

ISSN 0868-854 (Print)

ISSN 2413-5984 (Online). *Algologia*. 2015, 25(4):428-438

<http://dx.doi.org/10.15407/alg25.04.428>

УДК 582.26.2 (597)

Е.С. ГУСЕВ

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки
Институт биологии внутренних вод им. И.Д. Папанина РАН,
пос. Борок, Некоузский р-н, 152742 Ярославская обл., Россия
algogus@yandex.ru

НОВЫЙ ВИД РОДА *MALLOMONAS* PERTY (*SYNURALES*, *CHRYSOPHYCEAE*) ИЗ ВОДОЁМОВ ВЬЕТНАМА

Описан новый вид – *Mallomonas paragrandsis* E.S. Gusev sp. nov. (род *Mallomonas*) из водоёмов Вьетнама. По морфологическому строению чешуек он относится к секции *Planae* и наиболее сходен с таксонами комплекса *M. matvienkoeae* Asmund & Kristiansen, в частности с *M. sorohexareticulata* Jo, Shin, Kim, Siver & Andersen, *M. hexareticulata* Jo, Shin, Kim, Siver & Andersen и *M. matvienkoeae* var. *grandsis* Dürtschmidt & G. Cronberg. Молекулярно-генетический анализ на основе трех генов (ядерные 18S, 28S рДНК и пластидный *rbcL*) также показал, что *M. paragrandsis* находится в одной кладе с таксонами комплекса *M. matvienkoeae* и подтвердил обоснованность выделения нового вида.

Ключевые слова: *Synurales*, *Mallomonas*, новый вид, морфологическое строение, молекулярно-генетические критерии.

Введение

Синуровые водоросли (*Synurales*, *Chrysophyceae*) – одноклеточные или колониальные организмы, преимущественно пресноводные. Их систематика базируется на строении чешуек, покрывающих клетку. Согласно последним данным, известно более 200 таксонов этой группы (Kristiansen, Preisig, 2007). Род *Mallomonas* включает около 190 валидных таксонов и на основе морфологических особенностей кремнезёмных чешуек разделён на 19 секций. Но предполагаемые филогенетические связи между группами на основе морфологического критерия могут быть искусственными (Kristiansen, Preisig, 2007). В ряде работ на основании молекулярно-генетического анализа подтверждено разделение рода *Mallomonas* на обособленные группы (секции), но с некоторыми исключениями (Jo et al., 2011). Исследователи отмечали недостаточность выборок (клональных культур) для полноценного анализа филогенетических отношений внутри порядка *Synurales* (Andersen, 2007, Jo et al., 2011, Škaloud et al., 2013). Так, для рода *Mallomonas* к настоящему

© Е.С. Гусев, 2015

времени имеются молекулярно-генетические данные для 30 видов из 190, представляющих всего 9 секций из 19 (Jo et al., 2011, 2013). В последнее время более детальное изучение морфологии видов рода *Mallomonas* из разных природно-климатических зон (а в некоторых случаях и с использованием молекулярно-генетического подхода) позволило описать 16 новых для науки видов, в т.ч. 10 из Восточной и Юго-Восточной Азии (Kim, Kim, 2008, 2010; Gusev, 2012, 2013, 2015; Jo et al., 2013; Ma, Wei, 2013,; Kim et al., 2014).

Одним из наиболее изменчивых по морфологическим критериям видов считается *Mallomonas matvienkoeae*, который включает пять разновидностей и форм (Asmund, Kristiansen, 1986; Kristiansen, Preisig, 2007). В результате исследований клональных культур *M. matvienkoeae*, представляющих популяции из субтропической зоны, было выделено три новых вида на основе морфологических признаков, подтвержденных молекулярно-генетическими данными (Jo et al., 2013). В данной работе был описан также один ископаемый вид этой группы. При разграничении таксонов учитывались особенности перфорирования базальной пластинки чешуйки, строение вторичного кремнезёмного



Карта-схема района исследований

слоя, орнаментация папиллами и строение щетинок, которые, как считалось ранее, зависели от экологических условий и использовались лишь для разделения форм. Но молекулярно-генетические данные и устойчивость таких морфологических признаков при культивировании видов, родственных *M. matvienkoeae*, подтвердили значимость этих структур для разграничения таксонов на видовом уровне.

Цель данной работы – описание нового вида из таксонов, родственных *M. matvienkoeae*, на основании изучения природных популяций и клональных культур с учетом молекулярно-генетических данных.

Материалы и методы

Пробы отбирали во Вьетнаме в р. Зуа (Dừa) в провинции Кханьхоа (Khánh Hòa) и болотных водоёмах Национального парка Каттъян (Cát Tiên) провинции Донгнай (Đồng Nai) в 2012–2014 гг. (см. карту-схему). Для этого использовали планктонную сеть с ячейкой 20 мкм. Пробы фиксировали раствором Люголя. Из нефиксированных проб пипеткой выделяли отдельные клетки, промывали в каплях стерилизованной воды

и помещали в лунку (300 мкл) планшета для иммуноферментного анализа. После трех недель роста альгологически чистые культуры переносили в чашки Петри диаметром 40 мм. Для выращивания водорослей использовали среду Waris-H (McFadden, Melkonian, 1986) с буфером TRIS вместо HEPES. Через месяц роста культуры переносили на столики для сканирующей электронной микроскопии. Отмытые от фиксатора пробы прожигали в течение 12 ч при температуре 330 °С в сухожаровом шкафу. Затем на столики наносили напыление золотом в течение 10 мин. Исследование проводили в ЦКП электронной микроскопии ИБВВ РАН на микроскопе JEOL 6510 LV. Для изучения водорослей в трансмиссионном электронном микроскопе пробы прожигали в серной кислоте с бихроматом калия, отмывали в дистиллированной воде. Осадок помещали на сетки, покрытые формваровой плёнкой (EMS FF200-Cu-50, Electron Microscopy Sciences). Использовали трансмиссионные микроскопы JEM-1011 и JEM-100С. Параметры среды при отборе проб измеряли с помощью прибора Hanna Combo (HI 98129). Для исследований были отобраны штаммы VN821 и VN827 из коллекции ИБВВ РАН (BOROK). Для молекулярно-генетического анализа выбран штамм VN827. ДНК выделяли с помощью InstaGene Matrix (BioRad).

Для анализа использовали последовательности ядерных рибосомных генов 18S *r*ДНК и 28S *r*ДНК, а также хлоропластный протеин-кодирующий *rbcL*. ПЦР проводили в объёме 25 мкл с использованием набора Screen Mix РК-141 компании Евроген и праймеров, приведенных в работе Jo с соавт. (2011). Цикл ПЦР соответствовал алгоритму, описанному в этой же работе. Секвенирование проводили в ИБВВ РАН с использованием автоматизированного капиллярного анализатора ABI PRISM 3500. Редактирование и сборку консенсусной последовательности осуществляли путём визуального сопоставления прямой и обратной хроматограмм с помощью программ FinchTV (<http://geospiza.com/Products/finchtv.shtml>) и MEGA 6 (Tamura и др., 2013). Полученные последовательности депонированы в базе данных NCBI (GenBank) под номерами: KT852944, KT852945, KT 852946. Для построения филогенетического древа и последующего анализа использовали нуклеотидные последовательности 18S *r*ДНК, 28S *r*ДНК и *rbcL*, взятые из базы данных GenBank, их номера приведены в статье Jo с соавт. (2013).

Филогенетические деревья строили методами максимального правдоподобия (Maximum Likelihood, далее ML) с помощью программы MEGA 6 и байесовского анализа (Bayesian Inference, далее BI) с использованием программы Mr. Bayes 3.2.4 (Ronquist, Huelsenbeck, 2003) (см. ниже). Параметры эволюционной модели нуклеотидных последовательностей оценивали в программе MEGA 6, наиболее подходящей была выбрана GTR + G + I. Устойчивость (статистическую поддержку)

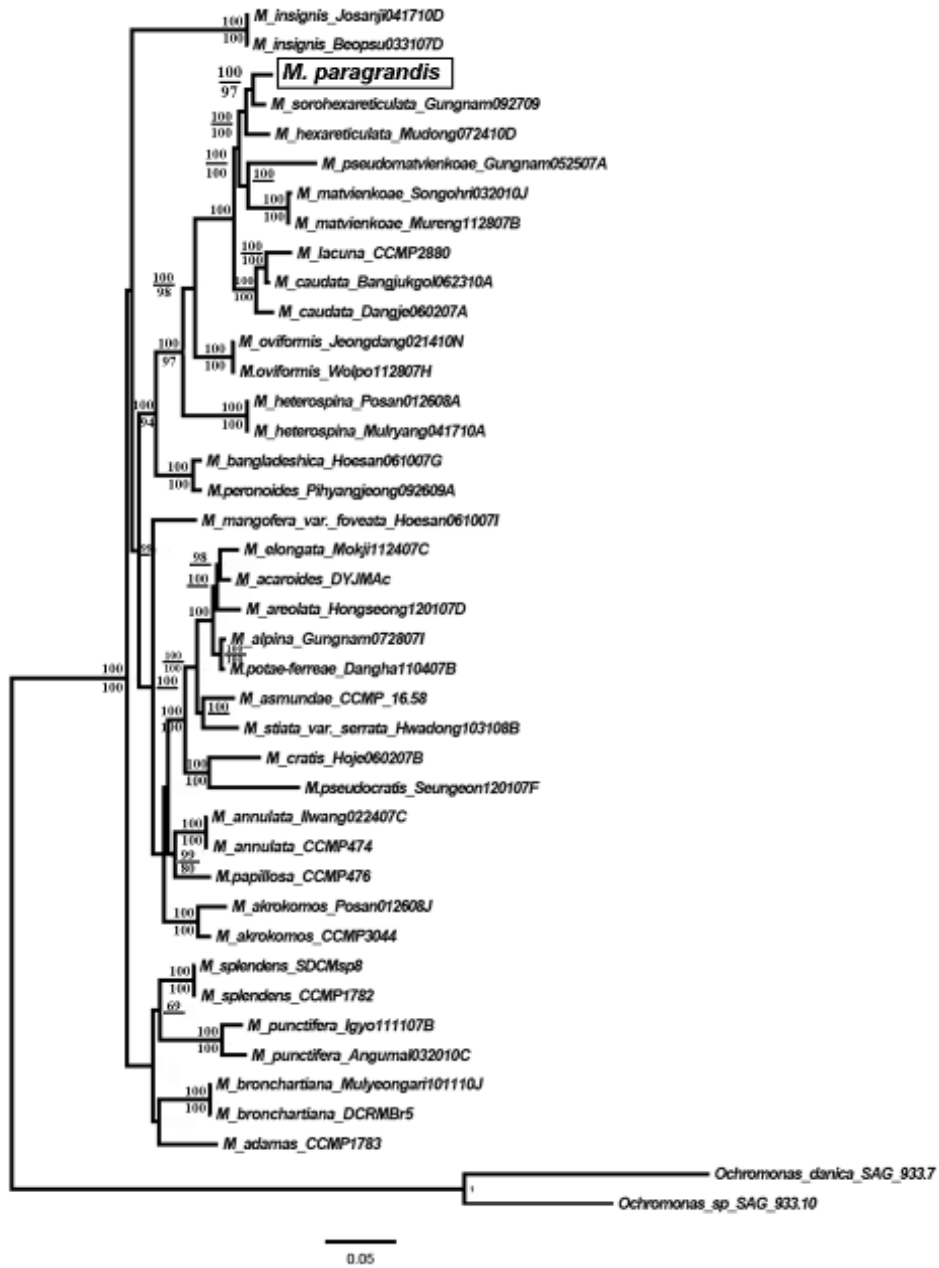


Схема филогенетического дерева, построенная В1 методом на основе совместного анализа нуклеотидных последовательностей 18S рДНК, 28S рДНК и *rbcL*. Сверху (над дробью или ветвями) – байесовская апостериорная вероятность, снизу (под дробью или ветвями) – значения ML бутстрепа

филогенетических деревьев в МР оценивали методом бутстрепа, используя 1000 бутстреп-реплика. Для В1 выбраны следующие пара-

метры: случайное начальное дерево (random start tree), количество запусков (nruns) – 2, число параллельных цепочек (nchains) – 4, количество поколений (ngen) – 1000000, запись параметров каждого сотого поколения (samplefreq), параметры отжига (burn in) – 25 %. Просмотр и редактирование деревьев осуществляли в программе FigTree 1.4.0 (<http://tree.bio.ed.ac.uk/>).

Результаты и обсуждение

Mallomonas paragrandis sp. nov. (Figs 1–14)

Cells ellipsoidal (dimensions of dried cells 22–32×12–16 μm). Scales are oval or obovoid, 4.8–6.0×2.7–4.0 μm. A posterior rim encircled about one-half of the scale perimeter. Posterior part of the scale lacking secondary layer, with evenly spaced large subcircular base-plate pores, covering approximately a half of the scale. There is a single large rimmed pore in the center of the posterior part, surrounded by a cluster of small pores, well visible on TEM images. Anterior scale region with the secondary silica layer in form of hexagonal meshwork, covered with papillae, arranged in hexagonal patterns in the angles of the meshes and with minute base plate pores in the center of the meshes. Bristles 11–24 μm long, smooth, straight or slightly curved; bristle shaft with an open slit and an expanded distal end bearing a serrated margin. Cysts unknown.

Type: VIET NAM. Khanh Hoa Province: Zua River, 12°15'1" N, 109°09'5" E, 25th of June 2012, E.S. Gusev sp.n. SEM stub DKH 111 (holotype IBIW!, see Fig. 11), sample DKH 111, 25.06.2012, in collection E.S. Gusev.

Distribution and habitat: This species was found in the type locality and in Cat Tien National Park (Dong Nai Province).

Etymology: Epithet “paragrandis” refers to the close similarity of the scale ultrastructure to *Mallomonas matvienkoeae* var. *grandis*.

Новый вид *Mallomonas paragrandis* имеет удлинённые эллипсоидные клетки 22–32×12–16 мкм (измеряли высушенные клетки). Чешуйки овально-яйцевидные или овальные, длиной 4,8–6 мкм и шириной 2,7–4 мкм, суженные в дистальной части. Проксимальный ободок окружает примерно половину периметра чешуек. На базальной пластине чешуек имеются крупные и мелкие поры. В дистальной части расположены мелкие поры. Эту область, занимающую почти половину площади чешуек, покрывает вторичный кремнезёмный слой в форме шестигранных ячеек, образующих сплошную сеть. В центре ячеек расположены мелкие поры. Сверху область чешуек покрыта папиллами, находящимися в углах шестигранников. Узкая антериальная кромка чешуек гладкая, без папилл. В проксимальной части чешуек, где отсутствует вторичный кремнезёмный слой, располагается центральная крупная пора, окружённая ободком и «облаком» очень мелких пор, видимых на фотографиях ТЭМ. На фотографиях, сделанных с помощью СЭМ, эта область вокруг центральной поры выглядит как кольцевой

гиалиновый участок без пор. В остальной части проксимальной области чешуек расположены поры большего диаметра, чем поры в дистальной части базальной пластины. Область распространения этих крупных пор ограничена проксимальным ободком с краёв чешуек и вторичным кремнезёмным слоем в центре. Вдоль проксимального ободка может образовываться пояс без пор (см. фото, 12). В условиях культивирования область распространения крупных пор может ещё больше сужаться и ограничиваться кольцом из нескольких рядов пор вокруг крупной центральной поры с ободком (см. фото, 2). В фиксированном образце, отобранном в водоеме, такие чешуйки встречались редко. Щетинки у нового вида достаточно длинные (11–24 мкм), прямые или слабо изогнутые, их концы расширены, на них имеются многочисленные зубчики.

Mallomonas paragrandsis относится к секции *Planae*. По морфологическому строению чешуек к новому виду наиболее близки таксоны: *Mallomonas sorohexareticulata*, *Mallomonas hexareticulata* и *Mallomonas matvienkoeae* var. *grandsis*. Они, включая новый вид, отличаются от остальных представителей группы *M. matvienkoeae* формой чешуек. Все четыре таксона имеют овальные или овально-яйцевидные чешуйки с более широкой проксимальной и зауженной дистальной частью. Проксимальная часть, ограниченная ободком, не имеет вторичного кремнезёмного слоя, тогда как дистальная покрыта вторичным слоем. На базальной пластине расположены поры, размеры, форма и количество которых специфичны для каждого таксона.

Основное сходство нового вида с *M. matvienkoeae* var. *grandsis*, описанным из Шри-Ланки (Dürschmidt, Cronberg, 1989) – расположение крупных пор базальной пластины в проксимальной части чешуйки и сетчатой ретикуляции в дистальной части. Эти два таксона имеют существенные отличия: размеры чешуек у *M. matvienkoeae* var. *grandsis* значительно больше (8–9×5–5.5 мкм против 4.8–6×2.7–4 мкм) и в центре проксимальной части чешуйки располагается несколько крупных «центральных» пор (обычно 3–5) (Dürschmidt, Cronberg, 1989). Отличаются и размеры их клеток. У *M. matvienkoeae* var. *grandsis* они очень крупные (40–60×15–20 мкм), у *M. paragrandsis* – значительно меньше (22–32×12–16 мкм).

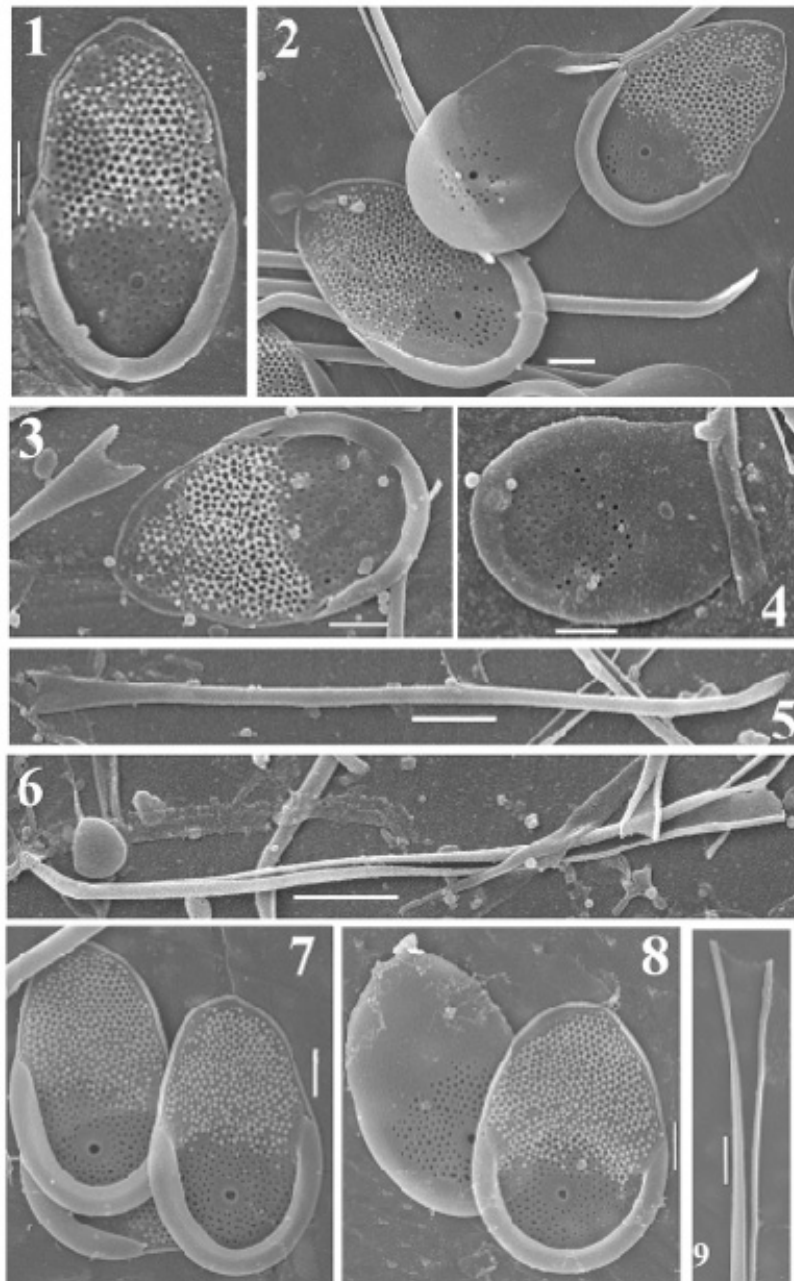
Mallomonas hexareticulata и *M. sorohexareticulata* были описаны на основании морфологических и молекулярно-генетических данных при изучении культур водорослей, выделенных из водоёмов Южной Кореи (Jo et al., 2013). *Mallomonas paragrandsis* сочетает ряд признаков указанных видов. Как и у *M. hexareticulata*, у *M. paragrandsis* крупная центральная пора базальной пластины окружена «облаком» более мелких пор. У обоих видов крупные поры в проксимальной части ограничены проксимальным ободком с краёв и вторичным кремнезёмным слоем в центре чешуйки, т.е. сосредоточены только в проксимальной части чешуйки. Но у *M. hexareticulata* они занимают примерно 1/3 часть площади чешуйки, а у *M. paragrandsis* – почти

половину. Оба вида сходны также наличием гексагональной ретикуляции. Однако имеется ряд отличий. Так, чешуйки *M. hexareticulata* немного меньше (2–5×2–3 мкм), поры в проксимальной части неправильной удлинённой формы, в дистальной области чешуек отсутствуют папиллы. Другое у них и строение щетинок. У *M. hexareticulata* они короткие (9–11 мкм), заканчиваются венчиком зубцов на дистальном нерасширенном конце. У *M. paragrandis* щетинки с рядом зубцов длиннее (11–24 мкм) и заканчиваются расширением в дистальной части.

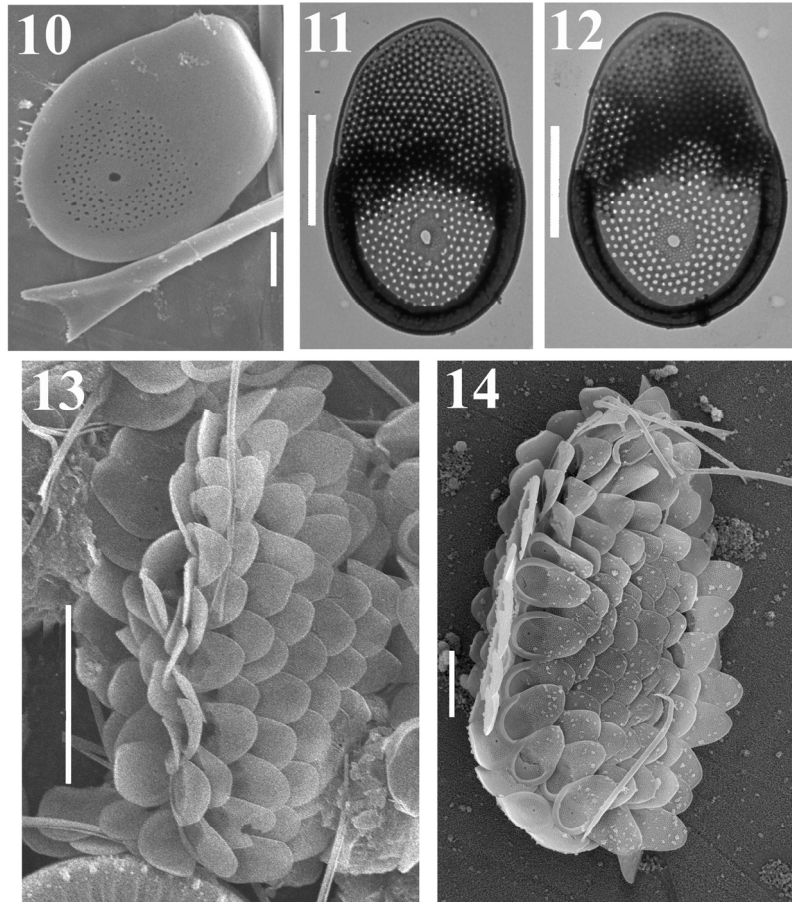
Сходство *M. sorohexareticulata* и *M. paragrandis* заключается в строении щетинок, округлой форме пор, дистальная часть чешуек обоих видов покрыта папиллами. Однако папиллы *M. sorohexareticulata* не образуют гексагональной структуры, как у *Mallomonas paragrandis*. Наличие внутренней структуры вторичного кремнезёмного слоя в виде шестиугольных ячеек для *M. sorohexareticulata* не отмечено, так как вид описан только на основании сканирующей электронной микроскопии, не позволяющей распознать эти внутренние структуры. Ещё одно важное отличие – у *M. sorohexareticulata* крупные поры занимают почти всю площадь чешуек, включая область развития вторичного кремнезёмного слоя, в отличие от *M. paragrandis*, где крупные поры занимают только проксимальную часть чешуйки, а в области развития вторичного кремнезёмного слоя имеются поры значительно меньшего размера.

От других родственных *Mallomonas matvienkoae* таксонов новый вид отличается формой чешуек, расположением и размером пор, а также структурой вторичного кремнезёмного слоя. Чешуйки *M. pseudo-matvienkoae* Jo, Shin, Kim, Siver & Andersen имеют лишь одну центральную пору в проксимальной части, остальная часть пластины не перфорирована. У *M. matvienkoae* поры одинакового размера и занимают всю поверхность чешуйки. *Mallomonas matvienkoae* var. *siveri* Wujek & Saha имеет в проксимальной части чешуек редкие рассеянные поры. В проксимальной части чешуек *M. matvienkoae* var. *tyakkana* Siver расположено несколько крупных центральных пор.

Для молекулярно-генетического анализа использовали участки ядерных генов 18S рДНК длиной 1602 пн, 28S рДНК длиной 2730 пн и пластидного гена *rbcL* длиной 1071 пн. Общая длина составила 5403 пн. Совместный анализ нуклеотидных последовательностей трех генов показал, что *M. paragrandis* был помещён в кладу, включавшую таксоны, ранее относимые к виду *M. matvienkoae*: *M. matvienkoae*, *M. pseudo-matvienkoae*, *M. sorohexareticulata* и *M. hexareticulata*. Внутри этой группы *M. paragrandis*, *M. sorohexareticulata* и *M. hexareticulata* образовали кладу с высокой статистической поддержкой. В свою очередь, *M. paragrandis* и *M. sorohexareticulata* выделились в отдельную субкладу, подтверждённую статистически. Генетические различия (p-distance) между *M. paragrandis*, *M. sorohexareticulata* и *M. hexareticulata* были довольно существенны. При сравнении *M. paragrandis* и *M. sorohexareticulata* на основе последова-



Микрофотографии *Mallomonas paragrandsis*, выполненные с помощью сканирующего и трансмиссионного электронных микроскопов: 1 – чешуйка нового вида, штамм VN 827, СЭМ, шкала 1 мкм; 2 – группа чешуек штамма VN 821 с небольшим количеством пор в проксимальной части, СЭМ, 1 мкм; 3 – чешуйка и расширенное зубчатое окончание щетинки, VN 827, СЭМ, 1 мкм; 4 – обратная сторона чешуйки, VN 827, СЭМ, 1 мкм; 5 – щетинка VN 821, СЭМ, 2 мкм; 6 – щетинка, VN 821, СЭМ, 2 мкм; 7 – две чешуйки, р. Зуа, СЭМ, 1 мкм; 8 – две чешуйки, одна с обратной стороны, р. Зуа, СЭМ, 1 мкм; 9 – окончание щетинки с расширенным концом, р. Зуа, СЭМ, 1 мкм;



10 – чешуйка с обратной стороны, р. Зуа, СЭМ, 1 мкм; *11* – чешуйка, р. Зуа, ТЭМ, 2 мкм, голотип; *12* – чешуйка, р. Зуа, ТЭМ, 2 мкм; *13* – целая клетка (высушенная), р. Зуа, СЭМ, 10 мкм; *14* – целая клетка (высушенная), Национальный парк Катъен, временный водоём, СЭМ, 5 мкм

тельностей ядерных генов они составили 0,009, при использовании *rbcL* – 0,043. При сопоставлении *M. paragrandsis* и *M. hexareticulata* величины p-distance составляли 0,011 и 0,062 соответственно. Для сравнения, различия между *M. sorohexareticulata* и *M. hexareticulata* составили 0,008 для ядерных генов и 0,062 – для хлоропластного гена. Таким образом, сравнение нуклеотидных последовательностей трёх таксонов подтвердило обоснованность выделения *M. paragrandsis* в качестве самостоятельного вида.

Новый вид был найден в двух провинциях Вьетнама. В провинции Кханьхоа – в реке Зуа на окраине г. Нячанг, из этого же водоёма были выделены в культуру два штамма нового вида. В провинции Донгай вид обнаружен в водохранилище Талаи (Ta Lai), в озёрах водно-болотного комплекса Баушау (Bau Sâu) и в ряде небольших водоёмов тропического леса (см. таблицу).

Находки *Mallomonas paragrandsis* во Вьетнаме

Местонахождение	Координаты	Электропроводность, мкСим/см	pH	Температура, °C
р. Зуа	12°15'1" с.ш. 109°09'5" в.д.	246	6.6	30
оз. Канхмайбай (Canh May Bay)	11° 28'.11" с.ш. 107° 20'.30" в.д.	14	5.8	27
оз. Даука (Đuvi Ca)	11° 28'26" с.ш. 107° 20'34" в.д.	22	5.9	28
вдхр. Талаи	11°23'26" с.ш. 107°21'49" в.д.	37	6.4	30
Временный водоём в национальном парке Катъен	11° 24' 26" с.ш. 107° 24' 49" в.д.	29	6,14	31
Старый иригационный канал в национальном парке Катъен	11° 24' 31" с.ш. 107° 24' 23" в.д.	38	6,1	33

Сопоставление морфологических и молекулярно-генетических данных показывает, что *M. paragrandsis* – самостоятельный вид из комплекса *M. matvienkoae*. Ранее в результате сравнения нуклеотидных последовательностей уже отмечалось, что *M. matvienkoae* – сборный таксон, представленный несколькими видами (Jo et al., 2011, 2013).

Итак, в 2013 г. было описано три современных и один ископаемый вид из этой группы, причём современные виды комплекса образовали две подтверждённые клады (Jo et al., 2013). *Mallomonas paragrandsis* по форме и ультраструктуре чешуек, а также по сходству нуклеотидных

последовательностей объединяется в одну кладу с *M. sorohexareticulata* и *M. hexareticulata*. По строению чешуек новый вид занимает промежуточное положение, объединяя признаки как первого вида (форма крупных пор базальной пластинки, дистальная часть, покрытая папиллами, размеры чешуек), так и второго (распространение крупных пор только в проксимальной части, ясно видимое облако мелких пор вокруг крупной центральной поры в проксимальной части). Ультраструктура щетинок *M. paragrandsis* и *M. sorohexareticulata* практически одинакова. *Mallomonas matvienkoae* var. *grandis*, для которого нет данных о нуклеотидных последовательностях, скорее всего, также представляет отдельный вид, сходный по строению с *M. paragrandsis*, но отличающийся прежде всего очень крупными размерами чешуек и количеством крупных центральных пор в проксимальной части чешуек. Все четыре описываемых таксона известны только из субтропических и тропических районов, причём *M. paragrandsis*, *M. sorohexareticulata* и *M. hexareticulata* найдены пока лишь в Азиатском регионе.

Таким образом, для различения таксонов комплекса *Mallomonas matvienkoae* важными диагностическими признаками, на которые следует обращать внимание при идентификации, являются форма чешуек, степень перфорированности базальной пластинки, форма и размеры пор, строение вторичного кремнезёмного слоя и щетинок. В целом, эта разнообразная группа нуждается в серьёзной ревизии с учётом морфологических и молекулярно-генетических данных и дополнительных исследованиях типового материала *M. matvienkoae*. Несомненно, дальнейшие исследования позволят выявить и описать новые виды из этого комплекса.

Автор выражает благодарность сотрудникам центра коллективного пользования электронной микроскопии ИБВВ РАН за помощь в работе с микроскопами, сотрудникам Совместного Российско-Вьетнамского Тропического научно-исследовательского и технологического центра за помощь в проведении экспедиций (в рамках темы Эколан 3.2). Работа поддержана грантами РФФИ № 14-04-93001 вьет_а и №15-04-04181 а. При исследованиях использовали штаммы центра по изучению, культивированию и хранению водных автотрофных организмов ИБВВ РАН, финансируемого в рамках проекта РФФИ 15-29-02739 офи_м.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Asmund B., Kristiansen J. The genus *Mallomonas* (*Chrysophyceae*). A taxonomic survey based on the ultrastructure of silica scales and bristles // *Opera Bot.* — 1986. — 85. — P. 1–128.
- Dürschmidt M., Cronberg G. Contribution to the knowledge of tropical Chrysophytes: *Mallomonadaceae* and *Paraphysomonadaceae* from Sri Lanka // *Algol. Stud.* — 1989. — 54. — 15–37.
- Gusev E.S. A new species of the genus *Mallomonas* (*Synurales*, *Chrysophyceae*), *Mallomonas fimbriata* sp. nov. // *Phytotaxa.* — 2015. — 195(4). — P. 291–296.

- Gusev E.S. A new species of the genus *Mallomonas* (*Synurophyceae*), *Mallomonas spinosa* sp. nov., from Vietnam // *Phytotaxa*. – 2012. – **66**. – P. 1–5.
- Gusev E.S. Studies on synurophycean algae from mangrove wetlands (Vietnam) // *Nova Hedw. Beih.* – 2013. – **142**. – P. 87–95.
- Jo B.Y., Shin W., Boo S.M., Kim H.S., Siver P.A. Studies on ultrastructure and three-gene phylogeny of the genus *Mallomonas* (*Synurophyceae*) // *J. Phycol.* – 2011. – **47**. – P. 415–425.
- Jo B.Y., Shin W., Kim H.S., Siver P.A., Andersen R.A. Phylogeny of the genus *Mallomonas* (*Synurophyceae*) and descriptions of five new species on the basis of morphological evidence // *Phycologia*. – 2013. – **52**. – P. 266–278.
- Kim H.S., Kim, J.H. *Mallomonas koreana* sp. nov. (*Synurophyceae*), a new species from South Korea // *Nova Hedw.* – 2008. – **86**. – P. 469–476.
- Kim H.S., Kim J.H. *Mallomonas jejuensis* sp. nov. (*Synurophyceae*) from Jeju Island, South Korea // *Nord. J. Bot.* – 2010. – **2**. – P. 350–353. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1756-1051.2009.00600.x>
- Kim H.S., Kim J.H., Shin W., Jo B.Y. *Mallomonas elevata* sp. nov. (*Synurophyceae*), a new scaled Chrysophyte from Jeju Island, South Korea // *Nova Hedw.* – 2014. – **98**. – P. 89–102.
- Kristiansen J., Preisig H.R. *Chrysophyta* and *Haptophyta* Algae. Pt 2. *Synurophyceae* // *Süßwasserflora von Mitteleuropa (Freshwater flora of Central Europe)*. 1/2. – Berlin: Springer Verlag, 2007. – 252 S.
- Ma C.X., Wei Y.X. A new species of the genus *Mallomonas* found in the national wetland preserve in Zhenbaodao, Heilongjiang, northeast China // *Nova Hedw.* – 2013. – **96**. – P. 457–462.
- McFadden G.I., Melkonian M. Use of HEPES buffer for algal culture media and electron microscopy // *Phycologia*. – 1986. – **25**. – P. 551–557.
- Ronquist F., Huelsenbeck J.P. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models // *Bioinformatics*. – 2003. – **19**. – P. 1572–1574.
- Škaloud P., Kristiansen J., Škaloudová M. Developments in the taxonomy of silica-scaled chrysophytes – from morphological and ultrastructural to molecular approaches // *Nord. J. Bot.* – 2013. – **31**. – P. 385–402.
- Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipiński A., Kumar S. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0 // *Mol. Biol. and Evol.* – 2013. – **30**. – P. 2725–2729.

Получена 20 апреля 2015 г.

Подписал в печать И.Ю. Костиков

REFERENCES

- Asmund B. and Kristiansen J., *Opera Bot.*, 1986, 85:1-128.
- Dürschmidt M. and Cronberg G., *Algol. Stud.*, 1989, 54:15-37.
- Gusev E.S., *Phytotaxa*, 2015, 195(4):291-296.
- Gusev E.S., *Phytotaxa*, 2012, **66**:1-5.
- Gusev E.S., *Nova Hedw. Beih.*, 2013, 142:87-95.
- Jo B.Y., Shin W., Boo S.M., Kim H.S., and Siver P.A., *J. Phycol.*, 2011, 47:415-425.
- Jo B.Y., Shin W., Kim H.S., Siver P.A., and Andersen R.A., *Phycologia*, 2013, 52:266-278.
- Kim H.S. and Kim J.H., *Nord. J. Bot.*, 2010, 2:350-353. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1756-1051.2009.00600.x>

- Kim H.S., Kim J.H., Shin W., and Jo B.Y., *Nova Hedw.*, 2014, 98:89-102.
Kim H.S. and Kim, J.H., *Nova Hedw.*, 2008, 86:469-476.
Kristiansen J. and Preisig H.R., *Süßwasserflora von Mitteleuropa (Freshwater flora of Central Europe)*. 1/2, Springer Verlag, Berlin, 2007, 252 S.
Ma C.X. and Wei Y.X., *Nova Hedw.*, 2013, 96:457-462.
McFadden G.I. and Melkonian M., *Phycologia*, 1986, 25:551-557.
Ronquist F. and Huelsenbeck J.P., *Bioinformatics*, 2003, 19:1572-1574.
Škaloud P., Kristiansen J., and Škaloudová M., *Nord. J. Bot.*, 2013, 31:385-402.
Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A., and Kumar S., *Mol. Biol. and Evol.*, 2013, 30:2725-2729.

ISSN 0868-854 (Print)

ISSN 2413-5984 (Online). *Algologia*. 2015, 25(4):428-438

<http://dx.doi.org/10.15407/alg25.04.428>

E.S. Gusev

Papanin's Institute for Biology of Inland Waters Russian Academy of Sciences,
Settl. Borok, Nekouz District, 152742 Yaroslavl Region, Russia,
algogus@yandex.ru

A NEW SPECIES OF THE GENUS *MALLOMONAS* (*SYNURALES*,
CHRYSOPHYCEAE) FROM VIETNAM

Mallomonas paragrandsis E.S. Gusev sp. nov. is described from Zua River, located in Khanh Hoa Province, Central Viet Nam. The description is based on silica-scale morphology studied by means of transmission and scanning electron microscopy. New species has oval or obovoid scales with evenly distributed large pores in proximal half of the scales. Distal part is covered with hexagonal reticulation with minute pores inside each mesh and papillae in the angles of the meshes. New species belongs to the Section *Planae* and closely related to *Mallomonas sorohexareticulata* Jo, Shin, Kim, Siver & Andersen, *M. hexareticulata* Jo, Shin, Kim, Siver & Andersen and *M. matvienkoae* Asmund & Kristiansen var. *grandsis* Dürschmidt & G. Cronberg. Results of morphological comparison were approved by molecular analysis on the basis of nuclear 18S and 28S rDNA and plastid *rbcL* genes.

Key words: *Synurales*, *Mallomonas*, new species, morphological and molecular studies.