Siberian Branch, RAS, Russia, Irkutsk); veronika@lin.irk.ru; ORCID – https://orcid.org/0000-0001-7101-6622.

Давидович Николай Александрович – д.б.н., зав. лаб., Карадагская научная станция им. Т.И. Вяземского – природный заповедник РАН – филиал ФИЦ ИНБЮМ им. А.О. Ковалевского, Россия, Феодосия (Vyazemsky Karadag Scientific Station of Kovalevskii Institute of Biology of the Southern Seas, RAS, Russia, Feodosia); nickolaid@yandex.ru; ORCID – https://orcid.org/0000-0002-3510-0453; SPIN-код 3588-2870.

Давидович Ольга Ивановна – к.б.н., с.н.с., Карадагская научная станция им. Т.И. Вяземского – природный заповедник РАН – филиал ФИЦ ИНБЮМ им. А.О. Ковалевского, Россия, Феодосия (Vyazemsky Karadag Scientific Station of Kovalevskii Institute of Biology of the Southern Seas, RAS, Russia, Feodosia); olivdav@mail.ru; ORCID – https://orcid.org/0000-0003-3024-0104; SPIN-код 9137-1153.

Подунай Юлия Александровна – к.б.н., с.н.с., Карадагская научная станция им. Т.И. Вяземского – природный заповедник РАН – филиал ФИЦ ИНБЮМ им. А.О. Ковалевского, Россия, Феодосия (Vyazemsky Karadag Scientific Station of Kovalevskii Institute of Biology of the Southern Seas, RAS, Russia, Feodosia); grab-ua@yandex.ru; ORCID – https://orcid.org/0000-0002-0519-2908; SPIN-код 6730-1070.

Петрова Дарья Петровна – к.б.н., с.н.с., Лимнологический институт Сибирского отделения РАН, Россия, Иркутск (Limnological Institute, Siberian Branch, RAS, Russia, Irkutsk); daryapetr@gmail.com; ORCID – https://orcid.org/0000-0002-5594-504X; SPIN-код 1250-2715.

Корреспондентский адрес: Россия, 664033, Иркутск, ул. Улан-Баторская, д. 3, ЛИН СО РАН, тел. (3952) 42-65-04.

Horizontal transfer of mitochondrial genes in pennate araphid diatoms

Maria A. Nalimova[1], Artyom M. Marchenkov[1], Yulia R. Zakharova[1], Veronica I. Teterina[1], Nickolai A. Davidovich[2], Olga I. Davidovich[2], Yuliia A. Podunay[2], Daria P. Petrova[1]

[1]Limnological Institute, Siberian Branch, RAS (Russia, Irkutsk)
[2]Vyazemsky Karadag Scientific Station of Kovalevsky Institute of Biology of the Southern Seas, RAS (Russia, Feodosia)

Diatoms demonstrate a high degree of differentiation, which allows them to quickly adapt to new environmental conditions. We analyzed genetic differentiation for monoclonal strains of the genus *Ulnaria* isolated from geographically distant water bodies. As a result of the *cox*1 analysis, it was found that the species *Ulnaria acus*, *Ulnaria danica* and *Ulnaria ulna* are characterized by

population heterogeneity. It was found that the species *U. acus* has geographic isolation, as exemplified by the genotype from Lake Matano. For *U. danica* and *U. ulna* the geographical isolation of individual genotypes was not detected. In the course of our work, for the first time we were able to establish the fact of interspecific hybridization of diatoms by analyzing marker genes: nuclear (18S rRNA), chloroplast (*rbc*L) and mitochondrial (*cox*1, *atp*6).

Key words: Diatoms; 18S rRNA; *cox*1; *atp*6; *rbc*L; horizontal gene transfer; mitochondrial genes

References

1. Podunay Y.A. Sexual reproduction, the system of crossing and biogeography of representatives of the genus *Ulnaria* (Kutzing) Compere (Bacillariophyta): abstract of the dissertation of the cand: PhD Dissertation abstract. Sevastopol, 2022. 23 p. (In Russ.)

2. Podunay Y.A., Davidovich O.I., Davidovich N.A. Reproductive compatibility of European populations of two species of *Ulnaria* (Bacillariophyta). *Vestnik Moskovskogo universiteta. Seriya 16. Biologiya.* 2021. V. 76 (2). P. 76–82. (In Russ.).

3. Zakharova Y., Marchenkov A., Petrova D., Bukin Y., Morozov A., Bedoshvili Y., Podunay Y., Davidovich O., Davidovich N., Bondar A., Kahlert M., Likhoshway Y. Delimitation of Some Taxa of *Ulnaria* and *Fragilaria* (Bacillariophyceae) Based on Genetic, Morphological Data and Mating Compatibility. *Diversity.* 2023. V. 15, № 271. P. 1–26. DOI: https://doi.org/10.3390/d15020271

ССЫЛКА НА СТАТЬЮ:

Налимова М.А., Марченков А.М., Захарова Ю.Р., Тетерина В.И., Давидович Н.А., Давидович О.И., Подунай Ю.А., Петрова Д.П. Горизонтальный перенос митохондриальных генов у перистых бесшовных диатомей // Вопросы современной альгологии. 2025. № 1 (37). Р. 79–83. URL: http://algology.ru/2135

Nalimova M.A., Marchenkov A.M., Zakharova Yu.R., Teterina V.I., Davidovich N.A., Davidovich O.I., Podunay Yu.A., Petrova D.P. Horizontal transfer of mitochondrial genes in pennate araphid diatoms. *Voprosy sovremennoi algologii (Issues of modern algology)*. 2025. № 1 (37). P. 79–83. URL: http://algology.ru/2135

DOI – https://doi.org/10.33624/2311-0147-2025-1(37)-79-83; EDN – DDINPJ