

First records of members of the genus *Coelastrella* (Chlorophyta) in tundra soils of Duvanny Yar (Sakha Republic, Russia)

Krivina E.^{1*}, Khazanova K.²

¹G.K. Skryabin Institute of Biochemistry and Physiology of Microorganisms Pushchino Scientific Center for Biological Research of the Russian Academy of Sciences, Prospekt Nauki 5, Pushchino, 142290, Russia

²Lomonosov Moscow State University, Leninskie Gory 1, Moscow, 119991, Russia

ABSTRACT. The present study provides the results of morphological, molecular genetic, and biochemical analyses of six strains of green microalgae belonging to the genus *Coelastrella*, isolated from tundra soils of Duvanny Yar, a key reference section of Upper Pleistocene deposits on the right bank of the Kolyma River in the Nizhnekolymsky District of the Republic of Sakha (Russia). Strains were identified using light microscopy and molecular phylogenetic analysis based on internal transcribed spacer ITS2 sequences. Three strains, D2_3c1, D4_8k, and D7_11k, were identified as *C. affinis*; two strains, D2_6a2 and D4_1/5, –as *C. polaris*; and one strain, D4_4/5, –as *C. multistriata*. These findings represent the first documented evidence of the presence of these three species in modern soils of Duvanny Yar. Fatty acid profile analysis revealed that α -linolenic acid dominated in all studied strains, with its concentrations ranging from 35% to 42% of the total fatty acid pool. The highest values were recorded in *C. polaris* strains (40.4–42.1%). *C. polaris* and *C. affinis* strains also exhibited high concentrations of palmitic (20–23%) and linoleic (9–12%) acids. Strain *C. multistriata* D4_4/5 showed significant accumulation of 7,10,13-hexadecatrienoic acid (16%), the concentration of which was 1.6–3.3 times higher than in the other studied strains. The obtained results expand our understanding of the species diversity of the genus *Coelastrella* in Arctic ecosystems and demonstrate the significant biotechnological potential of the isolated strains as producers of polyunsaturated fatty acids for applications in aquaculture and the food industry.

Keywords: Far North, green algae, morphology, phylogeny, fatty acids

For citation: Krivina E., Khazanova K. First records of members of the genus *Coelastrella* (Chlorophyta) in tundra soils of Duvanny Yar (Sakha Republic, Russia) // Limnology and Freshwater Biology. 2026. - № 4. - P. 391–404. DOI: 10.31951/2658-3518-2026-A-4-391

1. Introduction

The genus *Coelastrella*, with the type species *C. striolata*, was described by R.I. Chodat in 1922 and placed within the family Scenedesmaceae (Chlorophyceae, Chlorophyta) (Chodat, 1922; Kalina and Punčochářová, 1987; Novakovskaya et al., 2025). The original description was based solely on light microscopy data. However, accurate identification of representatives of this genus based only on morphological characters is not always possible, as they exhibit heterogeneity. Cell shape varies from oval and spherical to lemon-shaped. Meridional ribs and polar thickenings at the cell poles may be pronounced or absent. In most species, cells are solitary, but some show small tempo-

rary aggregations of cells or colonies, i.e. “cell aggregates” (Kalina and Punčochářová, 1987; Wang et al., 2019; Kawasaki et al., 2020; Wang et al., 2021; Nikulin et al., 2025; Novakovskaya et al., 2025). This genus has a complex taxonomic history and has undergone several revisions based on morphological or molecular data. As a result, some species originally assigned to the genera *Cryptodesmus*, *Scenedesmus*, *Scotiellopsis* (Scenedesmaceae), *Scotiella* (Oocystaceae), and others have been transferred to the genus *Coelastrella* (Kalina and Punčochářová, 1987; Novis and Visnovsky, 2012; Kaufnerová and Eliáš, 2013; Ancona-Canché et al., 2017; Krivina et al., 2024). Currently, the genus includes 23 species (Guiry and Guiry, 2026). At the same time, nucleotide sequences of the 18S rRNA gene

*Corresponding author. E-mail address: pepelisa@yandex.ru (E. Krivina)

Received: July 01, 2026;

Accepted after revised: July 29, 2026;

Available online: August 28, 2026

© Author(s) 2026. This work is distributed under the Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License.



and the internal transcribed spacers ITS1 and ITS2 are known for only 20 species, which somewhat complicates the study of the species diversity of these algae.

Members of this genus are widely distributed around the world and occur on all continents. They are found in soil, water bodies, as part of biological crusts and biofilms on various substrates, and can act as epiphytes of lichens and phycobionts. Many of them are cosmopolitan and are characterized by a wide range of temperature tolerance—from the boreal zone of the Arctic to tropical regions (Wang et al., 2019; Kawasaki et al., 2020; Novakovskaya et al., 2025). However, our knowledge of the species composition of polar algae remains fragmentary, including the ecosystems of the Russian Far North. Duvanny Yar is a unique natural site. It is one of the world's largest exposures of Yedoma (Pleistocene Ice Complex) on the right bank of the Kolyma River in the Nizhnekolymsky District of the Sakha Republic. Its extent reaches 8–10 km, and the thickness of the exposed deposits is up to 50 m. It is one of the key sites (stratotype) for the study of permafrost, Yedoma deposits, and the history of the region. However, information on the species richness of algae in modern soils and their biotechnological potential is practically absent. The available information concerns mainly phototrophic microorganisms isolated from permafrost deposits (Vishnivetskaya et al., 2001; 2020; Vishnivetskaya, 2009).

The study of new *Coelastrella* strains, first isolated from modern soils of Duvanny Yar, is of not only purely scientific but also practical interest. The ability of *Coelastrella* members to accumulate fatty acids and carotenoids, especially under stress conditions, is well known. Many strains of this genus are rich in polyunsaturated fatty acids, including α -linolenic acid—an essential component of a balanced, healthy human diet (Minyuk et al., 2017; Goecke et al., 2020; Maltsev et al., 2021).

Here, we present the results of a study of six *Coelastrella* strains isolated from tundra soils of Duvanny Yar (Republic of Sakha, Russia).

2. Materials and methods

2.1. Study object

The study object was six strains of green algae isolated from soils of Duvanny Yar (Sakha Republic, Russia). This area is located at the boundary between the southern tundra and the forest-tundra of the Kolyma Lowland and is characterized by a mosaic of tundra and sparse larch communities. The climate is sharply continental, of Arctic type, with a long cold winter and a short cool summer. The average January temperature is $-30\ldots-35\text{ }^{\circ}\text{C}$; July temperature is $+10\ldots+14\text{ }^{\circ}\text{C}$, and annual precipitation is low, $\sim 150\text{--}250\text{ mm}$, with permafrost being widespread. This region is characterized by polygonal cryogenic microrelief (biogenic hummocks and cracks associated with ice-wedge occurrence), formed under permafrost conditions. Strain D7_11k was isolated from peat-cryozem, while strains D2_3c1, D2_6a2, D4_8k, D4_1/5, and D4_4/5 were isolated from gleyic peat-cryozem. Sampling was carried

out in September 2019. Soil samples, including peat and litter, were taken from the upper A1 horizon (0–10 cm depth). The material was collected during the period of maximum seasonal thawing. Samples were placed in sealed sterile bags, stored, and transported at $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$.

2.2. Isolation and cultivation of microalgal strains

Algal strains were isolated using the enrichment method in water-soil and Petri dish cultures, as well as by plating soil suspensions on liquid and agarized BG-11 media. Monocultures were obtained by streak plating, followed by the isolation of individual colonies using a Pasteur pipette. The studied strains were then cultivated on solid BG-11 medium (1% agar; pH 7.2) in a climatostat under standard conditions (temperature $21\text{--}23\text{ }^{\circ}\text{C}$; light intensity $60\text{--}75\text{ }\mu\text{mol photons m}^{-2}\text{ s}^{-1}$; photoperiod 12 h).

2.3. Light microscopy

Morphology and life cycles of the studied strains were examined by light microscopy using a Leica DM750 microscope (Germany). Observation results were documented with photographs taken using a Leica Flexacam C3 color digital camera (Germany). Observation periods ranged from 1 week to 12 months. Morphological identification of algal strains encompassed important diagnostic characters such as thallus organization type, cell shape and size, presence of polar thickenings and ribs, ability to form cell aggregates, number and type of chloroplasts, presence of pyrenoid, presence and thickness of mucous sheaths, mode of reproduction, etc. Morphometric measurements were performed using Leica Application Suite X software. For size comparison, at least 100 cells of each strain were measured. The algal classification system adopted in the international electronic database AlgaeBase (Guiry and Guiry, 2026) was used as the basis for this study.

2.4. Total DNA isolation, amplification, purification, and amplicon sequencing

For molecular genetic identification of strains, the second internal transcribed spacer ITS2 was used as a DNA barcode. Total DNA was extracted from strains using the “PhytoSorb” kit (“Syntol”, Russia) following the manufacturer's protocol. For amplification, the ready-to-use mixture Screen Mix-HS (“Evrogen”, Russia) was used. Conditions and primers for ITS2 amplification are specified in Johnson et al. (2007): ITS-AF 5'-CGTTTCCGTAGGTGAACCTGC-3', ITS-BR 5'-CATATGCTTAAGTTCAGCGGG-3' ($95\text{ }^{\circ}\text{C}$, 3 min; $95\text{ }^{\circ}\text{C}$ (30 sec), $57.6\text{ }^{\circ}\text{C}$ (30 sec), $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ (1 min), 35 cycles; $72\text{ }^{\circ}\text{C}$, 10 min). Target PCR products were detected electrophoretically in a 1% agarose gel. Amplicons were purified from the gel using the Cleanup Standard kit (“Evrogen”, Russia). Sequencing was performed at the commercial company “Evrogen” (Russia).

2.5. Molecular phylogenetic analysis

For molecular genetic identification of microalgal strains, a homology search of ITS2 nucleotide sequences was performed using the BLASTn algorithm in GenBank NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov>). Sequence selection was based on criteria of maximum similarity ($\geq 95\%$), read quality (no degenerate or unknown nucleotides), read length, and belonging to type species and authenticated collection strains. Multiple alignment was performed using MAFFT ver. 7 (Kato et al., 2019). Nucleotide substitution models were selected using IQ-TREE v. 2.2, based on the minimum BIC (Bayesian information criterion) value. Phylogenetic reconstruction using maximum likelihood (ML) was performed in PhyML, with Bayesian inference (BI) using the software package BEAST v10.5.0 (Baele et al., 2025). SH-aLRT (Shimodaira-Hasegawa-like approximate likelihood ratio test), ML bootstrap (BP), and BI posterior probabilities (PP) were indicated as statistical support for tree nodes. Convergence of runs and sufficient sampling were checked in Tracer v1.7 (Rambaut et al., 2018), ensuring that all parameters reached effective sample size (ESS) > 200 . Phylogenetic trees were visualized in FigTree v. 1.3.1. Differences between nucleotide sequences were characterized using genetic differences, measured as the percentage of nucleotide mismatches in pairwise comparisons of aligned sequences and calculated in MEGA 11 using the Kimura 2-parameter model (complete deletion) (Tamura et al., 2021).

2.6. Fatty acid composition analysis

To determine the fatty acid (FA) composition of total lipids, pre-fixed biomass was saponified with 1M aqueous-alcoholic alkali (80%), and non-saponifiable components were washed from free FAs with n-hexane. Free FAs were obtained by adding 20% sulfuric acid, extracted with n-hexane, and methylated. Fatty acid methyl esters were analyzed on a Chromatec Crystal

5000.2 NP instrument with a quadrupole MS detector and a Restek Rtx-2330 column (60 m, cat. No. 10726). Total lipids were estimated by the number of esterified FAs per 1 g of dry cell mass. The internal standard was margaric acid. Measurements were performed in three biological replicates (Krivina et al., 2024).

3. Results

All studied strains exhibited *Coelastrella*-like morphology (Fig. 1 A–F, Table 1). Strain D4_4/5 was characterized by ovoid, oval, and round cells with numerous ribs but without apical thickenings (Fig. 1A). Cells of strains D2_6a2 and D4_1/5 were spherical, oval, or broadly oval; ribs and polar thickenings were absent (Fig. 1 B, C). Strains D2_3c1, D4_8k, and D7_11k had solitary, oval, or lemon-shaped cells with eight ribs, with and without polar thickenings at the cell poles (Fig. 1 D–F). Cells of strains D2_3c1, D4_8k, D7_11k, D2_6a2, and D4_1/5 were slightly larger than those of strain D4_4/5 ($4\text{--}11 \times 3\text{--}10 \mu\text{m}$). The chloroplast in young cells of all strains was parietal; in mature cells it disintegrated into disc-shaped plates. There was one pyrenoid with a starch sheath composed of several shells. The number of autospores in strain D4_4/5 reached 16, whereas in other strains it did not exceed 8.

According to the results of molecular genetic analysis using the internal transcribed spacer ITS2 as a phylogenetic marker, all studied strains fell within the genus *Coelastrella* (Fig. 2). Strains D2_3c1, D4_8k, and D7_11k clustered with maximum statistical support with the authenticated strain *C. affinis* VKM A1-356. Genetic distances between them and VKM A1-356 ranged from 0 to 0.8%. Strains D2_6a2 and D4_1/5 formed a single group with the authenticated strain *C. polaris* VKM A1-421 (SH-aLRT–99%, BP–100%, PP – 1.00), and genetic differences did not exceed 0.4%. Strain D4_4/5 fell within a single cluster with the authenticated strain *C. multistriata* CICALA 309 (SH-aLRT–96%, BP–99%, PP–1.00), with genetic distances between them of 0.4%.

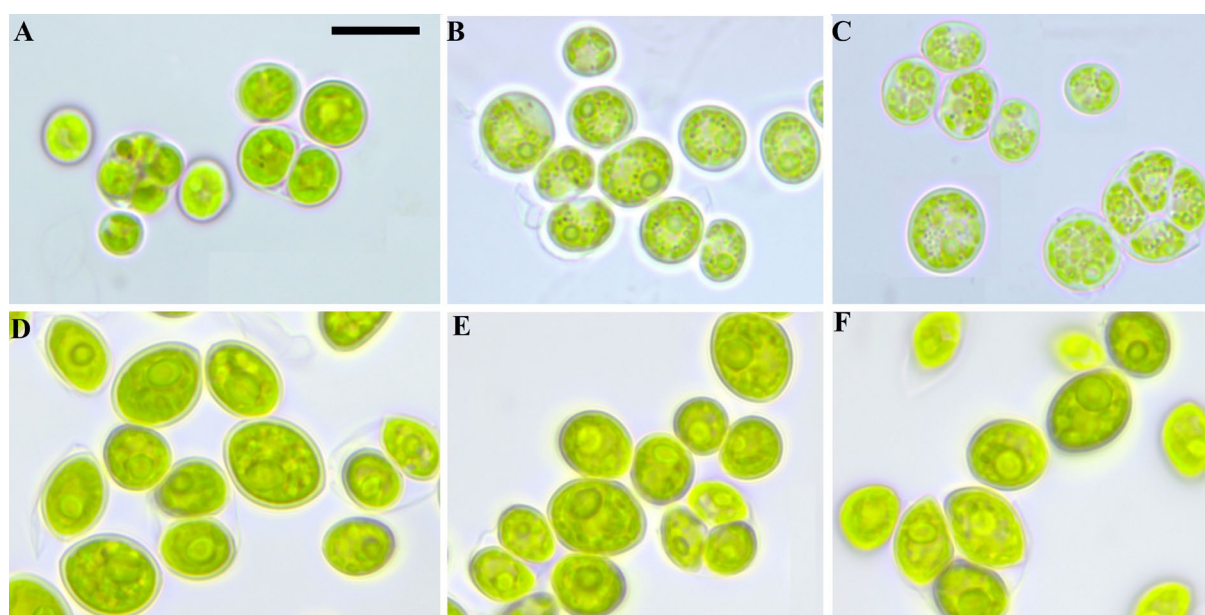


Fig.1. Morphology of the studied strains of the genus *Coelastrella*: (A) *C. multistriata* D4_4/5; (B) *C. polaris* D2_6a2; (C) *C. polaris* D4_1/5; (D) *C. affinis* D2_3c1, (E) *C. affinis* D4_8k; (F) *C. affinis* D7_11k. Scale bar: 10 μm .

Table 1. Morphological characteristics of the studied strains

	Ribs	Apical thickening	Cell aggregates	Cell shape	Cell size, μm	Chloroplast	Number of autospores
<i>C. multistriata</i> D4_4/5	yes	no	sometimes yes	ovoid, ellipsoidal to globose	4–11 $\times$ 3–10	parietal, divided into plate-like segments one of which contains a pyrenoid with starch envelope	2–16
<i>C. affinis</i> D2_3c1, D4_8k, D7_11k	yes	sometimes spindle shape, with and without polar thickenings	no	broadly oval, fusiform or citriform	6–16 $\times$ 4–8	parietal, divided into plate-like segments; single pyrenoid is surrounded by two starch grains and a thylakoid bundle	2–8
<i>C. polaris</i> D2_6a2 и D4_1/5	no	no	no	oval, broadly oval, globose	6–16 $\times$ 4–10	in young cells was parietal, in mature cells in the form of disk-shaped plates	2–8

Analysis of the fatty acid (FA) profile showed that α -linolenic acid (18:3 Δ 9,12,15), which belongs to the group of essential omega-3 unsaturated FAs, predominated in all studied strains. At the same time, its concentration was highest in members of *C. polaris* (*C. polaris* D2_6a2–40%; D4_1/5–42%) compared to the other strains (*C. affinis* D2_3c1–35%; D4_8k–37%;

D7_11k–35%; *C. multistriata* D4_4/5–35%). In members of *C. polaris* and *C. affinis*, palmitic acid (16:0) (20–23%) and linoleic acid (18:2 Δ 9,12) (9–12%) contributed significantly to the FA profile, while in the strain *C. multistriata* D4_4/5, palmitic acid (19%) and 7,10,13-hexadecatrienoic acid (16:3 Δ 7,10,13) (16%) were prominent (Table 2).

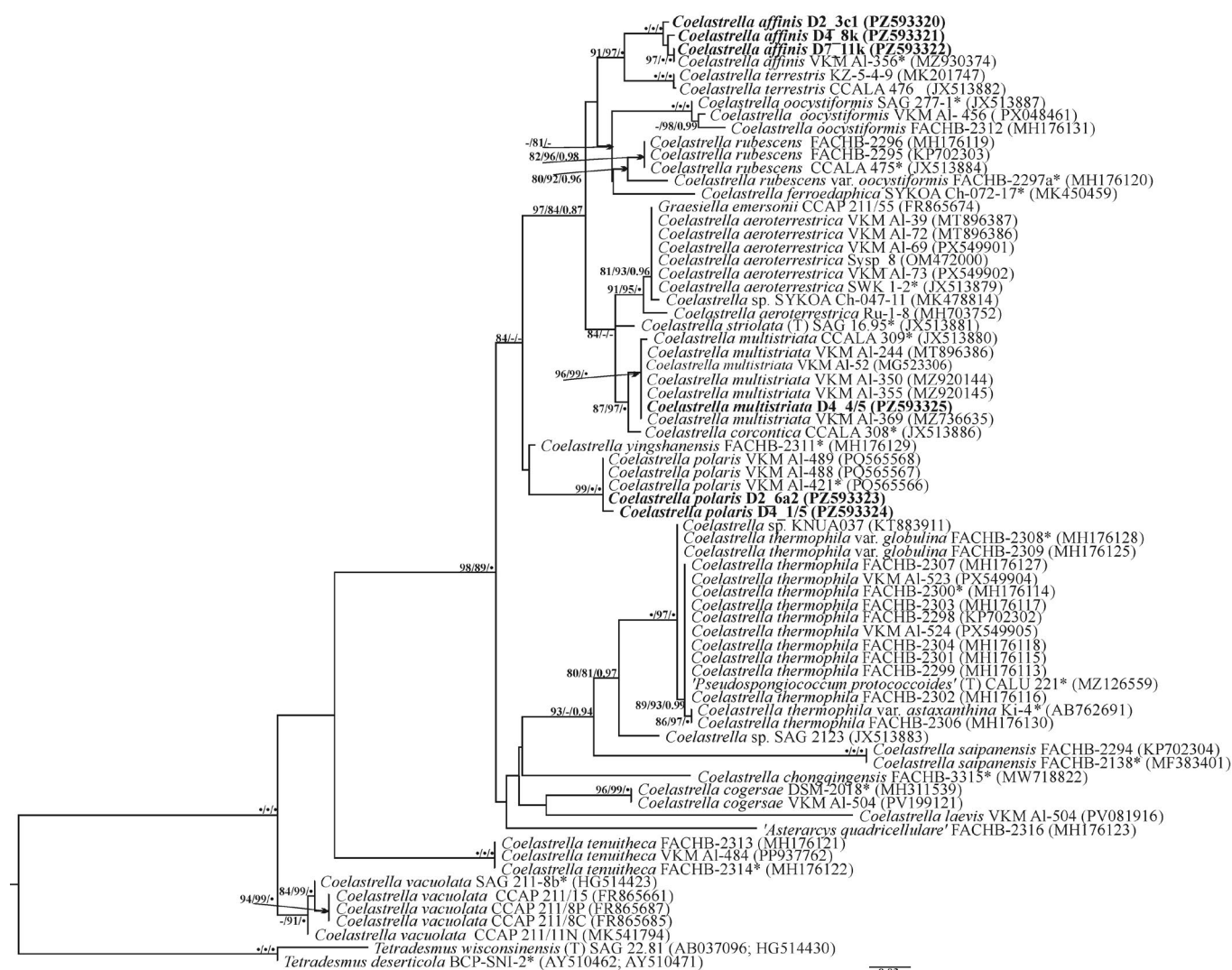


Fig.2. Rooted phylogenetic tree of green algae of the genus *Coelastrella* constructed by Bayesian method based on ITS2 fragment sequences (267 bp). SH-aLRT and BP values below 80% and PP below 0.8 are not shown. Nucleotide substitution model: TIM2 + I + G4. Designations: *—authenticated strain; (T)—type species; —maximum statistical support. Studied strains are shown in bold.

Table 2. Fatty acid profiles of the studied strains, %

Fatty acids	<i>C. multistriata</i> D4_4/5	<i>C. polaris</i> D2_6a2	<i>C. polaris</i> D4_1/5	<i>C. affinis</i> D2_3c1	<i>C. affinis</i> D4_8k	<i>C. affinis</i> D7_11k
14:0	1.5±0.2	0.4±0.1	0.5±0.1	0.3±0.1	0.4±0.1	0.3±0.1
16:0	19.0±0.4	20.4±0.2	22.5±0.4	22±0.3	23±0.4	23±0.2
16:1Δ7	-	-	-	0.5±0.1	0.3±0.1	0.4±0.1
16:1Δ9	1.8±0.1	1.3±0.1	1.2±0.1	0.7±0.2	0.7±0.1	0.7±0.1
16:2Δ7,10	2.4±0.1	1.7±0.1	1.5±0.2	5.4±0.2	4.2±0.1	4.8±0.3
16:3Δ7,10,13	16.0±0.4	4.8±0.3	4.9±0.3	10±0.3	9.8±0.4	9.7±0.3
18:0	2.3±0.3	5.7±0.7	4.7±0.8	3.2±0.4	3±0.2	3.1±0.3
18:1Δ9	7.9±0.1	6.5±0.1	5.6±0.2	7.4±0.1	6.8±0.2	7.0±0.2
18:1 Δ11	6.3±0.1	4.6±0.1	3.6±0.2	2.9±0.1	2.1±0.1	2.7±0.1
18:2Δ9,12	7.1±0.1	9.6±0.1	9±0.1	11.9±0.2	12±0.3	11.7±0.2
18:3Δ9,12,15	35.0±0.9	40.4±0.7	42.1±0.4	35±0.9	37±0.6	35±0.8
21:0	0.3±0.1	-	-	-	-	-
22:0	0.4±0.1	-	-	-	-	-
24:0	-	1.6±0.2	1.6±0.2	0.8±0.1	0.9±0.1	0.8±0.1
26:0	-	2.9±0.9	2.9±0.7	-	-	-

4. Discussion

All studied strains exhibited morphology typical of members of the genus *Coelastrella*: cells oval, spherical, broadly oval, or lemon-shaped; meridional ribs and apical thickenings at the cell poles were present in some strains; the chloroplast was parietal, divided into segments in mature cells; a single pyrenoid with a starch sheath was present; reproduction occurred by autospores (Kalina and Punčochářová, 1987; Kaufnerová and Eliáš, 2013; Wang et al., 2019; Kawasaki et al., 2020; Wang et al., 2021; Nikulin et al., 2025; Novakovskaya et al., 2025). However, due to the morphological heterogeneity of these algae, accurate identification became possible only after molecular genetic analysis using ITS2 as a phylogenetic marker. Strains D2_3c1, D4_8k, and D7_11k were identified as members of *C. affinis*, strains D2_6a2 and D4_1/5—as *C. polaris*, and strain D4_4/5—as *C. multistriata* CCALA 309. No significant morphological differences were found between the studied strains and the typical descriptions of the corresponding species. They clustered with high statistical support with authentic strains of these species. At the same time, the genetic distances within these clusters corresponded to the intraspecific level (D2_3c1, D4_8k, D7_11k and *C. affinis* VKM Al-356—≤0.8%; D2_6a2, D4_1/5 and *C. polaris* VKM Al-421—≤0.4%; *C. multistriata* D4_4/5—0.4%), since the minimum interspecific threshold for ITS2 between *C. multistriata* and *C. concortica* was 1.6%.

As already noted above, members of the genus *Coelastrella* have a wide geographical distribution: from polar to equatorial latitudes (Kalina and Punčochářová, 1987; Mikhailyuk et al., 2019; Kawasaki et al., 2020; Boutarfa et al., 2022). Meanwhile, there are still quite a few blank spots on the map, and Duvanny Yar is one of them. This study presents information on the first findings of the species *C. affinis*, *C. polaris*, and *C. multistri-*

ata in modern soils of this exposure, which serves as a stratotype of the typical Yedomá thickness. The studied strains were soil inhabitants, which is rather typical for members of these species (Kaufnerová and Eliáš, 2013; Wang et al., 2019; Kawasaki et al., 2020; Wang et al., 2021; Krivina et al., 2024; 2025).

Analysis of the fatty acid profile showed that in all studied strains of green algae of the genus *Coelastrella*, α-linolenic acid (ALA, 18:3Δ9,12,15) is the dominant fatty acid, which belongs to the group of essential omega-3 polyunsaturated fatty acids. Its concentration varied from 35% to 42.1% of the total fatty acid pool, which is characteristic of many members of this genus and reflects the high activity of desaturases and elongases responsible for the biosynthesis of polyunsaturated fatty acids (Goecke et al., 2020; Maltsev et al., 2021; Boutarfa et al., 2022; Krivina et al., 2024). At the same time, in members of *C. polaris*, its concentration was the highest among all studied strains: maximum values were recorded in strain D4_1/5 (42.1%) and D2_6a2 (40.4%). Although this is slightly lower than in the authenticated strains *C. polaris* VKM Al-421 (43.4%) and *C. striolata* SAG 16.95 (44.2%), which shows the highest results within the genus (Lang et al., 2011; Krivina et al., 2025), these strains can be promising for biotechnological production of omega-3 fatty acids. In strains of *C. affinis*, the level of α-linolenic acid was slightly lower and remained stable in the 35–37% range (D2_3c1—35%; D4_8k—37%; D7_11k—35%). Moreover, in members of *C. polaris* and *C. affinis*, the concentration of palmitic acid ranged from 20% to 23%, which is typical for green algae, where it performs a structural function in membranes and serves as a substrate for the synthesis of polyunsaturated fatty acids (Lang et al., 2011; Minyuk et al., 2017; Maltsev et al., 2021; Doppler et al., 2022; Krivina et al., 2025). Linoleic acid, belonging to the class of essential omega-6 polyunsaturated fatty acids, was also present in significant amounts: in

C. affinis strains its level reached 11.7–12.0%, and in *C. polaris* strains—9.0–9.6%. The omega-3/omega-6 ratio (approximately 3.5:1 for *C. polaris* and 2.9:1 for *C. affinis*) is physiologically favorable and indicates the high nutritional value of these microalgae for aquaculture and biotechnology (Patterson et al., 2012; Maltsev et al., 2021).

In contrast to the other two species, strain *C. multistriata* D4_4/5 showed a different fatty acid profile, which is close to strain MZ–Ch23 (Maltsev et al., 2021). The concentration of α -linolenic acid in D4_4/5 was 35%, which is comparable to the values of *C. affinis*. At the same time, along with palmitic acid (19%), 7,10,13-hexadecatrienoic acid (16:3 Δ 7,10,13) constituted a significant proportion, the content of which reached 16%—this value was 1.6–3.3 times higher than in other studied strains (from 4.8% to 10%). 7,10,13-hexadecatrienoic acid, which is a short-chain homolog of α -linolenic acid and belongs to omega-3 polyunsaturated fatty acids, accumulates in the chloroplast membranes of green algae (Heilmann et al., 2004; Lang et al., 2011). It should also be noted that in D4_4/5 the concentration of linoleic acid was minimum (7.1%) compared to other strains, indicating a redistribution of carbon flux toward the synthesis of 16-carbon polyunsaturated fatty acids (16:2 and 16:3) at the expense of 18-carbon omega-6 derivatives.

5. Conclusion

Thus, for the first time in modern soils of Duvanny Yar (Republic of Sakha, Russia), members of three different species of the genus *Coelastrella* were found, and their fatty acid profiles were studied. Strains D2_3c1, D4_8k, and D7_11k belonged to the species *C. affinis*; strains D2_6a2 and D4_1/5—to *C. polaris*; and strain D4_4/5—to *C. multistriata*. All of them have significant biotechnological potential as producers of polyunsaturated fatty acids. The studied *C. polaris* strains are distinguished by maximum production of α -linolenic acid; *C. affinis* strains—by balanced concentrations of α -linolenic and linoleic acids; while *C. multistriata* D4_4/5 is characterized by a relatively high concentration of 7,10,13-hexadecatrienoic acid, which makes it an interesting object for studying adaptation mechanisms and a potential source of rare polyunsaturated fatty acids.

Acknowledgements

The research was supported by the Russian Science Foundation grant No. 25-24-00873, <https://rscf.ru/project/25-24-00873/>.

Conflict of Interest

The authors declare no conflict of interest.

References

Ancona-Canché K., López-Adrián S., Espinosa-Aguilar M. et al. 2017. Molecular phylogeny and morphologic data of strains of the genus *Coelastrella* (Chlorophyta,

Scenedesmaceae) from a tropical region in North America (Yucatan Peninsula). Botanical Sciences 95(3): 527–537. DOI: [10.17129/botsci.1201](https://doi.org/10.17129/botsci.1201)

Baele G., Ji X., Hassler G.W. et al. 2025. BEAST X for Bayesian phylogenetic, phylogeographic and phylodynamic inference. Nature Methods 22: 1653–1656. DOI: [10.1038/s41592-025-02751-x](https://doi.org/10.1038/s41592-025-02751-x)

Boutarfa S., Senoussi M.M., Gonzalez-Silvera D. et al. 2022. The Green Microalga *Coelastrella thermophila* var. *globulina* (Scenedesmaceae, Chlorophyta) Isolated from an Algerian Hot Spring as a Potential Source of Fatty Acids. Life 12(4): 560. DOI: [10.3390/life12040560](https://doi.org/10.3390/life12040560)

Chodat R. 1922. Matériaux pour l'histoire des algues de la Suisse [Materials for the history of algae in Switzerland]. Bulletin de la Société Botanique de Genève Sér 2(13): 66–114.

Doppler P., Kriechbaum R., Käfer M. et al. 2022. *Coelastrella terrestris* for Adonixanthin Production: Physiological Characterization and Evaluation of Secondary Carotenoid Productivity. Marine Drugs 20(3): 175. DOI: [10.3390/md20030175](https://doi.org/10.3390/md20030175)

Goecke F., Noda J., Paliocha M. et al. 2020. Revision of *Coelastrella* (Scenedesmaceae, Chlorophyta) and first register of this green coccoid microalga for continental Norway. World Journal of Microbiology and Biotechnology 36(10): 149. DOI: [10.1007/s11274-020-02897-0](https://doi.org/10.1007/s11274-020-02897-0)

Guiry M.D., Guiry G.M. 2026. AlgaeBase. World-wide electronic publication, University of Galway. URL: <https://www.algaebase.org> Accessed 29 June 2026

Heilmann I., Mekhedov S., King B. et al. 2004. Identification of the Arabidopsis palmitoyl-monogalactosyldiacylglycerol Δ 7-desaturase gene FAD5, and effects of plastidial retargeting of Arabidopsis desaturases on the fad5 mutant phenotype. Plant Physiology 136(4): 4237–4245. DOI: [10.1104/pp.104.052951](https://doi.org/10.1104/pp.104.052951)

Johnson J.L., Fawley M.W., Fawley K.P. 2007. The diversity of Scenedesmus and Desmodesmus (Chlorophyceae) in Itasca State Park, Minnesota, USA. Phycologia 46(2): 214–229. DOI: [10.2216/05-69.1](https://doi.org/10.2216/05-69.1)

Kalina T., Punčochářová M. 1987. Taxonomy of the subfamily Scotielloecystoideae Fott 1976 (Chlorellaceae, Chlorophyceae). Algological Studies 45: 473–521.

Katoh K., Rozewicki J., Yamada K.D. 2019. MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. Briefings in Bioinformatics 20(4): 1160–1166. DOI: [10.1093/bib/bbx108](https://doi.org/10.1093/bib/bbx108)

Kaufnerová V., Eliáš M. 2013. The demise of the genus *Scotiellopsis* Vinatzer (Chlorophyta). Nova Hedwigia 97(3–4): 415–428. DOI: [10.1127/0029-5035/2013/0116](https://doi.org/10.1127/0029-5035/2013/0116)

Kawasaki S., Yoshida R., Ohkoshi K. et al. 2020. *Coelastrella astaxanthina* sp. nov. (Sphaeropleales, Chlorophyceae), a novel microalga isolated from an asphalt surface in midsummer in Japan. Phycological Research 67(2): 107–114. DOI: [10.1111/pre.12412](https://doi.org/10.1111/pre.12412)

Krivina E., Sinetova M., Starikov A. et al. 2025. Testing the Effectiveness of DNA Barcoding Markers and Species Delimitation Methods Within the Genus *Coelastrella* (Sphaeropleales, Chlorophyta), With a Description of *Coelastrella polaris* sp. nov. Isolated from Arctic Soils. Current Microbiology 82: 311. DOI: [10.1007/s00284-025-04293-z](https://doi.org/10.1007/s00284-025-04293-z)

Krivina E., Sinetova M., Zadneprovskaya E. et al. 2024. The genus *Coelastrella* (Chlorophyceae, Chlorophyta): molecular species delimitation, biotechnological potential, and description of a new species *Coelastrella affinis* sp. nov., based on an integrative taxonomic approach. Antonie van Leeuwenhoek 117(1): 113. DOI: [10.1007/s10482-024-02008-1](https://doi.org/10.1007/s10482-024-02008-1)

Lang I., Hodac L., Friedl T. et al. 2011. Fatty acid profiles and their distribution patterns in microalgae: A comprehensive analysis of more than 2000 strains from the SAG culture collection. BMC Plant Biology 11: 124. DOI: [10.1186/1471-2229-11-124](https://doi.org/10.1186/1471-2229-11-124)

Maltsev Y., Krivova Z., Maltseva S. et al. 2021. Lipid accumulation by *Coelastrella multistriata* (Scenedesmaceae, Sphaeropleales) during nitrogen and phosphorus starvation. Scientific Reports 11(1): 19818. DOI: [10.1038/s41598-021-99376-9](https://doi.org/10.1038/s41598-021-99376-9)

Mikhailyuk T., Glaser K., Tsarenko P. et al. 2019. Composition of biological soil crusts from sand dunes of the Baltic Sea coast in the context of an integrative approach to the taxonomy of microalgae and cyanobacteria. European Journal of Phycology 54(3): 263–290. DOI: [10.1080/09670262.2018.1557257](https://doi.org/10.1080/09670262.2018.1557257)

Minyuk G.S., Chelebieva E.S., Chubchikova I.N. et al. 2017. Stress-induced secondary carotenogenesis in *Coelastrella rubescens* (Scenedesmaceae, Chlorophyta), a producer of value-added keto-carotenoids. Algae 32(3): 245–259. DOI: [10.4490/algae.2017.32.8.6](https://doi.org/10.4490/algae.2017.32.8.6)

Nikulin V.Y., Sushchenko R.Z., Abdullin S.R. et al. 2025. *Coelastrella laevis* sp. nov. (Chlorophyta, Sphaeropleales) from the soils of the Russian Far East. Phycologia 64(5): 420–428. DOI: [10.1080/00318884.2025.2562622](https://doi.org/10.1080/00318884.2025.2562622)

Novakovskaya I.V., Dymova O.V., Shadrin D.M. et al. 2025. Carotenoids and fatty acids composition of *Coelastrella ferroedaphica* sp. nov. (Chlorophyta, Scenedesmaceae). Russian Journal of Plant Physiology 72(163): 1–13. DOI: [10.1134/s1021443725602289](https://doi.org/10.1134/s1021443725602289)

Novis P.M., Visnovsky G. 2012. Novel alpine algae from New Zealand: Chlorophyta. Phytotaxa 39: 1–30. DOI: [10.11646/phytotaxa.39.1.1](https://doi.org/10.11646/phytotaxa.39.1.1)

Patterson E., Wall R., Fitzgerald G.F. et al. 2012. Health implications of high dietary omega-6 polyunsaturated Fatty acids. Journal of Nutrition and Metabolism 2012: 539426.

DOI: [10.1155/2012/539426](https://doi.org/10.1155/2012/539426)

Rambaut A., Drummond A.J., Xie D. et al. 2018. Posterior summarization in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7. Systematic Biology 67(5): 901–904. DOI: [10.1093/sysbio/syy032](https://doi.org/10.1093/sysbio/syy032)

Tamura K., Stecher G., Kumar S. 2021. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11. Molecular Biology and Evolution 38(7): 3022–3027. DOI: [10.1093/molbev/msab120](https://doi.org/10.1093/molbev/msab120)

Vishnivetskaya T.A. 2009. Viable Cyanobacteria and Green Algae from the Permafrost Darkness. In: Margesin R. (Ed.), Permafrost Soils. Soil Biology, Vol. 16. Springer, Berlin, Heidelberg, pp. 1–20. DOI: [10.1007/978-3-540-69371-0_6](https://doi.org/10.1007/978-3-540-69371-0_6)

Vishnivetskaya T.A., Almatari A.L., Spirina E.V. et al. 2020. Insights into community of photosynthetic microorganisms from permafrost. FEMS Microbiology Ecology 96(12): fiae229. DOI: [10.1093/femsec/fiae229](https://doi.org/10.1093/femsec/fiae229)

Vishnivetskaya T.A., Erokhina L.G., Spirina E.V. et al. 2001. Ancient viable phototrophs within the permafrost. Nova Hedwigia 123: 427–442.

Wang Q., Song H., Liu X. et al. 2019. Morphology and molecular phylogeny of coccoid green alga *Coelastrella sensu lato* (Scenedesmaceae, Sphaeropleales), including the description of three new species and two new varieties. Journal of Phycology 55(6): 1290–1305. DOI: [10.1111/jpy.12915](https://doi.org/10.1111/jpy.12915)

Wang Q.-H., Song H.-Y., Xiu X.-D. et al. 2021. *Coelastrella chongqingensis* sp. nov., a novel species of the subaerial coccoid green algae within the *Coelastrella* (Scenedesmaceae, Sphaeropleales). Acta Hydrobiologica Sinica 45(6): 1351–1360.

Первые находки представителей рода *Coelastrella* (Chlorophyta) в тундровых почвах Дуванного Яра (Республика Саха, Россия)



Кривина Е.С.^{1*}, Хазанова К.П.²

¹Всероссийская коллекция микроорганизмов, Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрябина РАН, ФИЦ ПНЦБИ РАН, Проспект Науки, 5, г. Пушино, 142290, Россия

²Московский государственный университет, Ленинские горы, 1, г. Москва, 119991, Россия

АННОТАЦИЯ. В работе представлены результаты морфологического, молекулярно-генетического и биохимического анализа шести штаммов зелёных водорослей рода *Coelastrella*, изолированных из тундровых почв Дуванного Яра, опорного разреза верхнеплейстоценовых отложений на правом берегу реки Колымы в Нижнеколымском районе Республики Саха (Россия). Идентификация штаммов проводилась с использованием световой микроскопии и молекулярно-филогенетического анализа на основе последовательностей внутреннего транскрибируемого спейсера ITS2. Установлено, что три штамма D2_3c1, D4_8k, D7_11k принадлежат к виду *C. affinis*, два штамма D2_6a2, D4_1/5 – к виду *C. polaris*, и один штамм D4_4/5 – к виду *C. multistriata*. Данные находки являются первым документальным подтверждением присутствия этих трёх видов в современных почвах Дуванного Яра. Анализ профиля жирных кислот показал, что во всех исследуемых штаммах доминирует α-линоленовая кислота, содержание которой варьировало от 35 до 42% от общего пула жирных кислот. Максимальные значения зафиксированы у штаммов *C. polaris* (40,4–42,1%). У штаммов *C. polaris* и *C. affinis* отмечается также высокое содержание пальмитиновой (20–23%) и линолевой (9–12%) кислот. Штамм *C. multistriata* D4_4/5 характеризуется значительным накоплением 7,10,13-гексадекатриеновой кислоты (16%), содержание которой в 1,6–3,3 раза выше, чем у других изученных штаммов. Полученные результаты расширяют представления о видовом разнообразии рода *Coelastrella* в арктических экосистемах и демонстрируют значительный биотехнологический потенциал выделенных штаммов как продуцентов полиненасыщенных жирных кислот для применения в аквакультуре и пищевой промышленности.

Ключевые слова: Крайний Север, зеленые водоросли, морфология, филогения, жирные кислоты

Для цитирования: Кривина Е.С., Хазанова К.П. Первые находки представителей рода *Coelastrella* (Chlorophyta) в тундровых почвах Дуванного Яра (Республика Саха, Россия) // Limnology and Freshwater Biology. 2026. - № 4. - С. 391–404. DOI: 10.31951/2658-3518-2026-A-4-391

1. Введение

Род *Coelastrella* с типовым видом *C. striolata* был описан R.I. Chodat в 1922 году и вошел в состав семейства Scenedesmaceae (Chlorophyceae, Chlorophyta) (Chodat, 1922; Kalina and Punčochářová, 1987; Novakovskaya et al., 2025). Первоначальное описание было составлено исключительно на данных световой микроскопии. Однако верная идентификация представителей этого рода только на основе анализа морфологических признаков не всегда возможна, поскольку им свойственна гетерогенность. Форма клеток варьирует от овальной и шаровидной до лимоновидной. Меридиональные

рёбра и полярные утолщения на полюсах клеток могут быть как ярко выражены, так и отсутствовать. У большинства видов клетки одиночные, но у некоторых отмечаются небольшие временные скопления клеток или колонии, т.е. так называемые «клеточные агрегаты» (Kalina and Punčochářová, 1987; Wang et al., 2019; Kawasaki et al., 2020; Wang et al., 2021; Nikulin et al., 2025; Novakovskaya et al., 2025). Этот род имеет сложную таксономическую историю и претерпел несколько ревизий на основе морфологических или молекулярных данных. В результате некоторые виды, первоначально отнесенные к родам *Cryptodesmus*, *Scenedesmus*, *Scotiellopsis* (Scenedesmaceae), *Scotiella* (Oocystaceae), *Graesiella*

*Автор для переписки. Адрес e-mail: pepelisa@yandex.ru (Е.С. Кривина)

Поступила: 01 июля 2026;

Принята после доработки: 29 июля 2026;

Опубликована online: 28 августа 2026

© Автор(ы) 2026. Эта работа распространяется под международной лицензией Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0.



(Chlamydomonadales incertae sedis) и др., были перенесены в род *Coelastrella* (Kalina and Punčochářová, 1987; Novis and Visnovsky, 2012; Kaufnerová and Eliáš, 2013; Ancona-Canché et al., 2017; Krivina et al., 2024). В настоящее время род включает 23 вида (Guiry and Guiry, 2026). В то же время нуклеотидные последовательности гена 18S рРНК и внутренних транскрибируемых спейсеров ITS1 и ITS2 известны только для 20 видов, что несколько затрудняет изучение видового разнообразия этих водорослей.

Представители этого рода широко распространены по всему миру и на всех континентах. Они встречаются в почве, водоемах, в составе биокорочек и биопленок на различных субстратах, могут выступать в роли эпифитов лишайников и фикобионтов. Многие из них являются космополитами и характеризуются широким диапазоном температурной устойчивости – от бореальной зоны Арктики до тропических регионов (Wang et al., 2019; Kawasaki et al., 2020; Novakovskaya et al., 2025). Вместе с тем, наши знания о видовом составе полярных водорослей остаются фрагментарными, в т.ч. в отношении экосистем Крайнего Севера России. Дуванный Яр представляет уникальный природный объект. Это одно из крупнейших в мире обнажений едомы (ледового комплекса плейстоценового возраста), расположенное на правом берегу реки Колымы в Нижнеколымском районе Республики Саха. Его протяженность достигает 8–10 км, а мощность вскрываемых отложений – до 50 м. Это один из ключевых объектов (стратотип) для изучения вечной мерзлоты, едомных отложений и истории региона. Однако сведения о видовом богатстве водорослей современных почв и их биотехнологическом потенциале практически отсутствуют. Имеющаяся информация касается преимущественно фототрофных микроорганизмов, выделенных из многолетнемерзлых отложений (Vishnivetskaya et al., 2001; Vishnivetskaya, 2009).

Исследование новых штаммов *Coelastrella*, впервые изолированных из современных почв Дуванного Яра, имеет не только сугубо научный, но и практический интерес. Хорошо известна способность представителей *Coelastrella* накапливать жирные кислоты и каротиноиды, особенно в условиях стресса. Многие штаммы этого рода богаты полиненасыщенными жирными кислотами, включая α -линоленовую кислоту — незаменимый компонент сбалансированного здорового питания человека (Minyuk et al., 2017; Goecke et al., 2020; Maltsev et al., 2021).

В настоящей работе представлены результаты исследования шести штаммов *Coelastrella*, изолированных из тундровых почв Дуванного Яра (Республика Саха, Россия).

2. Материалы и методы

2.1. Объекты исследования

Объектами исследования стали 6 штаммов зеленых водорослей, изолированных из почв Дуванного Яра (Республика Саха, Россия). Данная территория расположена на границе южной тундры

и лесотундры Колымской низменности и характеризуется мозаикой тундровых и редкостойных лиственничных сообществ. Климат резко континентальный, арктического типа, с длительной холодной зимой и коротким прохладным летом. Средняя температура января составляет $-30...-35^{\circ}\text{C}$, июля – $+10...+14^{\circ}\text{C}$, годовое количество осадков невелико и составляет около 150–250 мм, при этом повсеместно распространена многолетняя мерзлота. Данный регион характеризуется полигональным криогенным микрорельефом (биогенные кочки и трещины, приуроченные к залеганию ледяных жил), сформированным в условиях многолетней мерзлоты. Штамм D7_11k выделен из торфяно-криозема, штаммы D2_3c1, D2_6a2, D4_8k, D4_1/5, D4_4/5 – из торфяно-криозема глееватого. Пробоотбор проводили в сентябре 2019 года. Образцы почвы, включая торф и подстилку, были взяты из верхнего горизонта A1 (глубина 0–10 см). Материал был собран в период максимального сезонного оттаивания. Образцы помещали в герметичные стерильные пакеты, хранили и транспортировали при температуре -20°C .

2.2. Изоляция и культивирование штаммов микроводорослей

Штаммы водорослей выделяли с помощью метода накопительных водно-почвенных и чашечных культур, а также с помощью посевов почвенной суспензии на жидкие и агаризованные среды BG-11. Монокультуры были получены путем посева штрихом с последующей изоляцией отдельных колоний с помощью пипетки Пастера. Далее исследуемые штаммы культивировали на твердой питательной среде BG-11 (1% агар, pH=7,2) в климатостате при стандартных условиях (температура $21-23^{\circ}\text{C}$, интенсивность освещения 60–75 мкмоль фотонов $\text{m}^{-2} \text{с}^{-1}$, фотопериод 12 ч).

2.3. Световая микроскопия

Морфологию и жизненные циклы исследуемых штаммов изучали методом световой микроскопии с помощью микроскопа Leica DM750 (Германия). Результаты наблюдений документированы фотографиями, снятыми с помощью цветной цифровой камеры Leica Flexacam C3 (Германия). Сроки наблюдения составляли от 1 недели до 12 месяцев. При морфологической идентификации штаммов водорослей учитывали важные диаκριтические признаки, такие как тип организации таллома, форма и размеры клеток, наличие полярных утолщений и ребер, способность формировать клеточные агрегаты, количество и тип хлоропласта, присутствие пиреноида, наличие и толщина слизистых оболочек, способ размножения и др. Для морфометрических измерений использовали программу Leica Application Suite X. Для сравнения размеров измеряли не менее 100 клеток каждого штамма. За основу в данной работе выбрана система водорослей, принятая в международной электронной базе данных Algae Base (Guiry and Guiry, 2026).

2.4. Выделение тотальной ДНК, амплификация, очистка и секвенирование ампликонов

Для молекулярно-генетической идентификации штаммов в качестве ДНК-баркода использовали внутренний транскрибируемый спейсер ITS2. Суммарную ДНК из штаммов выделяли с помощью набора «ФитоСорб» («Синтол», Россия), следуя протоколу производителя. Для амплификации использовали готовую смесь Screen Mix-HS («Евроген», Россия). Условия и праймеры для амплификации ITS2 указаны в статье Johnson et al. (2007): ITS-AF 5'-CGTTTCCGTAGGTGAACCTGC-3', ITS-BR 5'-CATATGCTTAAGTTCAGCGGG-3' (95°C, 3 мин; 95°C (30 с), 57,6°C (30 с), 72°C (1 мин), 35 циклов; 72°C, 10 мин). Детекцию целевых ПЦР-продуктов проводили электрофоретически в 1%-ном агарозном геле. Очистка ампликонов из геля проводилась с помощью набора Cleanup Standard («Евроген», Россия). Секвенирование проводилось на базе коммерческой компании «Евроген» (Россия).

2.5. Молекулярно-филогенетический анализ

Для молекулярно-генетической идентификации штаммов микроводорослей был осуществлен поиск гомологии нуклеотидных последовательностей ITS2 по алгоритму BLASTn в GenBank NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov>). Отбор последовательностей осуществляли исходя из критериев максимального родства (сходство $\geq 95\%$), качества прочтения (без вырожденных и неизвестных нуклеотидов), длины прочтения и принадлежности к типовым видам и коллекционным аутентичным штаммам. Множественное выравнивание было выполнено в программе MAFFT ver. 7 (Katoh et al., 2019). Выбор нуклеотидных замен осуществляли с помощью программы IQ-TREE v. 2.2, ориентируясь на минимальное значение BIC критерия (Bayesian information criterion). Реконструкцию филогенетических взаимосвязей с помощью метода максимального правдоподобия (ML) осуществляли в программе PhyML, с использованием байесовского вывода (BI) – с использованием программного пакета BEAST v10.5.0 (Baele et al., 2025). В качестве статистической поддержки узлов дерева указаны значения SH-aLRT (SH-aLRT – Shimodaira-Hasegawa-like approximate likelihood ratio test), бутстреп ML (BP – bootstrap percentages) и апостериорных вероятностей BI (PP – posterior probabilities). Сходимость запусков и достаточная выборка были проверены в программе Tracer v1.7. (Rambaut et al., 2018), обеспечивая достижение всеми параметрами эффективного размера выборки (ESS) > 200. Филогенетические деревья были визуализированы в программе FigTree v. 1.3.1. Различия между нуклеотидными последовательностями охарактеризовали с помощью генетических различий, мерой которых являлся процент несовпадений нуклеотидов при попарном сравнении выровненных последовательностей, вычисленный в программе MEGA 11 с помо-

щью 2-параметрической модели Кимуры (complete deletion) (Tamura et al., 2021).

2.6. Определение состава жирных кислот

Для определения жирнокислотного (ЖК) состава суммарных липидов предварительно зафиксированную биомассу, омыляли 1М водно-спиртовой щелочью (80%), отмывали неомыляемые компоненты от свободных ЖК н-гексаном. Свободные ЖК получали добавлением 20% серной кислоты, экстрагировали н-гексаном и метилировали. Метилловые эфиры ЖК анализировали на приборе Хроматэк Кристалл 5000.2 NP с квадрупольным МС детектором и колонкой Restek Rtx-2330 (60 м, кат. № 10726). Суммарные липиды оценивали по количеству этерифицированных ЖК на 1 г сухой массы клеток. Внутренний стандарт – добавленная маргариновая кислота. Измерения проводились в трех биологических повторностях (Krivina et al., 2024).

3. Результаты

Все исследуемые штаммы имели *Coelastrella*-подобную морфологию (Рис. 1 А–F, Таблица 1). Штамм D4_4/5, характеризовался яйцевидными, овальными и круглыми клетками, с многочисленными ребрами, но без апикальных утолщений (Рис. 1А). Клетки штаммов D2_6a2 и D4_1/5 были шаровидными, овальными или широкоовальными, ребра и полярные утолщения отсутствовали (Рис. 1 В, С). Штаммы D2_3c1, D4_8k и D7_11k имели одиночные, овальные или лимоновидные клетки с 8 ребрами, с полярными утолщениями на полюсах клеток и без них (Рис. 1 D–F). Клетки штаммов D2_3c1, D4_8k, D7_11k и D2_6a2 и D4_1/5 были несколько крупнее, чем у штамма D4_4/5 (4–11 × 3–10 мкм). Хлоропласт в молодых клетках у всех штаммов был пристенным, во взрослых клетках – распадался на дисковидные пластинки. Пиреноид 1, с крахмальной оберткой из нескольких скорлупок. Количество автоспор у штамма D4_4/5 достигало 16, тогда как у остальных штаммов не превышало 8.

По результатам молекулярно-генетического анализа с использованием в качестве филогенетического маркера внутреннего транскрибируемого спейсера ITS2 все исследуемые штаммы вошли в состав рода *Coelastrella* (Рис. 2). Штаммы D2_3c1, D4_8k, D7_11k с максимальными статистическими поддержками кластеризовались с аутентичным штаммом *C. affinis* VKM A1-356. Генетические дистанции между ними и VKM A1-356 варьировали в пределах от 0 до 0,8%. Штаммы D2_6a2 и D4_1/5 формировали одну группу с аутентичным штаммом *C. polaris* VKM A1-421 (SH-aLRT – 99%, BP – 100%, PP – 1,00), а генетические различия не превышали 0,4%. Штамм D4_4/5 входил в состав одного кластера с аутентичным штаммом *C. multistriata* CCALA 309 (SH-aLRT – 96%, BP – 99%, PP – 1,00), при этом генетические дистанции между ними составляли 0,4%.

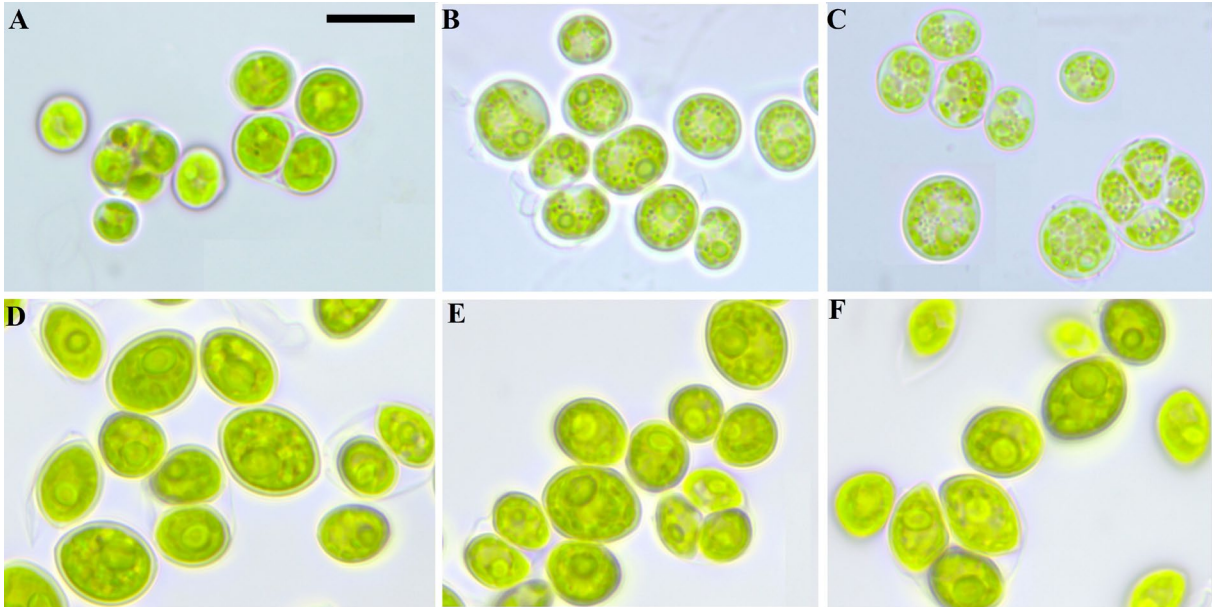


Рис.1. Морфология исследуемых штаммов рода *Coelastrella*: (A) *C. multistriata* D4_4/5, (B) *C. polaris* D2_6a2, (C) *C. polaris* D4_1/5, (D) *C. affinis* D2_3c1, (E) *C. affinis* D4_8k, (F) *C. affinis* D7_11k. Шкала: 10 мкм.

Анализ профиля жирных кислот (ЖК) показал, что у всех исследуемых штаммов преобладает α-линоленовая кислота (18:3Δ9,12,15), которая относится к группе незаменимых омега-3-ненасыщенных ЖК. При этом, у представителей *C. polaris* ее содержание было наибольшим (*C. polaris* D2_6a2 – 40%, D4_1/5 – 42%) по сравнению с другими штаммами (*C. affinis* D2_3c1 – 35%, D4_8k – 37%, D7_11k – 35%; *C. multistriata* D4_4/5 – 35%). У представителей *C. polaris* и *C. affinis* заметный вклад в профиль ЖК вносили пальмитиновая (16:0) (20–23%) и линолевая кислоты (18:2Δ9,12) (9–12%), у штамма *C. multistriata* D4_4/5 – пальмитиновая (19%) и 7,10,13-гексадекатриеновая (16:3Δ7,10,13) (16%) кислоты (Таблица 2).

4. Дискуссия

Все исследуемые штаммы демонстрировали морфологию, типичную для представителей рода *Coelastrella*: клетки овальные, шаровидные, широко

овальные, лимоновидные, меридиональные рёбра и апикальные утолщения на полюсах клеток присутствовали у части штаммов, хлоропласт пристенный, во взрослых клетках разделен на сегменты, пиреноид один с крахмальной оберткой, размножение автоспорами (Kalina and Punčochářová, 1987; Kaufnerová and Eliáš, 2013; Wang et al., 2019; Kawasaki et al., 2020; Wang et al., 2021; Nikulin et al., 2025; Novakovskaya et al., 2025). Однако из-за морфологической гетерогенности этих водорослей установить точный диагноз, стало возможно только после проведения молекулярно-генетического анализа с использованием ITS2 в качестве филогенетического маркера. Штаммы D2_3c1, D4_8k, D7_11k были идентифицированы как представители *C. affinis*, штаммы D2_6a2 и D4_1/5 – *C. polaris*, штамм D4_4/5 – *C. multistriata* CCALA 309. Не было обнаружено существенных морфологических отличий исследуемых штаммов от типового описания соответствующих видов. Они кластеризовались с высокими статистическими поддержками с аутентичными

Таблица 1. Морфологические характеристики исследуемых штаммов

	Рёбра	Апикальные утолщения	Клеточные агрегаты	Форма клеток	Размер клеток, мкм	Хлоропласт	Количество автоспор
<i>C. multistriata</i> D4_4/5	да	нет	иногда есть	яйцевидные, овальные, шаровидные	4–11 × 3–10	пристенный, разделен на сегменты во взрослых клетках, один пиреноид с крахмальной оберткой	2–16
<i>C. affinis</i> D2_3c1, D4_8k, D7_11k	да	у части клеток	нет	широко овальные, веретеновидные или лимоновидные	6–16 × 4–8		2–8
<i>C. polaris</i> D2_6a2 и D4_1/5	нет	нет	нет	овальные, широко овальные, шаровидные	6–16 × 4–10		2–8

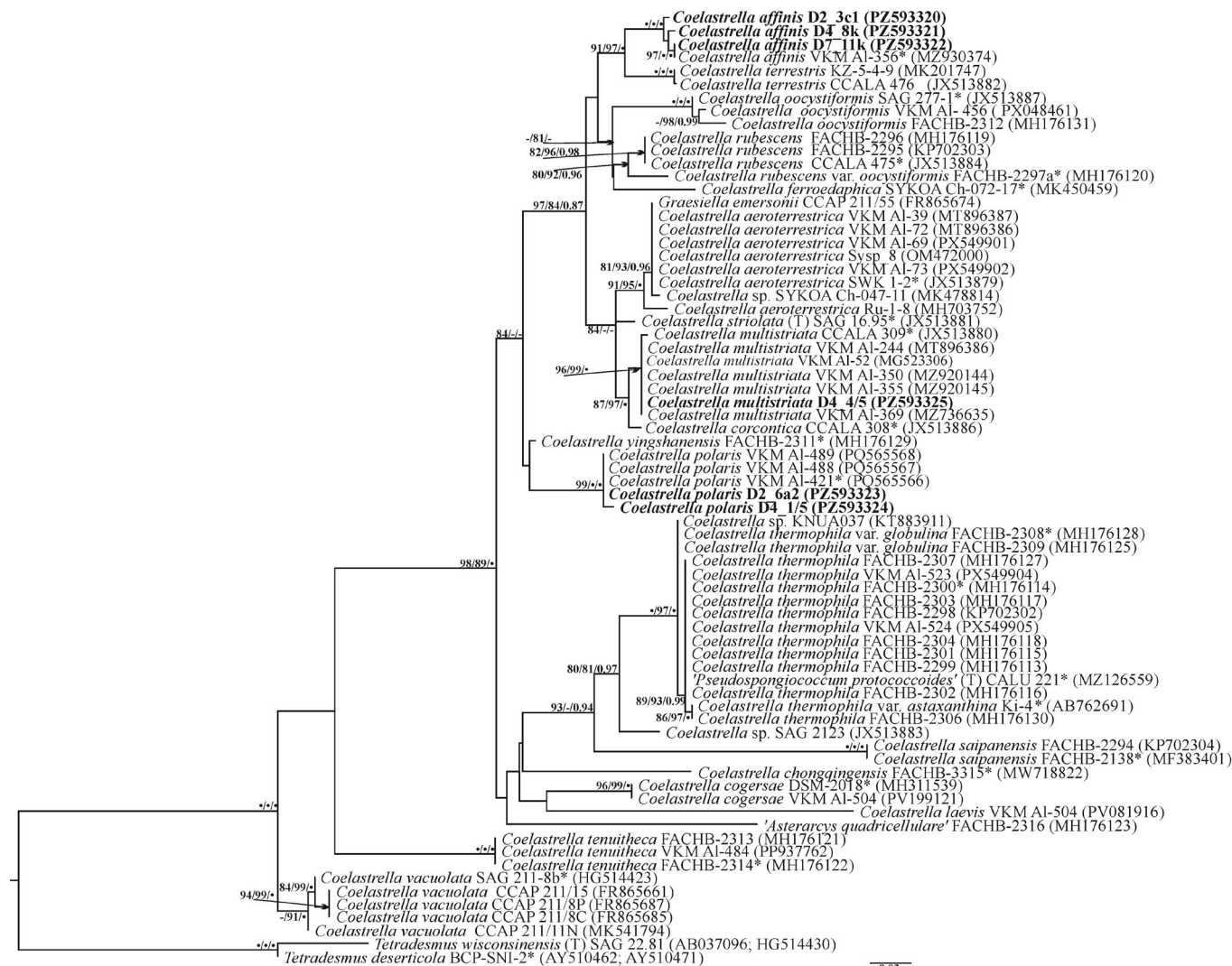


Рис.2. Укорененное филогенетическое дерево зеленых водорослей рода *Coelastrella*, построенное методом Байеса, на основе последовательностей фрагмента ITS2 (267 н.). Значения SH-aLRT и BP менее 80%, PP менее 0.8 не указаны. Модель нуклеотидных замен: TIM2+I+G4. Обозначения: * – аутентичный штамм; (T) – типовый вид; • – максимальная статистическая поддержка. Полу жирным шрифтом выделены исследуемые штаммы.

штаммами этих видов. При этом генетические дистанции в рамках данных кластеров соответствовали внутривидовому уровню (D2_3c1, D4_8k, D7_11k и *C. affinis* VKM AI-356 $\leq 0,8\%$; D2_6a2, D4_1/5 и *C. polaris* VKM AI-421 – $\leq 0,4\%$; *C. multistriata* D4_4/5 – $0,4\%$), поскольку минимальный межвидовой порог для ITS2 между видами *C. multistriata* и *C. concortica* – $1,6\%$.

Как уже отмечалось выше, представители рода *Coelastrella* имеют широкое географическое распространение: от полярных до экваториальных широт (Kalina and Punčochářová, 1987; Mikhailyuk et al., 2019; Kawasaki et al., 2020; Boutarfa et al., 2022). Между тем, остается еще не мало белых пятен на карте, и Дуванный Яр – одно из них. В данном исследовании представлена информация о первых находках видов *C. affinis*, *C. polaris* и *C. multistriata* в современных почвах этого обнажения, которое служит стратотипом типичной едомной толщи. Исследуемые штаммы являлись почвенными обитателями, что является весьма типичным для представителей этих видов (Kaufnerová and Eliáš, 2013; Wang et al., 2019; Kawasaki et al., 2020; Wang et al., 2021; Krivina et al., 2024; 2025).

Анализ профиля жирных кислот показал, что у всех исследуемых штаммов зелёных водорослей рода *Coelastrella* доминирующей жирной кислотой является α -линоленовая кислота (ALA, 18:3 Δ 9,12,15), которая относится к группе незаменимых омега-3-полиненасыщенных жирных кислот. Её содержание варьировало от 35% до 42,1% от общего пула жирных кислот, что характерно для многих представителей этого рода и отражает высокую активность десатураз и элонгаз, ответственных за биосинтез полиненасыщенных жирных кислот (Goecke et al., 2020; Maltsev et al., 2021; Boutarfa et al., 2022; Krivina et al., 2024). При этом, у представителей *C. polaris* её содержание было наибольшим среди всех изученных штаммов: максимальные значения зафиксированы у штамма D4_1/5 (42,1%) и D2_6a2 (40,4%). Хотя это несколько ниже, чем у аутентичных штаммов *C. polaris* VKM AI-421 (43,4%) и *C. striolata* SAG 16.95 (44,2%), которые показывают наиболее высокие результаты в рамках рода (Lang et al., 2011; Krivina et al., 2025), эти штаммы можно рассматривать как перспективные для биотехнологического получения омега-3-жирных кислот. У штаммов *C. affinis* уровень α -линоленовой кислоты

Таблица 2. Профили жирных кислот исследуемых штаммов, %

Жирные кислоты	<i>C. multistriata</i> D4_4/5	<i>C. polaris</i> D2_6a2	<i>C. polaris</i> D4_1/5	<i>C. affinis</i> D2_3c1	<i>C. affinis</i> D4_8k	<i>C. affinis</i> D7_11k
14:0	1,5 ± 0,2	0,4 ± 0,1	0,5 ± 0,1	0,3 ± 0,1	0,4 ± 0,1	0,3 ± 0,1
16:0	19,0 ± 0,4	20,4 ± 0,2	22,5 ± 0,4	22 ± 0,3	23 ± 0,4	23 ± 0,2
16:1Δ7	-	-	-	0,5 ± 0,1	0,3 ± 0,1	0,4 ± 0,1
16:1Δ9	1,8 ± 0,1	1,3 ± 0,1	1,2 ± 0,1	0,7 ± 0,2	0,7 ± 0,1	0,7 ± 0,1
16:2Δ7,10	2,4 ± 0,1	1,7 ± 0,1	1,5 ± 0,2	5,4 ± 0,2	4,2 ± 0,1	4,8 ± 0,3
16:3Δ7,10,13	16,0 ± 0,4	4,8 ± 0,3	4,9 ± 0,3	10 ± 0,3	9,8 ± 0,4	9,7 ± 0,3
18:0	2,3 ± 0,3	5,7 ± 0,7	4,7 ± 0,8	3,2 ± 0,4	3 ± 0,2	3,1 ± 0,3
18:1Δ9	7,9 ± 0,1	6,5 ± 0,1	5,6 ± 0,2	7,4 ± 0,1	6,8 ± 0,2	7,0 ± 0,2
18:1 Δ11	6,3 ± 0,1	4,6 ± 0,1	3,6 ± 0,2	2,9 ± 0,1	2,1 ± 0,1	2,7 ± 0,1
18:2Δ9,12	7,1 ± 0,1	9,6 ± 0,1	9 ± 0,1	11,9 ± 0,2	12 ± 0,3	11,7 ± 0,2
18:3Δ9,12,15	35,0 ± 0,9	40,4 ± 0,7	42,1 ± 0,4	35 ± 0,9	37 ± 0,6	35 ± 0,8
21:0	0,3 ± 0,1	-	-	-	-	-
22:0	0,4 ± 0,1	-	-	-	-	-
24:0	-	1,6 ± 0,2	1,6 ± 0,2	0,8 ± 0,1	0,9 ± 0,1	0,8 ± 0,1
26:0	-	2,9 ± 0,9	2,9 ± 0,7	-	-	-

был несколько ниже и оставался стабильным в диапазоне 35–37% (D2_3c1 – 35%, D4_8k – 37%, D7_11k – 35%). Также у представителей *C. polaris* и *C. affinis* содержание пальмитиновой кислоты находилось в диапазоне 20–23%, что типично для зелёных водорослей, где она выполняет структурную функцию в мембранах и служит субстратом для синтеза полиненасыщенных жирных кислот (Lang et al., 2011; Minyuk et al., 2017; Maltsev et al., 2021; Doppler et al., 2022; Krivina et al., 2025). Линолевая кислота, относящаяся к классу незаменимых омега-6- полиненасыщенных жирных кислот, также присутствовала в заметных количествах: у штаммов *C. affinis* её уровень достигал 11,7–12,0%, у штаммов *C. polaris* – 9,0–9,6%. Соотношение омега-3/омега-6 кислот (примерно 3.5:1 у *C. polaris* и 2.9:1 у *C. affinis*) является физиологически благоприятным и указывает на высокую пищевую ценность этих микроводорослей для использования в аквакультуре и биотехнологии (Patterson et al., 2012; Maltsev et al., 2021).

В отличие от двух других видов, у штамма *C. multistriata* D4_4/5 наблюдался иной жирнокислотный профиль, который близок к штамму MZ–Ch23 (Maltsev et al., 2021). Содержание α-линоленовой кислоты у D4_4/5 её содержание составило 35%, что сопоставимо с показателями *C. affinis*. При этом, наряду с пальмитиновой кислотой (19%) значительную долю составляла 7,10,13-гексадекатриеновая кислота, содержание которой достигало 16% – этот показатель был в 1,6–3,3 раза выше, чем у остальных изученных штаммов (от 4,8% до 10%). 7,10,13-гексадекатриеновая кислота, являющаяся короткоцепочечным гомологом α-линоленовой кислоты и также относящаяся к омега-3-полиненасыщенных жирных кислот, накапливается в мембранах хлоропластов зелёных водорослей (Heilmann et al., 2004; Lang et al., 2011). Отметим также, что у D4_4/5 содержание линолевой кислоты было минимальным (7,1%) по сравнению с другими штам-

мами, что указывает на перераспределение углеродного потока в сторону синтеза 16-углеродных полиненасыщенных жирных кислот (16:2 и 16:3) в ущерб 18-углеродным омега-6-производным.

5. Заключение

Таким образом, впервые в современных почвах Дуванного Яра (Республика Саха, Россия) были найдены представители трех различных видов рода *Coelastrella* и изучены их профили жирных кислот. Штаммы D2_3c1, D4_8k и D7_11k принадлежали к виду *C. affinis*, штаммы D2_6a2 и D4_1/5 – к виду *C. polaris*, штамм D4_4/5 – к виду *C. multistriata*. Все они обладают значительным биотехнологическим потенциалом, являясь продуцентами полиненасыщенных жирных кислот. Исследуемые штаммы *C. polaris* отличаются максимальной продукцией α-линоленовой кислоты, штаммы *C. affinis* – сбалансированным содержанием α-линоленовой и линолевой кислот, тогда как штамм *C. multistriata* D4_4/5 характеризуется относительно высоким содержанием 7,10,13-гексадекатриеновой кислоты, что делает его интересным объектом для изучения механизмов адаптации и потенциальным источником редких полиненасыщенных жирных кислот.

Благодарности

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда 25-24-00873, <https://rscf.ru/project/25-24-00873/>.

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Список литературы

- Ancona-Canché K., López-Adrián S., Espinosa-Aguilar M. et al. 2017. Molecular phylogeny and morphological data of strains of the genus *Coelastrella* (Chlorophyta, Scenedesmaceae) from a tropical region in North America (Yucatan Peninsula). *Botanical Sciences* 95(3): 527–537. DOI: [10.17129/botsci.1201](https://doi.org/10.17129/botsci.1201)
- Baele G., Ji X., Hassler G.W. et al. 2025. BEAST X for Bayesian phylogenetic, phylogeographic and phylodynamic inference. *Nature Methods* 22: 1653–1656. DOI: [10.1038/s41592-025-02751-x](https://doi.org/10.1038/s41592-025-02751-x)
- Boutarfa S., Senoussi M.M., Gonzalez-Silvera D. et al. 2022. The Green Microalga *Coelastrella thermophila* var. *globulina* (Scenedesmaceae, Chlorophyta) Isolated from an Algerian Hot Spring as a Potential Source of Fatty Acids. *Life* 12(4): 560. DOI: [10.3390/life12040560](https://doi.org/10.3390/life12040560)
- Chodat R. 1922. Matériaux pour l'histoire des algues de la Suisse [Materials for the history of algae in Switzerland]. *Bulletin de la Société Botanique de Genève Sér 2* (13): 66–114.
- Doppler P., Kriechbaum R., Käfer M. et al. 2022. *Coelastrella terrestris* for Adonixanthin Production: Physiological Characterization and Evaluation of Secondary Carotenoid Productivity. *Marine Drugs* 20(3): 175. DOI: [10.3390/md20030175](https://doi.org/10.3390/md20030175)
- Goecke F., Noda J., Paliocha M. et al. 2020. Revision of *Coelastrella* (Scenedesmaceae, Chlorophyta) and first register of this green coccoid microalga for continental Norway. *World Journal of Microbiology and Biotechnology* 36(10): 149. DOI: [10.1007/s11274-020-02897-0](https://doi.org/10.1007/s11274-020-02897-0)
- Guiry M.D., Guiry G.M. 2026. AlgaeBase. World-wide electronic publication, University of Galway. URL: <https://www.algaebase.org> Accessed 29 June 2026
- Heilmann I., Mekhedov S., King B. et al. 2004. Identification of the Arabidopsis palmitoyl-monogalactosyldiacylglycerol $\Delta 7$ -desaturase gene FAD5, and effects of plastidial retargeting of Arabidopsis desaturases on the fad5 mutant phenotype. *Plant Physiology* 136(4): 4237–4245. DOI: [10.1104/pp.104.052951](https://doi.org/10.1104/pp.104.052951)
- Johnson J.L., Fawley M.W., Fawley K.P. 2007. The diversity of Scenedesmus and Desmodesmus (Chlorophyceae) in Itasca State Park, Minnesota, USA. *Phycologia* 46(2): 214–229. DOI: [10.2216/05-69.1](https://doi.org/10.2216/05-69.1)
- Kalina T., Punčochářová M. 1987. Taxonomy of the subfamily Scotielloccystoideae Fott 1976 (Chlorellaceae, Chlorophyceae). *Algological Studies* 45: 473–521.
- Katoh K., Rozewicki J., Yamada K.D. 2019. MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Briefings in Bioinformatics* 20(4): 1160–1166. DOI: [10.1093/bib/bbx108](https://doi.org/10.1093/bib/bbx108)
- Kaufnerová V., Eliáš M. 2013. The demise of the genus *Scotiellopsis* Vinatzer (Chlorophyta). *Nova Hedwigia* 97(3–4): 415–428. DOI: [10.1127/0029-5035/2013/0116](https://doi.org/10.1127/0029-5035/2013/0116)
- Kawasaki S., Yoshida R., Ohkoshi K. et al. 2020. *Coelastrella astaxanthina* sp. nov. (Sphaeropleales, Chlorophyceae), a novel microalga isolated from an asphalt surface in midsummer in Japan. *Phycological Research* 67(2): 107–114. DOI: [10.1111/pre.12412](https://doi.org/10.1111/pre.12412)
- Krivina E., Sinetova M., Starikov A. et al. 2025. Testing the Effectiveness of DNA Barcoding Markers and Species Delimitation Methods Within the Genus *Coelastrella* (Sphaeropleales, Chlorophyta), With a Description of *Coelastrella polaris* sp. nov. Isolated from Arctic Soils. *Current Microbiology* 82: 311. DOI: [10.1007/s00284-025-04293-z](https://doi.org/10.1007/s00284-025-04293-z)
- Krivina E., Sinetova M., Zadneprovskaya E. et al. 2024. The genus *Coelastrella* (Chlorophyceae, Chlorophyta): molecular species delimitation, biotechnological potential, and description of a new species *Coelastrella affinis* sp. nov., based on an integrative taxonomic approach. *Antonie van Leeuwenhoek* 117(1): 113. DOI: [10.1007/s10482-024-02008-1](https://doi.org/10.1007/s10482-024-02008-1)
- Lang I., Hodac L., Friedl T. et al. 2011. Fatty acid profiles and their distribution patterns in microalgae: A comprehensive analysis of more than 2000 strains from the SAG culture collection. *BMC Plant Biology* 11: 124. DOI: [10.1186/1471-2229-11-124](https://doi.org/10.1186/1471-2229-11-124)
- Maltsev Y., Krivova Z., Maltseva S. et al. 2021. Lipid accumulation by *Coelastrella multistriata* (Scenedesmaceae, Sphaeropleales) during nitrogen and phosphorus starvation. *Scientific Reports* 11(1): 19818. DOI: [10.1038/s41598-021-99376-9](https://doi.org/10.1038/s41598-021-99376-9)
- Mikhailyuk T., Glaser K., Tsarenko P. et al. 2019. Composition of biological soil crusts from sand dunes of the Baltic Sea coast in the context of an integrative approach to the taxonomy of microalgae and cyanobacteria. *European Journal of Phycology* 54(3): 263–290. DOI: [10.1080/09670262.2018.1557257](https://doi.org/10.1080/09670262.2018.1557257)
- Minyuk G.S., Chelebieva E.S., Chubchikova I.N. et al. 2017. Stress-induced secondary carotenogenesis in *Coelastrella rubescens* (Scenedesmaceae, Chlorophyta), a producer of value-added keto-carotenoids. *Algae* 32(3): 245–259. DOI: [10.4490/algae.2017.32.8.6](https://doi.org/10.4490/algae.2017.32.8.6)
- Nikulin V.Y., Sushchenko R.Z., Abdullin S.R. et al. 2025. *Coelastrella laevis* sp. nov. (Chlorophyta, Sphaeropleales) from the soils of the Russian Far East. *Phycologia* 64(5): 420–428. DOI: [10.1080/00318884.2025.2562622](https://doi.org/10.1080/00318884.2025.2562622)
- Novakovskaya I.V., Dymova O.V., Shadrin D.M. et al. 2025. Carotenoids and fatty acids composition of *Coelastrella ferroedaphica* sp. nov. (Chlorophyta, Scenedesmaceae). *Russian Journal of Plant Physiology* 72(163): 1–13. DOI: [10.1134/s1021443725602289](https://doi.org/10.1134/s1021443725602289)
- Novis P.M., Visnovsky G. 2012. Novel alpine algae from New Zealand: Chlorophyta. *Phytotaxa* 39: 1–30. DOI: [10.11646/phytotaxa.39.1.1](https://doi.org/10.11646/phytotaxa.39.1.1)
- Patterson E., Wall R., Fitzgerald G.F. et al. 2012. Health implications of high dietary omega-6 polyunsaturated Fatty acids. *Journal of Nutrition and Metabolism* 2012: 539426. DOI: [10.1155/2012/539426](https://doi.org/10.1155/2012/539426)
- Rambaut A., Drummond A.J., Xie D. et al. 2018. Posterior summarization in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7. *Systematic Biology* 67(5): 901–904. DOI: [10.1093/sysbio/syy032](https://doi.org/10.1093/sysbio/syy032)
- Tamura K., Stecher G., Kumar S. 2021. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution* 38(7): 3022–3027. DOI: [10.1093/molbev/msab120](https://doi.org/10.1093/molbev/msab120)
- Vishnivetskaya T.A. 2009. Viable Cyanobacteria and Green Algae from the Permafrost Darkness. In: Margesin R. (Ed.), *Permafrost Soils. Soil Biology*, Vol. 16. Springer, Berlin, Heidelberg, pp. 1–20. DOI: [10.1007/978-3-540-69371-0_6](https://doi.org/10.1007/978-3-540-69371-0_6)
- Vishnivetskaya T.A., Almatari A.L., Spirina E.V. et al. 2020. Insights into community of photosynthetic microorganisms from permafrost. *FEMS Microbiology Ecology* 96(12): fiae229. DOI: [10.1093/femsec/fiae229](https://doi.org/10.1093/femsec/fiae229)
- Vishnivetskaya T.A., Erokhina L.G., Spirina E.V. et al. 2001. Ancient viable phototrophs within the permafrost. *Nova Hedwigia* 123: 427–442.
- Wang Q., Song H., Liu X. et al. 2019. Morphology and molecular phylogeny of coccoid green alga *Coelastrella* sensu lato (Scenedesmaceae, Sphaeropleales), including the description of three new species and two new varieties. *Journal of Phycology* 55(6): 1290–1305. DOI: [10.1111/jpy.12915](https://doi.org/10.1111/jpy.12915)
- Wang Q.-H., Song H.-Y., Xiu X.-D. et al. 2021. *Coelastrella chongqingensis* sp. nov., a novel species of the subaerial coccoid green algae within the *Coelastrella* (Scenedesmaceae, Sphaeropleales). *Acta Hydrobiologica Sinica* 45(6): 1351–1360.