УДК 593.1

***Д. В. Тихоненков[1], К. В. Михайлов[2], Р. М. Р. Гаврилюк[3], А. О. Беляев[1,4], В. Матур[5,6], С. А. Карпов[7,8], Д. Г. Загумённый[1,9], А. С. Бородина[1,10], К. И. Прокина[1], В. В. Алешин[2], П. Дж. Килинг[5]***

*([1]Институт биологии внутренних вод им. И. Д. Папанина РАН, пос. Борок, Ярославская обл., Россия;*
*[2]НИИ Физико-химической биологии им. А. Н. Белозерского МГУ, Москва, Россия;*
*[3]Университет Виктории, Виктория, Канада;*
*[4]Пензенский государственный университет, Пенза, Россия;*
*[5]Университет Британской Колумбии, Ванкувер, Канада;*
*[6]Оксфордский университет, Оксфорд, Великобритания;*
*[7]Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург, Россия;*
*[8]Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия;*
*[9]Тюменский государственный университет, лаборатория AquaBioSafe, Тюмень, Россия;*
*[10]Воронежский государственный университет, Воронеж, Россия)*

**tikho-denis@yandex.ru**

# МИКРОБИАЛЬНЫЕ «ГРЫЗУНЫ» ФОРМИРУЮТ НОВУЮ СУПЕРГРУППУ ЭУКАРИОТ

Из разнотипных и географически удаленных морских местообитаний выделено десять новых хищных жгутиковых простейших, формирующих новую супергруппу эукариот. Приводятся результаты их морфологического и геномного исследования.

Ключевые слова: протисты, биоразнообразие, эволюция, микробиальные сообщества, филогения

Десять новых хищных микробиальных эукариот были выделены из географически удаленных морских местообитаний, включая коралловые рифы о. Кюрасао, прибрежные донные осадки Черного и Красного морей, а также водную толщу северо-восточной части Тихого и Северного Ледовитого океанов. Филогеномный анализ на основе матрицы из 320-ти белок-кодирующих генов [Strassert et al., 2021] позволил установить, что они являются новой супергруппой эукариот внутри Diaphoretickes. Анализ баз природных сиквенсов показал, что исследуемая группа микробиальных хищников чрезвычайно широко географически распространена в природе, встречаясь преимущественно в морских водах, а также солоноватых и пресных водоемах. Метабаркодинговые исследования показали, что исследуемые организмы населяют коралловые рифы, поверхностные океанические воды, зону глубоководного хлорофильного максимума, мезопелагические воды, донные отложениях на глубине 5000 м. По-видимому, их численность в водных экосистемах относительно невелика, однако они чрезвычайно широко географически распространены во всем мире. Наиболее вероятно, что разнообразие исследуемых микробиальных эукариот на уровне рода является умеренным, поскольку существует очень мало морфологически неидентифицированных филогенетических клад на древе 18S рРНК.

Морфологический анализ с использованием электронной микроскопии выявил, что план строения их клеток, по-видимому, очень древний, ввиду наличия характерных морфологических особенностей неродственных групп эукариот (альвеолят, страменопил, малавимонадид, метамонад, дискобид) и, возможно, иллюстрирует анцестральное строение предка нескольких крупных эукариотических суперкластеров.

Клетки исследованных жгутиконосцев размером ~3 мкм и серповидной формы имеют отчетливый шип, напоминающий жало, используемый для атаки добычи. Внутри шипа находится 5-6 крупных сложных стрекательных органелл (трихоцист), которые, вероятно, выстреливаются в жертву. Мы отметили уникальное явление, при котором изучаемые микробиальные хищники «откусывают» часть клетки крупной (не заглатываемой) жертвы, замыкая вентральную бороздку, армированную микротрубочками. Дистальный конец вентральной цитостомальной бороздки имеет уплотнения, которые выступают на поверхности клетки,

подобно «зубцам». Они откусывают части клетки жертвы, которые в дальнейшем, обернутые плазматической мембраной хищника, попадают в клетку. Этот тип питания с частичным откусыванием клетки жертвы уникален, в отличие от хорошо известных фагоцитоза и мизоцитоза. Данное наблюдение показывает, что жгутиконосцы пикоразмеров могут питаться более крупными протистами, что следует учитывать при моделировании микробных пищевых сетей и потоков вещества и энергии в водных экосистемах.

Функциональная аннотация транскриптомов показывает наличие генов, участвующих в регуляции биения жгутиков и фагоцитозе [Stoka et al., 2016], связанных с функционированием лизосом [Mukherjee et al., 2019], биосинтезом элементов клеточных мембран, адгезией клеток и функциями рецепторов [Appella et al., 1988; Bork et al., 1999; King et al., 2013; Olzmann, Carvalho, 2019; Pietrzyk-Brzezinska, Bujacz, 2020; Shindou, Shimizu, 2009; Tsukada et al., 2003]. Среди белковых доменов, которые заметно обогащены у исследуемых протистов, выявлено семейство мембраноатакующего комплекса и перфорина, известных преимущественно как порообразующие цитолитические белки, которые функционируют в иммунных системах животных и растений [Morita-Yamamuro et al., 2005; Rosado et al., 2008]. У исследуемых протистов они, по-видимому, играют значительную роль в хищничестве и вовлечены в механизмы прикрепления к жертве, выстреливания стрекательных органелл и лизисе мембран. Митохондриальные геномы изученных микробиальных эукариот кольцевые, крупные, относительно компактные и богаты генами. Вероятно, что предок новой супергруппы кодировал в митохондриальном геноме ≥54 белка, выполняющих различные функции, что ставит общего предка изучаемых протистов на второе место среди всех эукариот после якобид по количеству анцестральных белок-кодирующих генов в митохондриальном геноме [Janouškovec et al., 2017; Lang et al., 1997; Burger et al., 2013].

*Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (проекты №20-34-70049 и №20-04-00583)*

Библиографические ссылки

Appella E., Weber I. T., Blasi F. Structure and function of epidermal growth factor-like regions in proteins // FEBS Lett. 1988. №231. P. 1-4. DOI: 10.1016/0014-5793(88)80690-2.

Bork P., Doerks T., Springer T. A., Snel B. Domains in plexins: links to integrins and transcription factors // Trends Biochem Sci. 1999. №24. P. 261-26. DOI: 10.1016/s0968-0004(99)01416-4.

Burger G., Gray M. W., Forget L., Lang B. F. Strikingly bacteria-like and gene-rich mitochondrial genomes throughout jakobid protists // Genome Biol Evol. 2013. №5. P. 418-438. DOI: 10.1093/gbe/evt008.

Janouškovec J., Tikhonenkov D. V., Burki F. et al. A New Lineage of Eukaryotes Illuminates Early Mitochondrial Genome Reduction // Curr Biol. 2017. №27(23). P. 3717-3724.e5. DOI: 10.1016/j.cub.2017.10.051.

King J. S. et al. WASH is required for lysosomal recycling and efficient autophagic and phagocytic digestion // Mol Biol Cell. 2013. №24. P. 2714-2726. DOI: 10.1091/mbc.E13-02-0092.

Lang B. F., Burger G., Kelly C. J. O. et al. An ancestral mitochondrial DNA resembling a eubacterial genome in miniature // Nature. 1997. №387. P. 493-497. DOI: 10.1038/387493a0.

Morita-Yamamuro C. et al. The Arabidopsis gene CAD1 controls programmed cell death in the plant immune system and encodes a protein containing a MACPF domain // Plant Cell Physiol. 2005. №46. P. 902-912. DOI: 10.1093/pcp/pci095.

Mukherjee A. B. et al. Emerging new roles of the lysosome and neuronal ceroid lipofuscinoses // Mol Neurodegener. 2019. №14: 4. DOI: 10.1186/s13024-018-0300-6.l.

Olzmann J. A., Carvalho P. Dynamics and functions of lipid droplets // Nat Rev Mol Cell Biol. 2019. №20. P. 137-155. DOI: 10.1038/s41580-018-0085-z.

Pietrzyk-Brzezinska A. J., Bujacz A. H-type lectins – Structural characteristics and their applications in diagnostics, analytics and drug delivery // Int J. Biol Macromol. 2020. №152. P. 735-747. DOI: 10.1016/j.ijbiomac.2020.02.320.

Rosado C. J. et al. The MACPF/CDC family of pore-forming toxins // Cell Microbiol. 2008. №10. P. 1765-1774. DOI: 10.1111/j.1462-5822.2008.01191.x.

Shindou H., Shimizu T. Acyl-CoA: lysophospholipid acyltransferases // J. Biol Chem. 2009. №284. P. 1-5. DOI: 10.1074/jbc.R800046200.

Stoka V., Turk V., Turk B. Lysosomal cathepsins and their regulation in aging and neurodegeneration // Ageing Res Rev. 2016. №32. P. 22-37. DOI: 10.1016/j.arr.2016.04.010.

Strassert J. F. H., Irisarri I., Williams T. A., Burki F. A molecular timescale for eukaryote evolution with implications for the origin of red algal-derived plastids // Nat Commun. 2021. №12. P. 1879. DOI: 10.1038/s41467-021-22044-z.

Tsukada S. et al. Inhibition of experimental intimal thickening in mice lacking a novel G-protein-coupled receptor // Circulation. 2003. №107. P. 313-319. DOI: 10.1161/01.cir.0000043804.29963.b4.