

## Суанобактерия-биоиндикаторы озёр Кабан, определённые по гену 16S рРНК

Научный руководитель – Фролова Людмила Леонидовна

*Свердруп Антоний Элиас*

*Студент (бакалавр)*

Казанский (Приволжский) федеральный университет, Институт фундаментальной  
медицины и биологии, Казань, Россия  
*E-mail: Anthony.Sverdrup8@gmail.com*

Система озёр Кабан состоит из трёх озёр, расположенных в г.Казани, на которых проводится мониторинг качества воды комплексными методами, включая биоиндикацию. По оценкам экологов озера находятся в переходном состоянии от загрязнённых (*b*-мезосапробных) к чистым (*o*-сапробным). Виды-индикаторы, используемые для оценки экологического состояния озёр Кабан, включают представителей отдела *Cyanobacteria*. В настоящее время описано более 1000 видов, из которых только 76 видов используются в качестве индикаторов состояния водной среды [2]. Определение большего количества видов-индикаторов повысит точность и достоверность оценки.

В работе приведены результаты исследования гипотетического хода эволюции *Cyanobacteria* по гену *16S pРНК*, который используется в качестве маркерного гена для идентификации прокариот (*Bacteria*), с целью определения новых видов-потенциальных биоиндикаторов для повышения точности оценки качества водной среды.

Инновационный подход базируется на последних достижениях в области биоинформатики и молекулярной филогении с использованием современных компьютерных технологий [1]. Филогенетические деревья по гену *16S pРНК Cyanobacteria* построены методами присоединения соседей и максимальной экономии.

Анализ молекулярных филогенетических деревьев 16 видов *Cyanobacteria* озёр Кабан по секвенированным последовательностям гена *16S pРНК* показал кластеризацию видов-индикаторов с неиндикаторными видами (рис.1). Все виды *Cyanobacteria* распределились в 5 кластеров с бутстреп-поддержкой от 51% до 100%. Кластер 2 не рассматривается ввиду среднего бутстреп-значения (51%). Высокие бутстреп-значения в кластерах 1, 3-5 (85-100%) указывают на высокую вероятность эволюционного родства входящих в кластеры видов и позволяют предположить, что гидробионты-неиндикаторы могут быть определены как индикаторы той же сапробности, что и сапробионты из того же кластера: в 1-ом кластере - виды *Snowella rosea* и *Merismopedia glauca* из одного порядка *Synechococcales* - как *b*-мезосапробы; в 3-ем кластере - виды *Oscillatoria limnetica* и *Phormidium mucicola* из одного семейства *Oscillatoriaceae* - как *o-b*-сапробионты; в 4-ом кластере - виды рода *Anabaena* - *A.affinis*, *A.flos-aquae*, *A.sheremetevi*, *A.variabilis* и *A.austugmalis* - как *b*-мезосапробионты; в 5-ом кластере - виды *Merismopedia tenuissima* и *Oscillatoria planctonica* из одного класса *Cyanophyceae* - как *a-b*-мезосапробионты.

Таким образом, по результатам филогенетического исследования по гену 16S рРНК Суанобактерии озёр Кабан определены 6 новых видов - индикаторов загрязнённых вод. Экспресс-метод определения индикаторных видов может быть использован для любых организмов, для которых проведены секвенирования по генам [3]. Полученные результаты представляют большой практический интерес для дальнейших исследований.

### Источники и литература

- 1) Фролова Л.Л., Свердруп А.Э. Способ определения сапробности гидробионтов для оценки экологического состояния водоёмов / Патент RU 2698651 Российская Федерация. Приоритет от 16.11.2018. Опубликовано 28.08.2019. Бюллетень № 25.
- 2) Sladeček, V. System of water quality from biological point of view // Egetnisse der Limnologie. 1973. V.7. 218P.
- 3) Sverdrup, A.E., Frolova, L.L. A new approach for the determination of species saprobity for water quality monitoring based on the molecular phylogeny // ИОАВ Journal. 2019. V.10(4). P.34-41. (WoS).

### Иллюстрации

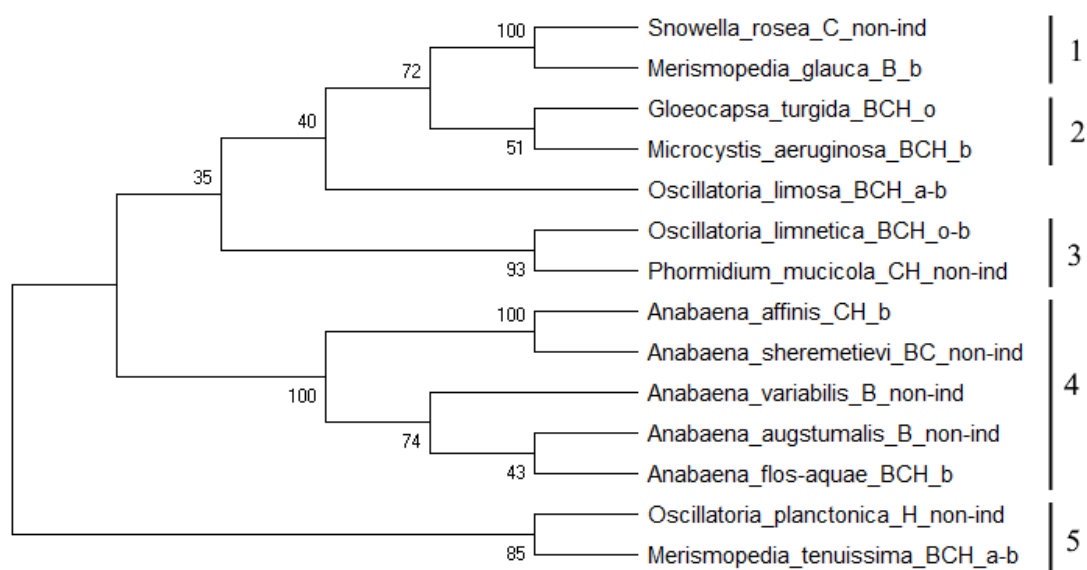


Рис. 1. Филогенетическое дерево по гену 16S рРНК Cyanobacteria озёр Кабан