

淡绿杜洛埃藻(*Drouetiella lurida*)——分离自中国西藏的蓝藻新记录种

王捷^{1a,b}, 张婷^{1a}, 蔡芳芳², 董建新^{1a}, 李艳晖^{1a,b}, 刘琪³

(1.太原师范学院 a.生物科学与技术学院;b.汾河流域地表过程与资源生态安全山西省重点实验室,山西 晋中 030619;
2.武汉轻工大学 动物科学与营养工程学院,武汉 430023;3.山西大学 生命科学学院,太原 030006)

摘要:杜洛埃藻属(*Drouetiella* Mai, Johansen & Pietrasiak)中的物种具有形态可塑性,容易与细点丝藻科(Oculatellaceae)的其他物种混淆,该属中的藻株从陆地生物群落中分离,采用包括分子手段、形态特征和生态信息相结合的多相方法进行表征.从中国西藏自治区拉萨市的潮湿土壤分离出一株丝状蓝藻,编号为 SXACC0052,形态上与淡绿杜洛埃藻(*Drouetiella lurida* (Gomont) Mai, Johansen & Pietrasiak)相似,藻丝都呈现橄榄绿色,有无色且坚固的鞘,横壁不收缩或稍微收缩,没有观察到假分枝.16S rRNA 基因与 16S-23S rRNA ITS 序列显示出这株蓝藻与淡绿杜洛埃藻有较高的相似度,并且在系统发育树中聚为一支,步展值分别为 98/78/1 和 85/99/0.89.此外,这株丝状蓝藻的 ITS 二级结构与淡绿杜洛埃藻的结构相似度较高,进一步表明这株丝状蓝藻属于淡绿杜洛埃藻.杜洛埃藻属是我国首次报道的新记录属,淡绿杜洛埃藻是我国首次报道的新记录种.该种的发现丰富了我国蓝藻物种多样性,为保护和持续了解藻种资源提供理论依据.

关键词:淡绿杜洛埃藻;西藏;蓝藻;新记录;系统发育

中图分类号:Q949.22

文献标志码:A

文章编号:1000-2367(2025)02-0063-10

蓝藻也称为蓝细菌,是一种光合自养生物,通常被认为是最重要的初级生产者^[1].蓝藻分布广泛,由于能分化出特殊的细胞(如异形胞和厚壁孢子),可以在极端环境中生存^[2].欧洲和亚洲对蓝藻的研究有着悠久的历史^[3],但某些地区蓝藻的多样性仍然被低估.我国对蓝藻的研究主要集中在水华蓝藻的治理^[4]、蓝藻多糖提取^[5]、蓝藻食品^[6]以及蓝藻分类鉴定^[7]等方面.在江西、云南、山西、重庆、四川等地区对蓝藻的几项研究表明^[8-10],我国的蓝藻类群还有许多未发现的物种,进一步探索我国蓝藻的物种多样性是十分必要的.

在现代蓝藻分类学中,单系属是利用基因、形态和生态学数据建立的^[11].基于这种多相分类方法,STRUNECKÝ等^[12]在2023年已经建立了一个新的蓝藻分类系统,目前包括20个目,800多个属和5000个分类单元.近年来,丝状蓝藻经历广泛的分类学修订,特别是有争议的细鞘丝藻科(Leptolyngbyaceae),很多蓝藻在早期被划分到该科中^[13-14],直到MAI等^[15]在2018年将细鞘丝藻科又进一步划分为Oculatellaceae和Trichocoleaceae,同时描述了6个新属,分别是*Cartusia*、*Drouetiella*、*Kaiparowitsia*、*Komarkovaea*、*Pegethrix*和*Tildeniella*,细鞘丝藻科的分类修订为实现蓝藻的单系属奠定基础.随后的分类学研究将Oculatellaceae科

收稿日期:2024-03-20;修回日期:2024-04-15.

基金项目:国家自然科学基金(31970217;32000166);山西省应用基础研究计划(面上项目)(20210302124302);中央水生
态环境保护专项项目(拉萨河流域水生生态调查评估).

作者简介:王捷(1984—),男,山西河曲人,太原师范学院副教授,博士,研究方向为藻类分类及系统演化,E-mail:nostoc@126.com.

通信作者:刘琪,山西大学教授,博士,博士生导师,E-mail:liuqi@sxu.edu.cn.

引用本文:王捷,张婷,蔡芳芳,等.淡绿杜洛埃藻(*Drouetiella lurida*)——分离自中国西藏的蓝藻新记录种[J].河南师范大学学报(自然科学版),2025,53(2):63-72.(Wang Jie, Zhang Ting, Cai Fangfang, et al. *Drouetiella lurida*: a new record species of cyanobacteria isolated from Xizang, China[J]. Journal of Henan Normal University(Natural Science Edition), 2025, 53(2): 63-72. DOI:10.16366/j.cnki.1000-2367.2024.03.20.0003.)

中的已知属增加到了 21 个^[12],但是由于缺乏清晰的形态学特征,这些新种和新属很难通过光学显微镜进行准确鉴定.

杜洛埃藻属是由 MAI 等^[15]在 2018 年建立的新属,属于细点丝藻目(Oculatellales)细点丝藻科(Oculatellaceae),目前有 5 个种被有效描述,模式种是淡绿杜洛埃藻.该属具有单个假分枝,具有无色坚固的鞘,在横壁处稍微收缩,末端细胞圆柱形.在区分新属杜洛埃藻属的过程中,MAI 等^[15]描述了 2 个新种 *Drouetiella fasciculata* 和 *Drouetiella hepatica*,作者还将 *Phormidium lurandum* 分到杜洛埃藻属中,之后 KIM 等^[16]从韩国大邱广域市的石碑上分离出了 *Drouetiella epilithica*,DAVYDOV 等^[17]也从俄罗斯科米共和国的乌拉尔山分离并描述了一个新种 *Drouetiella ramosa*.在系统发育分析中杜洛埃藻属具有单独的进化枝,具有与其他物种不同的二级结构,还有许多未定种的序列如 *Drouetiella* sp.V16 等需要重新修订^[18].

杜洛埃藻属物种最早从美国的土壤中分离得到^[15],最近在韩国^[16]和俄罗斯^[17]发现该属的其他新种,但目前该属物种在我国还未见报道和描述.本文首次报道了采自我国西藏自治区的淡绿杜洛埃藻,通过形态特征、生态学和系统发育学结合的多相方法对其进行分类鉴定.新记录种的报道增加了中国蓝藻物种多样性,为保护和研究藻种种质资源提供基础.

1 材料与方法

1.1 样品采集

2023 年 7 月,在中国西藏自治区拉萨市柳东大桥旁(29°35′57″N,91°20′54″E)使用小刀和镊子采集藻种,将采集到的样品装入收集瓶中,一份用福尔马林固定保存,一份用于藻株分离纯化与培养,采集地环境因子如下:海拔为 3 620 m,温度为 16.2 ℃,pH 值为 8.41.

1.2 藻株分离纯化与培养

将采集的样品进行富集培养,在显微镜下采用经典的毛细管分离法^[19]分离纯化藻株,首先在倒置显微镜下挑取单根藻丝体,ddH₂O 清洗多次,最后放入含有 2 mL BG11 培养基的 24 孔细胞培养板中培养,4~5 周便可得到单克隆藻种.镜检若为纯培养藻种,可转入 250 mL 三角瓶中扩大培养,放置在恒温光照培养箱中,保持光照强度 2 000 lx,温度(25±1) ℃,光周期 12 h : 12 h^[20],纯化后的藻种保藏于太原师范学院淡水藻种库中,藻株编号为 SXACC0052.

1.3 形态特征

野外采集到的样品及实验室纯化后的藻株使用 Nikon Eclipse NI 型光学显微镜^[21]观察其形态特征,藻种的显微图片使用外接电脑的 NIS-Elements D 5.20 软件进行拍摄,同时测量藻丝及顶端细胞的尺寸,尺寸由“min-average-max”表示,每个样本至少包含 35 个藻丝体.拍摄的照片使用软件 Adobe Illustrator CS5 和 Adobe Photoshop CC 2019 SP 20.0.0 进行处理.

1.4 分子生物学分析

1.4.1 DNA 提取、PCR 扩增及序列测定

使用 CTAB 法^[22]提取藻株的 DNA,将提取到的 DNA 放入-20 ℃的冰箱中保存备用.选取 16S rRNA 基因和 16S-23S rRNA ITS 序列进行系统发育分析,用于扩增 16S rRNA 基因序列的引物为 F1^[23](5′-TT-GATCCTGGCTCAGGATGA-3′)和 1 492^[24](5′-GGTTACCTTGTTACGACTT-3′),用于扩增 16S-23S ITS 区域的引物为 322(5′-CTCTGTGTGCCTAGGTATCC-3′)和 340^[25](5′-GGGGAATTTTCCGCAAT-GGG-3′).

PCR 反应体系:2 μL 基因组 DNA、正反引物各 3 μL(10 μmol/L),0.5 μL Taq DNA 聚合酶(83.35 nkat/μL)、4 μL dNTP 混合液(2.5 mmol/L)、5 μL 10 ×Easy Taq Buffer 和 32.5 μL ddH₂O.PCR 扩增程序为:95 ℃下预变性 3 min,95 ℃变性 30 s,55 ℃退火 30 s,72 ℃延伸 50 s,这个阶段进行 35 次循环^[7],最后,在 72 ℃下延伸 5 min.用质量分数 1%琼脂糖凝胶电泳法检验 PCR 产物,以确保获得预期扩增的序列.将纯化的 PCR 产物进行双向测序,测序由北京华大基因公司完成.测序后的序列提交到 NCBI(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)GenBank 数据库中,登录号为 PP413587 和 PP413588.

1.4.2 构建系统发育树

将测序获得的序列与 NCBI 数据库中的序列进行比对,选取并下载相似度较高和有代表性的序列进行系统发育树的构建.为了确定分离的藻株的归属和系统发育位置,使用软件 Bio Edit 7.0 中的 Clustal W 对序列进行多重比对分析^[26-27],然后编辑序列,切除未对齐的两端序列并用目视检查,将对齐的序列利用软件 MEGA 11^[28]采用邻接法(NJ)和最大简约法(MP)构建系统发育树,使用软件 RAxML Version 8^[29]构建最大似然(ML)系统发育树,最适模型是由 MEGA 11 中 Find Best DNA/Protein Models 程序对相关序列进行测试,在 Model Finder 的 Akaike 信息准则(AIC)下^[30],最佳拟合模型为 GTR+G,通过使用 1 000 次重复的引导分析来估计系统发育树的稳健性^[31].利用 Mrbayes 3.1.2^[32]进行贝叶斯分析,运行 1 000 000 代,每 100 代取样,去除前 25%样本树,剩余样本构建系统树,分枝支持率用贝叶斯后验概率表示,使用软件 Fig Tree version 1.4.2^[33]对贝叶斯树进行编辑处理.以 *Gloeobacter violaceus* PCC7421 作为一个外类群,构建的系统发育树使用软件 Adobe Illustrator CS5 进行处理.

1.4.3 ITS 二级结构预测

16S-23S rRNA 序列比对后剪切对齐,使用软件 RNA structure 5.7^[34]预测藻株的二级结构,分析并对比藻株的 D1-D1'、Box-B 以及 V3 螺旋结构,进一步对该藻株进行分类鉴定.所有藻株的结构格式都在 Adobe Illustrator CS5 中进行修改.

2 结 果

2.1 形态描述

藻株橄榄绿色或蓝绿色,多数藻丝单生,有时缠绕在一起(图 1).丝状体直或稍微弯曲,直径约为(1.9/2.2/2.5) μm (最小值/均值/最大值).鞘坚硬,清晰且薄,偶尔加宽(图 1 蓝色箭头).藻丝由圆柱形的细胞组成,细胞大多等径,在分裂的藻丝中变得长大于宽,细胞宽(1.8/2.1/2.4) μm ,长(1.4/2.1/2.8) μm ,在横壁处不收缩或略微收缩.末端细胞圆形,没有观察到假分支,无藻殖段,没有帽状体,存在死细胞(图 1 红色箭头),通过藻丝断裂而繁殖(表 1).

参考藻株:*Drouetiella lurida* SXACC0052.

分布:中国西藏自治区拉萨市柳东大桥旁.
生境:潮湿土壤.

2.2 系统发育分析

测序得到藻株 SXACC0052 的 16S rRNA 基因序列长度为 1 308 bp,其与杜洛埃藻属藻株的 16S rRNA 序列相似度为 95.76%~99.25%,与淡绿杜洛埃藻的 16S rRNA 基因序列相似度>99%(表 2).选择与藻株 SXACC0052 相似度较高的序列,以 *Gloeobacter violaceus* PCC7421 为外类群,采用 ML、NJ 和 BI 法构建包

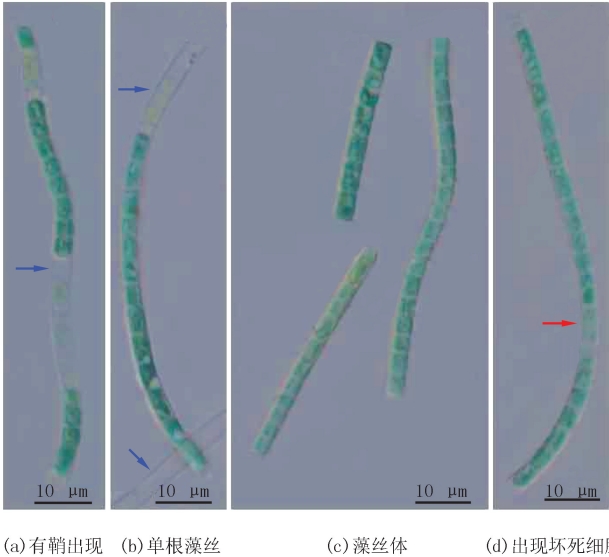


图1 *Drouetiella lurida* SXACC0052 的光学显微镜照片
Fig.1 Light micrographs of *Drouetiella lurida* SXACC0052

括 56 个蓝藻类群的系统发育树,3 种方法具有较为一致的分支位点的拓扑结构,文中展示了采用 ML 法构建的系统发育树,在图中分支节点处标出了 ML/NJ/BI 的步展支持值和后验概率(图 2).16S rRNA 基因系统发育树主要包括 10 个属,培养和测序的这株丝状蓝藻 SXACC0052 分布在杜洛埃藻属的进化枝中(图 2 红色进化枝),并且与淡绿杜洛埃藻聚为一支(图 2 红色字体),具有较高的步展支持值和后验概率,为 98/78/1,与杜洛埃藻属中的其他物种分离.

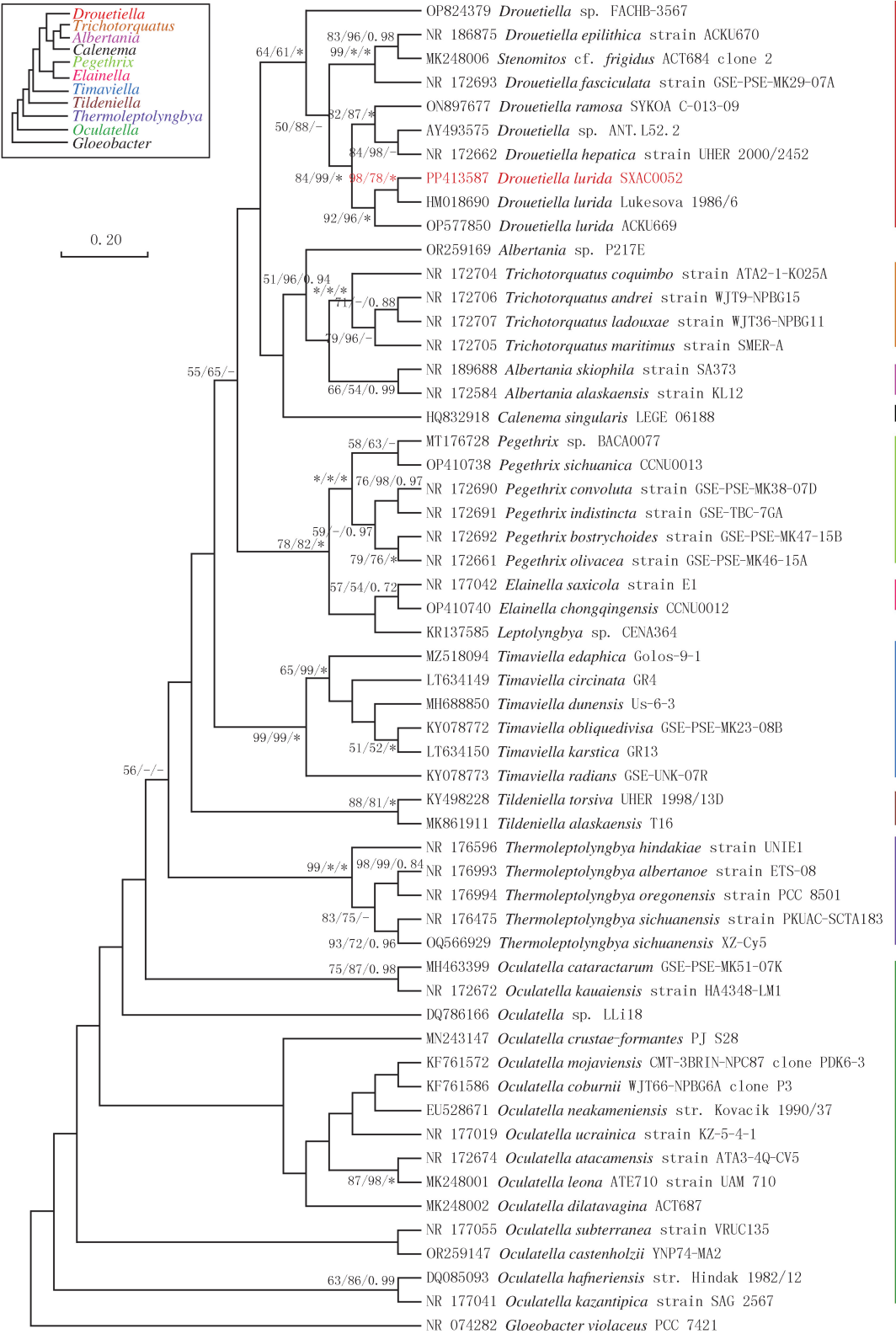
表 1 淡绿杜洛埃藻株与 SXACC0052 之间的形态比较
Tab. 1 Morphological comparison between *Drouetiella lurida* and SXACC0052

特征	Lukesova 1986/6	KPABG 4163	KPABG41662	KPABG610005	SXACC0052
藻株颜色	红棕色	绿色	橄榄绿色	绿色	橄榄绿色
	橄榄绿色	橄榄绿色		蓝绿色	蓝绿色
假分枝	不存在	存在	存在	不存在	没有观察到
横壁收缩	不收缩或稍微收缩	收缩	稍微收缩	收缩	不收缩或稍微收缩
细胞宽度/ μm	1.7/1.9/2.1	1.9/2.2/2.5	1.6/2.0/2.4	1.6/2.5/3.4	1.8/2.1/2.4
细胞长度/ μm	2.1/3.0/3.9	1.2/1.9/2.6	1.9/2.5/3.1	1.5/2.8/4.1	1.4/2.1/2.8
坏死细胞	不存在	存在	存在	不存在	存在
藻殖段	没有	没有	没有	罕见的	没有
栖息地	土壤	河中的石头	泥上的结壳	土壤结皮	潮湿土壤

表 2 杜洛埃藻属的 16S rRNA 基因相似性比较
Tab. 2 Sequence similarity comparison of the 16S rRNA gene between SXACC0052 and *Drouetiella* strains %

藻株	1	2	3	4	5	6	7	8
1. <i>Drouetiella lurida</i> SXAC0052								
2. <i>Drouetiella epilithica</i> strain ACKU670	96.09							
3. <i>Drouetiella fasciculata</i> strain GSE-PSE-MK29-07A	95.76	98.76						
4. <i>Drouetiella hepatica</i> strain UHER 2000/2452	97.97	96.21	96.32					
5. <i>Drouetiella lurida</i> ACKU669	99.18	96.43	96.42	98.19				
6. <i>Drouetiella lurida</i> Lukesova 1986/6	99.25	96.63	96.40	97.74	99.04			
7. <i>Drouetiella ramosa</i> SYKOA C-013-09	97.92	96.53	96.53	98.52	98.14	97.96		
8. <i>Drouetiella</i> sp. ANT.L52.2	98.03	96.64	96.63	99.37	98.45	97.85	98.76	
9. <i>Drouetiella</i> sp. FACHB-3567	96.31	95.55	96.09	95.66	96.43	95.73	95.89	96.32

藻株 SXACC0052 的 16S-23S rRNA 序列长度为 658 bp,与杜洛埃藻物种的 16S-23S rRNA 序列相似度较高,其中与 *Drouetiella lurida* Lukesova 1986/6 的相似度最高(表 3).选择藻株 SXACC0052 与杜洛埃藻属内有代表性的序列,以 *Oculatella castenholzii* YNP74-MA2 为外类群,采用 NJ/ML/MP 法基于 16S-23S ITS 区间构建系统发育树,3 种方法具有较为一致的分支位点的拓扑结构,文中展示了采用 NJ 法构建的系统发育树,在图中分支节点处标出了 NJ/ML/MP 的步展支持值(图 3).系统发育树包括 15 个蓝藻类群,藻株 SXACC0052 分布在淡绿杜洛埃藻进化枝中,与 *Drouetiella lurida* KPABG 4163 和 *Drouetiella lurida* Lukesova 1986/6 聚为一支(图 3 蓝色字体),NJ/ML/MP 的步展支持值为 85/99/89,与杜洛埃藻属中的其他物种分离.



注:左上角图片与进化树的每个进化枝对应,红色字体代表研究藻株.*代表自展支持值为100,一代表自展支持值低于50.全文同.

图2 基于16S rRNA基因序列的ML/NJ/BI系统发育树
Fig.2 ML/NJ/BI phylogenetic trees based on 16S rRNA gene sequences

表 3 基于 16S-23S rRNA ITS 序列杜洛埃藻物种之间的 P-距离

Tab. 3 P-distance between *Drouetiella* species based on the 16S-23S rRNA ITS sequence

藻株	1	2	3	4	5
1. <i>Drouetiella lurida</i> SXAC0052					
2. <i>Drouetiella epilithica</i> strain ACKU670	0.19				
3. <i>Drouetiella fasciculata</i> strain GSE-PSE-MK29-07A	0.18	0.18			
4. <i>Drouetiella hepatica</i> strain UHER 2000/2452	0.20	0.23	0.26		
5. <i>Drouetiella lurida</i> Lukesova 1986/6	0.02	0.27	0.27	0.23	
6. <i>Drouetiella ramosa</i> SYKOA C-013-09	0.12	0.15	0.21	0.11	0.15

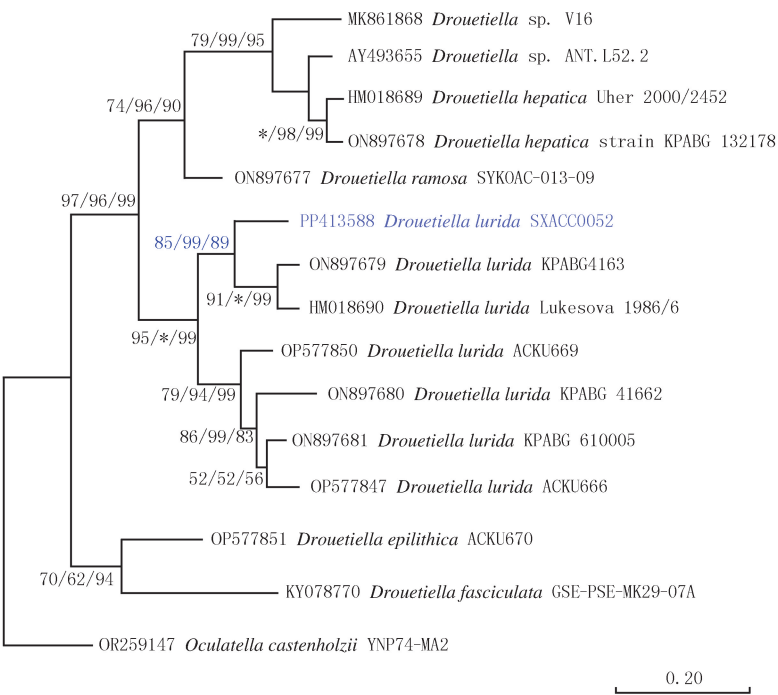


图3 基于16S-23S rRNA ITS序列构建的杜洛埃藻属的NJ/ML/MP系统发育树

Fig.3 NJ/ML/MP phylogenetic trees of *Drouetiella* based on 16S-23S rRNA ITS sequences

2.3 16S-23S rRNA ITS 二级结构分析

藻株 SXACC0052 的 16S-23S rRNA 序列长度为 825 bp,选择 D1-D1'螺旋、Box-B 螺旋和 V3 螺旋这 3 个保守区域进行研究.SXACC0052 与淡绿杜洛埃藻的 D1-D1'螺旋结构大致相同,但有些碱基具有差异(图 4),SXACC0052 的 D1-D1'螺旋含有 64 个核苷酸(图 4(a)),共有 5 个茎环结构,基部茎由 5 个 bp 的螺旋构成,基部 3'侧环由 7 个未配对的核苷酸组成(5'-CAUCCCA-3'),之后是 1 个 1:1 的两侧凸起(U:U),在位置 14-17/41-44 和 23-24/34-35 处具有内环,末端环包含 3 bp 碱基(5'-UAC-3').与 *Drouetiella lurida* Lukesova 1986/6 的结构相同,只有第 10 位和第 30 位的碱基不同(图 4).杜洛埃藻物种的 Box-B 结构高度相似(图 5),SXACC0052 与淡绿杜洛埃藻的 Box-B 结构相同(图 5(a)),Box-B 螺旋 33 个核苷酸长,共有 3 个茎环结构,基部茎由 4 个 bp 的螺旋构成,与淡绿杜洛埃藻相比,SXACC0052 的末端环碱基不同(图 5),末端环包含 5 bp 碱基(5'-GGAAG-3').SXACC0052 的 V3 螺旋结构包括 52 个核苷酸,有 3 个茎环结构,基部茎由 4 个 bp 的螺旋构成,末端环包含 4 bp 碱基(5'-UUAG-3'),与 *Drouetiella lurida* ACKU669 的 V3 螺旋结构相似(图 6(e)),但该藻株碱基发生变化,第 31 位变为尿嘧啶,末端环碱基也不同(图 6 红色字体).从图中可知,藻株 SXACC0052 属于淡绿杜洛埃藻(图 4 至图 6).

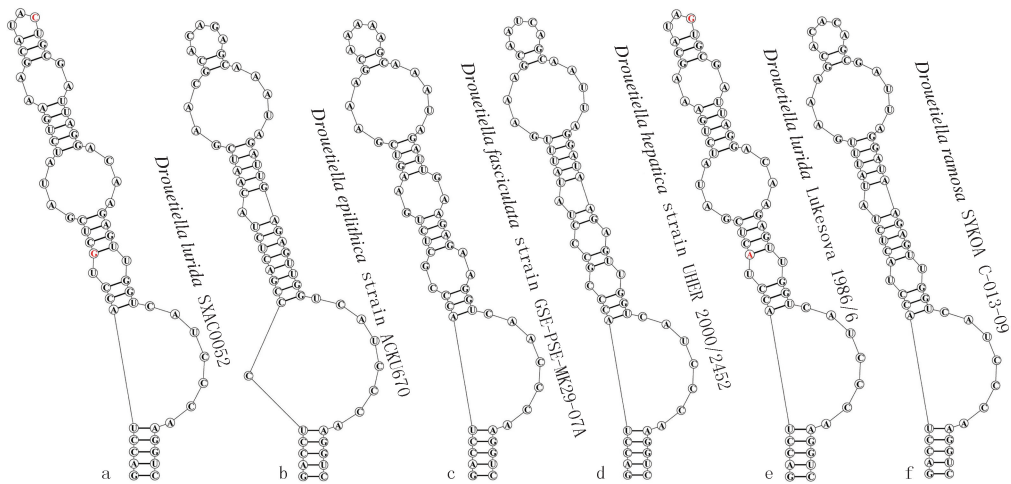


图4 SXACC0052和杜洛埃藻物种的D1-D1' 结构

Fig.4 D1-D1' structures of SXACC0052 and *Drouetiella* species

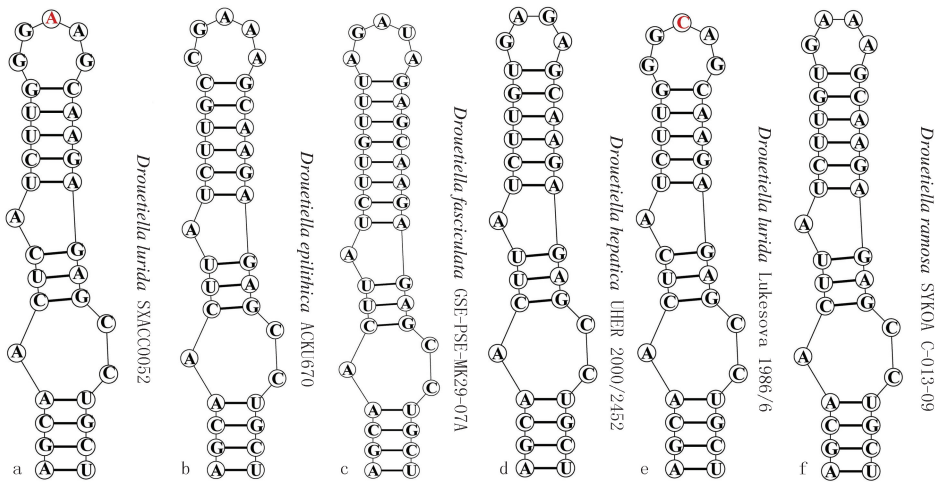


图5 SXACC0052和杜洛埃藻物种的Box-B结构

Fig.5 Box-B structures of SXACC0052 and *Drouetiella* species

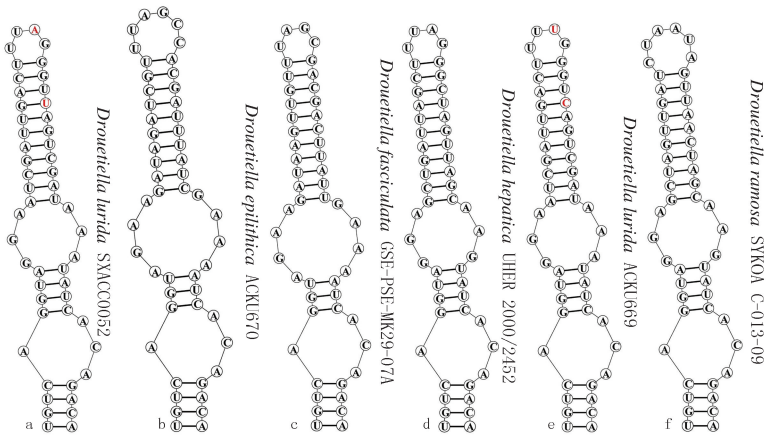


图6 SXACC0052和杜洛埃藻物种的V3结构

Fig.6 V3 helix structures of SXACC0052 and *Drouetiella* species

3 讨 论

目前,细点丝藻科包含 21 属 63 种,该科中各属下物种形态较为相似,仅依靠形态鉴定无法准确区分属以下物种.通过形态特征比较,杜洛埃藻属物种也表现出和其他物种难以区分的丝状体形态^[17],以及它们之间的细胞大小的变异性,因此运用形态学、生态学和分子数据等多相分析方法来进行系统发育分析逐渐成为确定蓝藻正确分类地位的最佳方法.MAI^[15]在 2018 年从细鞘丝藻科(Leptolyngbyaceae)中划分出了细点丝藻科,同时描述了新属杜洛埃藻属和该属中的 3 个新种,分别是 *Drouetiella lurida*、*Drouetiella hepatica* 和 *Drouetiella fasciculata*.在最初的描述中,模式种淡绿杜洛埃藻的特征是红棕色的藻丝^[15].之后,KIM 等^[16]从韩国发现橄榄绿色的淡绿杜洛埃藻,该种的特征是偶尔出现假分枝,横壁收缩或不收缩,同时也描述了该属的新种 *Drouetiella epilithica*,它的藻丝呈现亮蓝绿色,不存在假分枝.DAVYDOV 等^[17]在俄罗斯也发现该属的踪迹,将其描述为新种 *Drouetiella ramosa*.系统发育分析表明,杜洛埃藻属进化枝中存在未定种序列 *Drouetiella* sp.,还有存在细鞘丝藻科(Leptolyngbyaceae)中的某些属,所以该属仍需要进行系统的修订^[18].根据藻类数据库 Algaebase 统计,目前杜洛埃藻属有 5 个物种被有效描述且接受^[35],该属的大部分物种都为陆生种类,并且该属还存在一定的形态可塑性,预计这一特殊的丝状蓝藻类群在未来得到更多的关注和报道.

从我国西藏分离到的丝状蓝藻 SXACC0052 与杜洛埃藻属种的形态特征相似,藻丝橄榄绿色,有无色且坚固的鞘,横壁不收缩或稍微收缩,细胞大小相似,与 MAI^[15]描述的模式种淡绿杜洛埃藻的藻丝颜色不同,并且存在死细胞,这可能是由于不同生境分离的藻株具有微小差异.通过 16S rRNA 基因构建系统发育树,发现 SXACC0052 分布在杜洛埃藻属进化枝中,并且与淡绿杜洛埃藻聚为一支,具有较高支持值(图 2 红色进化枝).与淡绿杜洛埃藻内的几个序列的相似度大于 99%(表 2),高于 2014 年 KIM 等^[36]建议的区分 2 个物种的阈值.运用杜洛埃藻属物种的 ITS 序列构建系统树,发现 SXACC0052 分布在淡绿杜洛埃藻进化枝中,并且与 *Drouetiella lurida* KPABG4163 和 *Drouetiella lurida* Lukesova 1986/6 聚为一支.同时预测 SXACC0052 的二级结构,发现它的 D1-D1'螺旋、Box-B 螺旋和 V3 螺旋这 3 个保守区域都与淡绿杜洛埃藻具有较高的相似度,进一步证实了形态学和系统发育分析的鉴定结果.因此,藻株 SXACC0052 为中国的一个新记录种淡绿杜洛埃藻.

淡绿杜洛埃藻在我国属于首次报道,增加了我国蓝藻的物种多样性.目前,有关杜洛埃藻属的研究报道较少,现主要分布在美国^[15]、韩国^[16]和俄罗斯^[17]等国家.本研究可以更完整地描述杜洛埃藻属的特征,其生态学的研究仍需要更多的藻株来证实.未来期待更多的丝状蓝藻被发现、分离和鉴定,利用更加先进的分子生物学方法探索我国蓝藻的多样性.

参 考 文 献

[1] LINDBERG P,KENKEL A,BÜHLER K.1.Introduction to cyanobacteria[M]//Cyanobacteria in Biotechnology: Applications and Quantitative Perspectives. Cham: Springer International Publishing,2023:1-24.

[2] KOMÁREK J,JOHANSEN J R.Coccoid cyanobacteria[M]//Freshwater Algae of North America.Amsterdam;Elsevier,2015:75-133.

[3] DAVYDOV D,PATOVA E.The diversity of Cyanoprokaryota from freshwater and terrestrial habitats in the Eurasian Arctic and Hypo-arctic[J].Hydrobiologia,2018,811(1):119-137.

[4] 史小丽,杨瑾晟,陈开宁,等.湖泊蓝藻水华防控方法综述[J].湖泊科学,2022,34(2):349-375.

SHI X L,YANG J S,CHEN K N,et al.Review on the control and mitigation strategies of lake cyanobacterial blooms[J].Journal of Lake Sciences,2022,34(2):349-375.

[5] 肖湘玥,韩雯睿,于晓涵,等.鱼腥藻响应温度胁迫的形态及生理策略[J].河南师范大学学报(自然科学版),2024,52(1):135-143.

XIAO X Y,HAN W R,YU X H,et al.Morphological and physiological responses and strategies of Anabaena to temperatures tress[J].Journal of Henan Normal University(Natural Science Edition),2024,52(1):135-143.

[6] 王志忠,穆洁,巩东辉,等.钝顶螺旋藻与五种常见食物营养成分对比分析[J].食品与发酵科技,2023,59(4):111-115.

WANG Z Z,MU J,GONG D H,et al.Comparative analysis of nutritional components of Spirulina platensis from Erdos Plateau and five common foods[J].Food and Fermentation Science & Technology,2023,59(4):111-115.

[7] 肖喆,王捷,石瑛,等.晋阳湖丝状蓝藻的形态学分析与分子鉴定[J].西北植物学报,2022,42(3):427-434.

- XIAO Z, WANG J, SHI Y, et al. Morphological analysis and molecular identification of filamentous cyanobacteria from Jinyang Lake[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2022, 42(3): 427-434.
- [8] CAI F F, YU G L, LI R H. Description of two new species of *Pseudoaliinostoc* (Nostocales, Cyanobacteria) from China based on the polyphasic approach[J]. *Journal of Oceanology and Limnology*, 2022, 40(3): 1233-1244.
- [9] 肖喆, 王捷, 石瑛, 等. 八泉峡一株丝状蓝藻的形态与分子生物学鉴定[J]. *太原师范学院学报(自然科学版)*, 2022, 21(2): 66-69.
- XIAO Z, WANG J, SHI Y, et al. Morphological and molecular identification of A filamentous cyanobacteria from baquan gorge, Changzhi [J]. *Journal of Taiyuan Normal University (Natural Science Edition)*, 2022, 21(2): 66-69.
- [10] SHEN L Q, ZHANG Z C, HUANG L, et al. Chlorophyll f production in two new subaerial cyanobacteria of the family Oculatellaceae[J]. *Journal of Phycology*, 2023, 59(2): 370-382.
- [11] KOMÁREK J. Several problems of the polyphasic approach in the modern cyanobacterial system[J]. *Hydrobiologia*, 2018, 811(1): 7-17.
- [12] STRUNECKÝ O, IVANOVA A P, MAREŠ J. An updated classification of cyanobacterial orders and families based on phylogenomic and polyphasic analysis[J]. *Journal of Phycology*, 2023, 59(1): 12-51.
- [13] ZAMMIT G, BILLI D, ALBERTANO P. The subaerophytic cyanobacterium *Oculatella subterranea* (Oscillatoriales, Cyanophyceae) gen. et sp. nov.: a cytomorphological and molecular description[J]. *European Journal of Phycology*, 2012, 47(4): 341-354.
- [14] SCIUTO K, MOSCHIN E, MORO I. Cryptic cyanobacterial diversity in the giant cave (Trieste, Italy): The New Genus *Timaviella* (Lep- tolyngbyaceae)[J]. *Cryptogamie, Algologie*, 2017, 38(4): 285-323.
- [15] MAI T. Revision of the Synechococcales (Cyanobacteria) through recognition of four families including Oculatellaceae fam. nov. and Tri- chocoleaceae fam. nov. and six new Genera containing 14 species[D]. Cleveland: John Carroll University, 2018.
- [16] KIM D H, LEE N J, WANG H R, et al. *Drouetiella epilithica* sp. nov. and *Drouetiella lurida* (Oculatellaceae, Synechococcales) isolated in the Republic of Korea based on the polyphasic approach[J]. *Phycological Research*, 2023, 71(3): 140-153.
- [17] DAVYDOV D, VILNET A, NOVAKOVSKAYA I, et al. Terrestrial species of *Drouetiella* (cyanobacteria, Oculatellaceae) from the Rus- sian Arctic and subarctic regions and description of *Drouetiella ramosa* sp. nov.[J]. *Diversity*, 2023, 15(2): 132.
- [18] STRUNECKÝ O, RAABOVA L, BERNARDOVA A, et al. Diversity of cyanobacteria at the Alaska north slope with description of two new Genera: *gibliniella* and *shackletoniella*[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2020, 96(3): fiz189.
- [19] RIPPKA R. Recognition and identification of cyanobacteria[J]. *Methods in Enzymology*, 1988, 167: 28-67.
- [20] PACHIAPPAN P, PRASATH B B, PERUMAL S, et al. Isolation and Culture of Microalgae[M]. New Delhi: Springer, 2015.
- [21] VAN RANST G, BAERT P, FERNANDES A C, et al. Technical note: Nikon-TRACKFlow, a new versatile microscope system for fission track analysis[J]. *Geochronology*, 2020, 2(1): 93-99.
- [22] FIORE M F, MOON D H, TSAI S M, et al. Miniprep DNA isolation from unicellular and filamentous cyanobacteria[J]. *Journal of Micro- biological Methods*, 2000, 39(2): 159-169.
- [23] LIN S, WU Z X, YU G L, et al. Genetic diversity and molecular phylogeny of *Planktothrix* (Oscillatoriales, cyanobacteria) strains from China[J]. *Harmful Algae*, 2010, 9(1): 87-97.
- [24] TURNER S, PRYER K M, MIAO V P, et al. Investigating deep phylogenetic relationships among cyanobacteria and plastids by small sub- unit rRNA sequence analysis[J]. *The Journal of Eukaryotic Microbiology*, 1999, 46(4): 327-338.
- [25] ITEMAN I, RIPPKA R, TANDEAU DE MARSAC N, et al. Comparison of conserved structural and regulatory domains within divergent 16S rRNA-23S rRNA spacer sequences of cyanobacteria[J]. *Microbiology*, 2000, 146(Pt 6): 1275-1286.
- [26] 晁爱敏, 于海燕, 肖鹏, 等. 杭州湘湖拉氏拟柱孢藻(*Cylindrospermopsis raciborskii*)藻株的分离及其特征研究[J]. *河南师范大学学报(自然科学版)*, 2021, 49(4): 106-113.
- CHAO A M, YU H Y, XIAO P, et al. Isolation and characterization of a *Cylindrospermopsis raciborskii* strain from Lake Xianghu, Hang- zhou[J]. *Journal of Henan Normal University (Natural Science Edition)*, 2021, 49(4): 106-113.
- [27] 彭焕文, 王伟. 基于分子数据的系统发生树构建[J]. *植物学报*, 2023, 58(2): 261-273.
- PENG H W, WANG W. Phylogenetic tree reconstruction based on molecular data[J]. *Chinese Bulletin of Botany*, 2023, 58(2): 261-273.
- [28] TAMURA K, STECHER G, KUMAR S. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11[J]. *Molecular Biology and Evolu- tion*, 2021, 38(7): 3022-3027.
- [29] STAMATAKIS A. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies[J]. *Bioinformatics*, 2014, 30(9): 1312-1313.
- [30] KALYANAMOORTHY S, MINH B Q, WONG T K F, et al. ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic estimates[J]. *Nature Methods*, 2017, 14(6): 587-589.
- [31] HOANG D T, CHERNOMOR O, VON HAESLER A, et al. UFBoot2: improving the ultrafast bootstrap approximation[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2018, 35(2): 518-522.
- [32] RONQUIST F, HUELSENBECK J P. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models[J]. *Bioinformatics*, 2003, 19(12): 1572-1574.

[33] PINTO A R,MACHADO CUNHA I,REBELO GOMES E.Fig tree-induced phytophotodermatitis:a case report on the perils of a hobby [J].Cureus,2023,15(7):e41888.

[34] REUTER J S,MATHEWS D H.RNAstructure:software for RNA secondary structure prediction and analysis[J].Scientific Reports, 2010,11:129.

[35] GUIRY M D,GUIRY G M.AlgaeBase.World-wide electronic publication,National University of Ireland,Galway[EB/OL].[2023-10-26]. <http://www.algaebase.org/>.

[36] KIM M,OH H S,PARK S C,et al.Towards a taxonomic coherence between average nucleotide identity and 16S rRNA gene sequence similarity for species demarcation of prokaryotes[J].International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology,2014,64(Pt 2): 346-351.

***Drouetiella lurida* : a new record species of cyanobacteria
isolated from Xizang, China**

Wang Jie^{1a,b}, Zhang Ting^{1a}, Cai Fangfang², Dong Jianxin^{1a}, Li Yanhui^{1a,b}, Liu Qi³

(1. a. College of Biological Science and Technology; b. Shanxi Key Laboratory of Earth Surface Processes and Resource Ecology Security in Fenhe River Basin, Taiyuan Normal University, Jinzhong 030619, China; 2. School of Animal Science and Nutritional Engineering, Wuhan Polytechnic University, Wuhan 430023, China; 3. College of Life Science, Shanxi University, Taiyuan 030006, China)

Abstract: Species in the genus *Drouetiella* Mai, Johansen & Pietrasiak are morphologically plastic, easily confused with other species in the family of Oculatellaceae, in which strains are isolated from terrestrial communities and characterized using a polyphasic approach that includes molecular, morphological and ecological information. A filamentous cyanobacteria was isolated from the moist soil of Lhasa, Xizang Autonomous Region, China, named SXACC0052. The morphology of isolated strain was similar to *Drouetiella lurida* ((Gomont)Mai, Johansen & Pietrasiak), the trichomes were olive-green, with colorless and firm sheaths, the cross-walls were not constricted or slightly contracted, no false-branching was observed. The comparative analysis of 16S rRNA gene and 16S-23S rRNA ITS sequences showed that the strain shared high similarities with *Drouetiella lurida* and clustered into a single branch in the phylogenetic tree with bootstrap value of 98/78/1 and 85/99/0.89, respectively. In addition, the ITS secondary structure of this filamentous cyanobacteria has a high similarity to that of *Drouetiella lurida*, which further indicated that this filamentous cyanobacteria belonged to *Drouetiella lurida*. *Drouetiella* is a new record genus reported for the first time in China, *Drouetiella lurida* is a new record species reported for the first time in China. The discovery of this species enriches the species diversity of cyanobacteria in China and provides a theoretical basis for the conservation and continuous understanding of algae resources.

Keywords: *Drouetiella lurida*; Xizang; cyanobacteria; new record; phylogeny

[责任编辑 刘洋 赵晓华]