

© Коллектив авторов, 2017

УДК 579.2

Д.В. Пошвина, Е.А. Селиванова, Ю.А. Хлопко, А.О. Плотников

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ 18S МЕТАГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ДЛЯ ОЦЕНКИ РАЗНООБРАЗИЯ ПРОТИСТОВ В ГИПЕРГАЛИННЫХ ВОДОЕМАХ

Институт клеточного и внутриклеточного симбиоза УрО РАН, Оренбург, Россия

Цель. Оценка разнообразия протистов в гипергалинных озерах методом высокопроизводительного секвенирования.

Материалы и методы. Материалом для исследования послужили образцы воды гипергалинных водоемов - оз. Тузлучное (Оренбургская область), оз. Кулат (Челябинская область). Тотальную ДНК выделяли комбинированным методом, включающим механическую гомогенизацию и ферментативный лизис. 18S метагеномное секвенирование ДНК-библиотек проводили на секвенаторе MiSeq (Illumina, США). Данные по составу сообществ обрабатывали комплексом биоинформатических программ.

Результаты. Впервые методом высокопроизводительного секвенирования исследовано разнообразие эукариот двух озёр, сходных по минерализации - Тузлучное (Оренбургская область) и Кулат (Челябинская область). В озере Тузлучное преобладали представители филума *Chlorophyta*. Доминирующее положение занимали зеленые водоросли рода *Nannochloris*. Среди выявленных протистов многие не идентифицированы, и возможно представляют собой новые виды. Видовое разнообразие протистов озера Кулат было незначительным. Доминирующие ОТЕ были представлены жаброногими ракообразными *Branchiopoda*.

Заключение. Видовое богатство эукариот озера Тузлучное было значительным, зарегистрировано 48 ОТЕ, из которых 45 были классифицированы как протисты, тогда как в озере Кулат зарегистрировано 17 ОТЕ, из которых только 4 были классифицированы как протисты, что, по-видимому, связано с массовым развитием рачков *Artemia salina*. Таким образом, современные молекулярно-генетические методы позволяют получать полную информацию о составе сообществ эукариот в соленых водоемах.

Ключевые слова: гипергалинные водоемы, протисты, метагеномный анализ, высокопроизводительное секвенирование.

D.V. Poshvina, E.A. Selivanova, Yu.A. Khlopko, A.O. Plotnikov

APPLICATION OF 18S METAGENOMIC SEQUENCING FOR EVALUATING PROTISTAN DIVERSITY IN HYPERHALINE WATER BODIES

Institute for Cellular and Intracellular Symbiosis UrB RAS, Orenburg, Russia

Objective. Evaluation of the diversity of protists in the hypersaline lakes with high-throughput sequencing.

Materials and methods. For the study samples of water were taken from hypersaline lakes Tuzluchnoe (Orenburg region) and Kulat (Chelyabinsk region). Total DNA was extracted by a combined method, including mechanical homogenization and enzymatic lysis. 18S metagenomic sequencing of the DNA libraries was conducted in the MiSeq sequencer (Illumina). Data analysis was carried out using a complex of bioinformatic programs.

Results. For the first time, diversity of eukaryotes has been studied with high-throughput sequencing in two similar in mineralization lakes Tuzluchnoe (Orenburg region) and Kulat (Chelyabinsk region). Representatives of the phylum *Chlorophyta* prevailed in Tuzluchnoe Lake. Green algae of the genus *Nannochloris* were predominant. Many of the OTU revealed were not

identified and possibly represent new species. Species diversity of protists in Kulat Lake was narrow. The dominant OTUs were represented by the fairy shrimps *Branchiopoda*.

Conclusion. Species richness of the eukaryotes in Tuzluchnoe Lake was significant, 48 OTU were recorded, 45 of which were classified as protists, as well as 17 OTUs in Kulat Lake were recorded, including 4 OTUs of protists. That fact is apparently associated with mass development of *Artemia salina* in Kulat Lake. Thus, modern molecular genetic methods allow to obtain complete information on the composition of eukaryotic communities in salt water bodies.

Key words: hypersaline water bodies, protists, metagenomic analysis, high-throughput sequencing.