网络出版时间:2025-08-07 DOI:10.13207/j.jnwafu.2026.02.018

吕梁市微鞘藻科(蓝藻)形态学及分子系统学研究

张婷[1],王捷[1,2],董建新[1],魏爱丽[1,2],王清华[1,2],李艳晖[1,2]

(1 太原师范学院 生物科学与技术学院,山西 晋中 030619;2 太原师范学院 汾河流域地表过程与资源生态安全山西省重点实验室,山西 晋中 030619)

[摘 要] 【目的】通过丰富微鞘藻科的物种多样性,进一步扩充中国藻种资源库,为推动现代蓝藻分类系统的单系化发展奠定基础。【方法】从中国山西省吕梁市的土壤、河流以及石头表面分离出 53 株丝状蓝藻样本,利用光学显微镜进行形态学观察,基于 16S rRNA 基因序列使用贝叶斯法、最大似然法以及邻接法构建系统发育树,基于 16S−23S rRNA 基因间隔区预测藻株的二级结构。【结果】结合形态学及分子系统学方法,将其中 6 株藻株鉴定为微鞘藻科物种,分别为具鞘微鞘藻、南极微鞘藻(*Microcoleus antarcticus* Casamatta & Johansen)、阿氏浮丝藻、伪秋微鞘藻、*Planktothrix rubescens* ((De Candolle ex Gomont) Anagnostidis & Komárek)和 *Planktothrix suspensa* ((Pringsheim) Anagnostidis & Komárek)。【结论】南极微鞘藻是中国报道的蓝藻新记录种,该种的发现丰富了中国蓝藻物种多样性,为准确鉴定蓝藻提供了理论依据,也为微鞘藻科的进一步重新修订和评估打下基础。

[关键词] 丝状蓝藻;微鞘藻科;新记录种;形态学;系统发育

[中图分类号] Q949.22 [文献标志码] A [文章编号] 1671-9387(2026)02-0170-11

Study on the morphology and molecular systematics of Microcoleaceae (cyanobacteria) in Lüliang, Shanxi

ZHANG Ting[1], WANG Jie[1,2], DONG Jianxin[1],
WEI Aili[1,2], WANG Qinghua[1,2], LI Yanhui[1,2]

(1 *College of Biological Science and Technology, Taiyuan Normal University, Jinzhong, Shanxi* 030619, *China*; 2 *Shanxi Key Laboratory of Earth Surface Processes and Resource Ecology Security in Fenhe River Basin, Taiyuan Normal University, Jinzhong, Shanxi* 030619, *China*)

Abstract: 【Objective】 The study enriches the species diversity of Microcoleaceae and further expands the Chinese algal resource database, providing a foundation for promoting the monophyletic development of the modern cyanobacterial classification systems. 【Method】 Fifty-three filamentous cyanobacteria were isolated from soil, rivers, and stone surfaces in Lüliang City of Shanxi Province, China. The morphology of the algae strains was observed using light microscope. Phylogenetic trees were constructed based on the 16S rRNA gene sequences using the Bayesian method, maximum likelihood method and neighbor-joining method. The secondary structure of the algae strains was predicted based on the spacer of the 16S−23S rRNA genes. 【Result】 Using morphological and molecular systematics methods, six algae strains were identified as Microcoleaceae, including *Microcoleus vaginatus*, *Microcoleus antarcticus*, *Planktothrix agardhii*, *Microcoleus pseudautumnalis*, *Planktothrix rubescens*, and *Planktothrix suspensa*. 【Conclusion】 *Microcoleus antarcticus* is a newly recorded species of cyanobacteria in China. This discovery enriches cyanobacteria diversity in

[收稿日期] 2025-01-03 [修回日期] 2025-02-18
[基金项目] 国家自然科学基金项目(32000167);山西省应用基础研究计划面上项目(20210302124302);2023 年山西省高等学校教学改革创新项目(J20231101)
[作者简介] 张婷(1999−),女,山西忻州人,在读硕士,主要从事藻类分类研究。E-mail:2116678740@qq.com
[通信作者] 王捷(1984−),男,山西忻州人,副教授,博士,主要从事藻类分类及资源化利用研究。E-mail:nostoc@126.com

China，providing a basis for accurate identification of cyanobacteria，as well as laying a foundation for further revision and evaluation of Microcoleaceae.

Key words：filamentous cyanobacteria；Microcoleaceae；newly recorded species；morphology；phylogeny

蓝藻是具有叶绿素 a 和藻胆蛋白且能进行光合作用的原核生物，分布广泛，适应能力极强。微鞘藻科中的物种可以与苔藓、微生物、绿藻以及土壤等形成生物结皮，在土壤形成中起重要作用，是不可或缺的生物资源[1]。但该科中许多物种尚未发现特征性的分子序列，可用于系统发育分析的类群数量有限，包含许多未鉴定的物种[2]。因此，需要对蓝藻类群进行详细研究以及准确鉴定。由于物种的形态多样性，长期以来描述并区分其的唯一可用方法是细胞的大小和形态[3]。随着分子生物学以及遗传学不断发展，分子手段也逐渐被用于蓝藻的分类鉴定中[4]。目前，运用形态学、生态学和分子数据等多相方法对蓝藻进行准确鉴定是使用最广泛的方法。

微鞘藻科（Microcoleaceae）是由 STRUNECKÝ 等[5]建立，仅包括 20 个属，其中节旋藻属（*Arthrospira*）[6]、微鞘藻属（*Microcoleus*）[7]和浮丝藻属（*Planktothrix*）[8]已经被记录为单系属，*Kamptonema* 属[9]是从多系的席藻属（*Phormidium*）中划分出来的，KOMÁREK 等[10]和 ANAGNOSTIDIS 等[11]将该属归入微鞘藻科。此外，该科中许多物种缺乏分子序列，例如 *Lyngbyopsis*、紫管藻属（*Porphyrosiphon*）等，可用于系统发育分析的类群数量有限，因此包含许多鉴定不明确的物种，给蓝藻的分类修订工作造成极大的影响。近年来，微鞘藻科中不断有新属新种被发现，STRUNECKÝ 等[12]在此基础上进一步对该科进行重修和整合，目前该科包括 38 属 530 种。

微鞘藻属由 GOMONT[13]在 1892 年建立，模式种为具鞘微鞘藻（*M. vaginatus*），该属顶端细胞为圆锥形，通过藻殖段进行繁殖，已经报道的物种分布在潮湿土壤、墙壁以及海岸或水体等生境中。GARDNER[14]将微鞘藻属归入裂须藻科（Schizotrichaceae），胡鸿钧等[15]在《中国淡水藻类：系统分类及生态》中将微鞘藻属划分到席藻科的微鞘藻亚科（Microcoleoideae）中。目前微鞘藻属位于蓝藻纲（Cyanophyceae）颤藻亚纲（Oscillatoriophycidae）颤藻目（Oscillatoriales）微鞘藻科中[12]，根据美国 AlgaeBase 数据库统计，该属共有 54 种 16 变种[12]。浮丝藻属由 ANAGNOSTIDIS 等[11]建立，模式种为阿氏浮丝藻（*P. agardhii*），该属末端细胞钝圆或尖细，具有加厚的细胞壁和帽状体结构，通过藻丝断裂形成藻殖段进行繁殖。几乎所有物种都是水生的，主要分布在池塘、泉水以及水沟中[15]，该属中的螺旋浮丝藻（*P. spiroides*）和阿氏浮丝藻（*P. agardhii*）是常见的水华蓝藻种类[7]。胡鸿钧等[15]将浮丝藻属归到席藻亚科，之后 STRUNECKÝ 等[12]将浮丝藻属转移到微鞘藻科中，目前浮丝藻属隶属于蓝藻纲颤藻亚纲颤藻目微鞘藻科，数据库中的有效物种共 16 种[12]。近年来，中国对微鞘藻科的分类及系统发育分析研究较少，对微鞘藻的研究主要集中在具鞘微鞘藻胞外多糖的提取及糖原分配模式[16-17]、对胁迫的响应[18]以及对废水中金属离子的去除[19]等方面，对浮丝藻的研究主要集中在水华成因分析、生理特征[20]、基因多样性[21]以及产嗅特征[22]等方面。因此，需要对微鞘藻科中的物种进行分类学研究，探索中国丝状蓝藻的物种多样性。本课题组于 2023 年 5 月在中国山西省吕梁市采集到 53 株丝状蓝藻样本，使用形态特征、系统发育学和生态学相结合的多相方法，将其鉴定为微鞘藻属和浮丝藻属物种，其中南极微鞘藻（*M. antarcticus*（SXACC0054））为中国新记录种。此新记录种的报道增加了中国蓝藻物种多样性，为后续探索与利用中国藻种资源奠定了科学基础。

1　材料与方法

1.1　样品采集

藻株于 2023 年 5 月在山西省吕梁市使用 25 号浮游生物网、小刀和镊子进行采集，将采集的藻样装入收集瓶中分成两份，一份用 40 g/L 甲醛固定保存，另一份用于藻株分离纯化与培养，同时记录采集地的生境信息，如表 1 所示。

1.2　藻株分离纯化与培养

将采集到的样品利用经典的毛细管法[23]分离纯化藻株，首先在倒置显微镜下挑取单根藻丝，用 ddH_2O 清洗多次，最后放入含有 BG-11 培养基的 24 孔细胞培养板中培养，培养一段时间后，使用光学显微镜检查是否被污染。若为单克隆藻种，可转入 250 mL 三角瓶中扩大培养，放置在恒温光照培养箱中，在光照强度 2 000 lx、温度 26 ℃、光 12 h/暗 12 h 条件下培养。纯化后的藻种保存于太原师范学院生物科学与技术学院淡水藻种库中。

表 1 山西省吕梁市藻株采样点信息

Table 1 Sampling information in Lüliang City, Shanxi Province

样品编号 Sample number	采集地 Collection site	经纬度 Latitude and longitude	海拔/m Elevation	气温/℃ Temperature	pH	生境 Habitat
SK-1	岚县社科乡 Sheke Town, Lan County	38°11′01″ N 111°43′53″ E	1 139.8	24	8.25	潮湿土壤 Moist soil
HCH-1	兴县护城河 Moat, Xing County	38°36′01″ N 110°53′31″ E	757.7	25	8.56	河流 River
QK-1	临县碛口镇 Qikou Town, Lin County	37°38′42″ N 110°47′01″ E	642.6	23	8.59	水沟 Gutterway
XC-1	柳林县薛村镇公路旁 Roadside in Xuecun Town, Liulin County	37°24′48″ N 110°47′43″ E	780.1	24	8.32	潮湿土壤 Moist soil
PG-1	石楼县裴沟乡 Peigou Town, Shilou County	37°11′17″ N 110°45′05″ E	730.7	26	8.81	河流 River
XJY-1	交城县夏家营镇华鑫生态湿地公园 Huaxin Ecological Wetland Park in Xiajiaying Town, Jiaocheng County	37°33′04″ N 112°12′18″ E	738.9	32	8.86	潮湿土壤 Moist soil

1.3 形态特征

将纯化后的藻种制成玻片，使用 Nikon Eclipse NI 型光学显微镜[24]观察藻丝的形态特征，使用外接电脑的 NIS-Elements D5.20 软件拍摄藻种的显微图片，同时测量细胞尺寸，记录顶端细胞形状、有无鞘以及藻殖段等形态学特征，每个样本至少包含 30 个藻丝体。拍摄的照片用软件 Adobe Illustrator CS5 和 Adobe Photoshop CC 2019 SP 20.0.0 进行处理。

1.4 DNA 提取、PCR 扩增及测序

使用改良后的 CTAB 法[25]提取藻株的基因组 DNA，将获得的 DNA 放入－20 ℃冰箱中保存备用。选取 16S rRNA 基因位点和 16S－23S rRNA ITS 序列进行系统发育分析，使用引物 PA(5′-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3′)和 B23S(5′-CTTCGCCTCTGTGTGCCTAGGT-3′)进行 16S rRNA 基因扩增，用于扩增 16S－23S ITS 区域的引物为 322(5′-CTCTGTGTGCCTAGGTATCC-3′)和 340(5′-GGGGAATTTTCCGCAATGGG-3′)[12]。PCR 反应体系包括基因组 DNA 2 μL、正反向引物(10 μmol/L)各 3 μL、*Taq* DNA 聚合酶(5 U/μL)0.5 μL、dNTP 混合液(2.5 mmol/L)4 μL、10×Easy *Taq* Buffer 5 μL 和 ddH_2O 32.5 μL。PCR 在热循环仪上进行，反应程序：95 ℃预变性 3 min；94 ℃变性 30 s，55 ℃退火 30 s，72 ℃延伸 50 s，共 35 个循环；最后 72 ℃延伸 5 min。用琼脂糖凝胶(1%)电泳检测 PCR 产物，将纯化后的 PCR 产物进行双向测序，测序工作由北京华大基因公司完成。

1.5 基于 16S rRNA 基因序列构建系统发育树

将测序获得的 16S rRNA 序列与 NCBI 数据库中的序列进行比对，下载相似度较高和有代表性的序列组成数据库。使用软件 Bio Edit 7.0[26]中的 Clustal W 对序列进行多重比对，然后编辑序列，切除未对齐的两端序列。以 *Gloeobacter violaceus* PCC7421 为外类群，将对齐的序列运用软件 MEGA11[27]基于邻接法(NJ)构建系统发育树，使用软件 RAxML Version 8[28]基于最大似然法(ML)构建系统发育树，最适模型由 MEGA11 中 Find Best DNA/Protein Models 程序对相关序列进行测试获得，在 Model Finder 的 Akaike 信息准则(AIC)下[29]，最佳拟合模型为 GTR+G，通过使用 1 000 次重复的引导分析估计系统发育树的稳健性。利用 Mrbayes3.1.2[30]进行贝叶斯(BI)分析，运行 1 000 000 代，每 100 代取样，去除前 25%样本树，剩余样本构建系统树，使用软件 Fig Tree version 1.4.2[31]对贝叶斯树进行编辑处理。构建好的系统发育树用软件 Adobe Illustrator CS5 进行美化处理。

1.6 16S－23S rRNA ITS 二级结构预测及分析

使用软件 RNA structure Version 6.4[32]预测藻株的 D1-D1′、Box-B 以及 V3 螺旋结构，以便进一步确定藻株种类。所有藻株的结构图都在 Adobe Illustrator CS5 中进行修改。

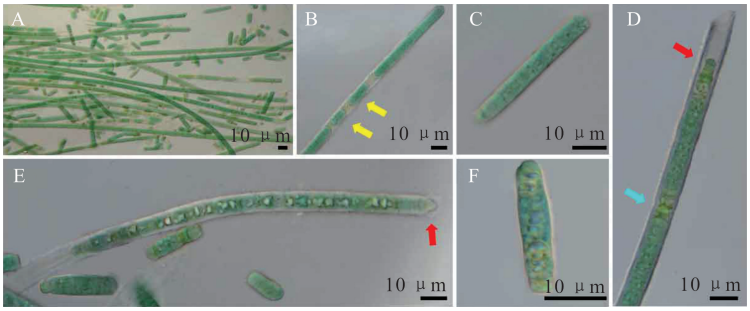
2 结果与分析

2.1 分离藻株的形态表征

2.1.1 南极微鞘藻 南极微鞘藻(*M. antarcticus*)呈现蓝绿色或橄榄绿色，藻丝单生或缠绕在一起，呈典型的簇状(图 1-A)。丝状体直或稍微弯曲，直径 5.3～8.7 μm，由无色鞘包围的细胞组成(图 1-B、C)。鞘坚固且薄，末端偶尔开放(图 1-D)。丝状体由细长的细胞组成，细胞为颗粒状，颗粒集中在细胞中间，细胞宽 6.5～7.3 μm，长 1.5～4.5 μm，横壁略微收缩(图 1-E、F)。顶端细胞钝圆形或钝圆锥

形，偶尔出现帽状结构（图 1-D、E），不存在假分枝，存在坏死细胞（图 1-D），通过丝状体断裂形成藻殖段进行繁殖（图 1-B）。

生境：河流。



A. 藻丝体；B. 藻殖段；C. 单根藻丝；D. 坏死细胞；E、F. 颗粒状细胞。蓝色箭头表示存在坏死细胞，红色箭头表示出现帽状结构，黄色箭头表示藻殖段。

A. Filaments；B. Propagation through hormogonia；C. Single algal filament；D. Presence of necrotic cells；E，F. Granular cells. Blue arrows indicate the presence of necrotic cells，red arrows indicate the appearance of cap-like structures，and yellow arrows indicate hormogonia.

图 1　光学显微镜下南极微鞘藻的形态特征

Fig. 1　Morphological characteristics of *Microcoleus antarcticus* under light microscope

2.1.2　具鞘微鞘藻　具鞘微鞘藻（*M. vaginatus*），藻丝蓝绿色，多数藻丝单生，偶尔缠绕在一起（图 2-A、B）。丝状体直立或稍微弯曲，不分枝，直径 6～8 μm，末端尖细（图 2-C）。鞘薄且无色，横壁不收缩或稍微收缩。顶端细胞圆锥形，具有帽状结构（图 2-C），藻丝由细长的细胞构成，细胞为圆柱形，有时增厚，长短于宽，细胞长 5～10 μm，宽 6.3～8.7 μm，无藻殖段和坏死细胞。

生境：潮湿土壤。

分布区域：山西省吕梁市岚县社科乡。

试验藻株：SK-1。

藻种编号：SXACC0053。

2.1.3　阿氏浮丝藻　阿氏浮丝藻（*P. agardhii*）丝状体直或螺旋形弯曲，直径 4.6～6.2 μm，由薄的鞘包围的细胞组成（图 2-D、E、F）。藻株呈现橄榄绿色，有时蓝绿色，藻丝缠绕在一起，呈典型的垫状（图 2-D）。鞘坚固且无色，末端偶尔开放。丝状体由细长的细胞组成，细胞中含有紫色或黄绿色物质（图 2-E），细胞宽 4.5～6.5 μm，长 1.5～3.5 μm，横壁略微收缩。顶端细胞钝圆形，藻丝顶部弯曲（图 2-F），不存在假分枝，无坏死细胞，通过丝状体断裂形成藻殖段进行繁殖（图 2-F）。

生境：水沟。

分布区域：山西省吕梁市临县碛口镇。

试验藻株：QK-1。

藻种编号：SXACC0055。

2.1.4　伪秋微鞘藻　伪秋微鞘藻（*M. pseudautumnalis*）藻株灰绿色或黄绿色，藻丝单生，直或稍微弯曲（图 2-G、H、I），直径 5.1～8.2 μm，由无色的鞘包围的细胞组成。鞘薄、坚固且透明，末端偶尔开放（图 2-H）。丝状体由细长的细胞组成，细胞宽长比为 1.4～3.5，有颗粒状物质，细胞宽 6.5～7.3 μm，长 2.1～4.5 μm，横壁不收缩或略微收缩。顶端细胞钝圆锥形，有时尖细，藻丝顶部弯曲（图 2-H），不存在假分枝，无坏死细胞，通过丝状体断裂形成藻殖段进行繁殖（图 2-I），该藻丝体有极其强烈的霉味。

生境：潮湿土壤。

分布区域：山西省吕梁市柳林县薛村镇公路旁。

试验藻株：XC-1。

藻种编号：SXACC0056。

2.1.5　*P. rubescens*　*P. rubescens* 藻株亮绿或橄榄绿色，藻丝大多数单生，直或稍微弯曲，直径 4.2～5.1 μm，由坚固的鞘包围的细胞组成。鞘薄且无色，横壁不收缩或略微收缩（图 2-J），细胞宽 4.3～5.2 μm，长 2.6～4.3 μm。顶端细胞圆锥形或圆柱形，无假分枝，存在坏死细胞（图 2-J）。丝状体由细长的细胞组成，细胞长短于宽，偶尔有颗粒状物质（图 2-K、L）。

生境：河流。

分布区域：山西省吕梁市石楼县裴沟乡。

试验藻株:PG-1。

藻种编号:SXACC0057。

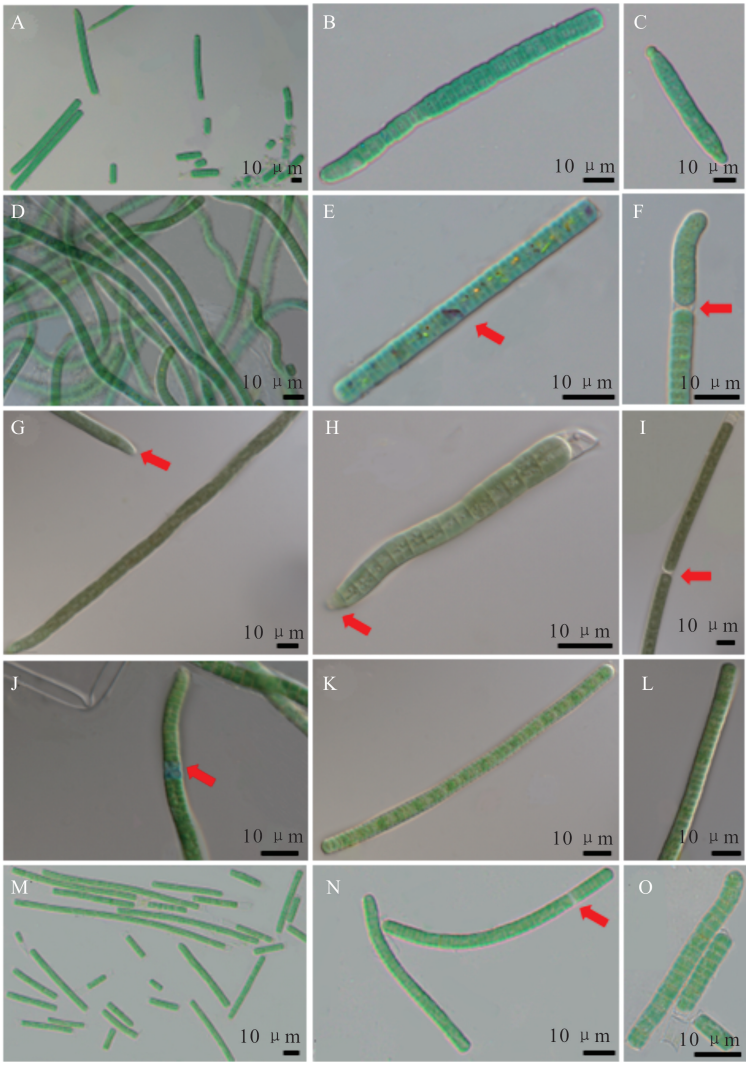
2.1.6 *P. suspensa* *P. suspensa* 藻株亮蓝绿色,呈束状,藻丝大多数单生,直或稍微弯曲(图 2-M),直径 3.3～5.1 μm,由坚固的鞘包围的细胞组成。鞘薄且无色,末端开放,横壁不收缩或略微收缩(图 2-M、N、O)。丝状体由细长的细胞组成,细胞长短于宽,细胞宽 4.6～5.2 μm,长 2.6～4.7 μm。顶端细胞圆锥形或圆柱形,无假分枝,通过藻殖段繁殖(图 2-N)。

生境:潮湿土壤。

分布区域:山西省吕梁市交城县夏家营镇华鑫生态湿地公园。

试验藻株:XJY-1。

藻种编号:SXACC0058。



A－C. 具鞘微鞘藻;D－F. 阿氏浮丝藻;G－I. 伪秋微鞘藻;J－L. *P. rubescens*;M－O. *P. suspensa*。红色箭头表示藻殖段。

A－C. *M. vaginatus*; D－F. *P. agardhii*; G－I. *M. pseudautumnalis*; J－L. *P. rubescens*; M－O. *P. suspensa*. Red arrows indicate hormogonia.

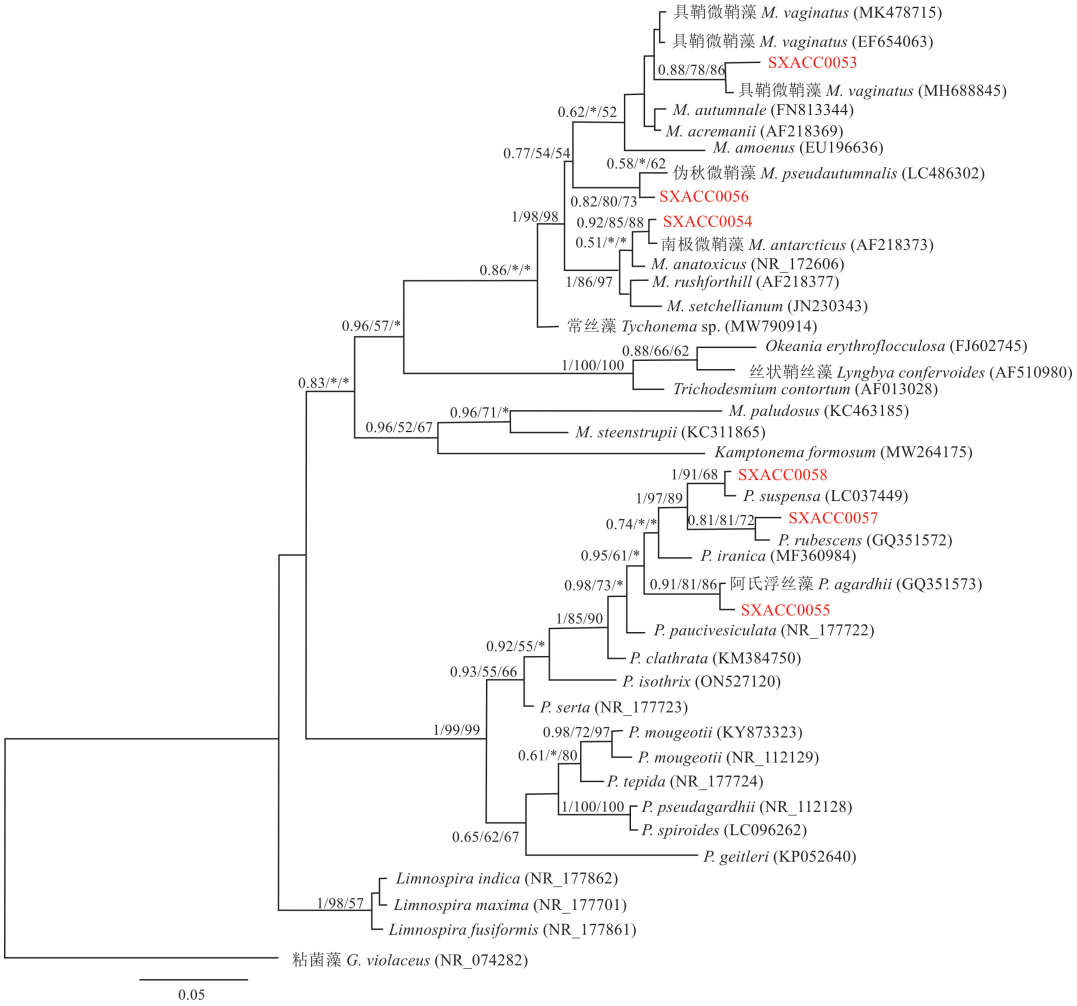
图 2 光学显微镜下丝状蓝藻的形态特征

Fig. 2 Morphological characteristics of filamentous cyanobacteria under light microscope

2.2 分离藻株的系统发育分析

测序得到 6 株蓝藻的 16S rRNA 基因序列,其中 SXACC0053、SXACC0054 和 SXACC0056 这 3 株蓝藻与微鞘藻属 16S rRNA 序列的相似度为 98.0%～99.3%,藻株 SXACC0055、SXACC0057 和 SXACC0058 与浮丝藻属 16S rRNA 基因序列的相似度为 98.5%～99.5%。选择与其相似度较高的序列,以 *G. violaceus* PCC7421 为外类群,采用 BI、

ML 和 NJ 法构建包括 42 条序列的系统发育树。结果显示，3 种方法构建的系统发育树具有较为一致的分支位点拓扑结构，图 3 展示了采用 BI 分析构建的系统发育树，但在图中分支节点处标出了 BI/ML/NJ 的后验概率（BI）和步展支持值（ML 和 NJ）。



节点处数字表示在 BI/ML/NJ 中的后验概率（BI）和步展支持值（ML 和 NJ），* 代表小于 50 的步展支持值。红色字体代表本文研究的藻株。

Numbers at nodes denote the posterior probabilities (BI) and bootstrap support values (ML and NJ), * indicates bootstrap support values below 50. Algal strains investigated in this study are highlighted in red font.

图 3　基于 16S rRNA 基因序列的 BI 系统发育树

Fig. 3　BI phylogenetic tree based on the 16S rRNA gene sequences

由图 3 可知，藻株 SXACC0053、SXACC0054 和 SXACC0056 分布在微鞘藻属的进化枝中，其中 SXACC0053 与具鞘微鞘藻（*M. vaginatus*）聚为一支，后验概率和步展支持值为 0.88/78/86；SXACC0054 与南极微鞘藻（*M. antarcticus*）聚为一支，具有较高的后验概率和步展支持值（0.92/85/88）；SXACC0056 与伪秋微鞘藻（*M. pseudautumnalis*）聚为一支，后验概率和步展支持值为 0.82/80/73，与微鞘藻属中的其他物种分离。藻株 SXACC0055、SXACC0057 和 SXACC0058 分布在浮丝藻属的进化枝中，SXACC0055 与阿氏浮丝藻（*P. agardhii*）聚为一支，SXACC0057 与 *P. rubescens* 聚为一支，SXACC0058 与 *P. suspensa* 聚为一支，都具有较高的后验概率和步展支持值，分别为 0.91/81/86、0.81/81/72 和 1/91/68，与浮丝藻属中的其他物种分离。结果表明，藻株 SXACC0053、SXACC0054 和 SXACC0056 属于微鞘藻，SXACC0055、SXACC0057 和 SXACC0058 属于浮丝藻。

2.3　16S－23S rRNA ITS 二级结构分析

选择 D1-D1′螺旋、Box-B 螺旋和 V3 螺旋这 3 个保守区域进行研究。藻株 SXACC0053 与具鞘微鞘藻的 D1-D1′螺旋结构相同（图 4-A、P），共有 3 个茎环结构，基部茎由 1 个含 5 bp 碱基的螺旋构成，基部 3′侧环由 7 个未配对的核苷酸组成（5′-

UCAUCCC-3′),在位置 13－15/38－39 处具有内环,末端环由 14 bp 碱基(5′-GAACCUAAACAAUA-3′)构成。藻株 SXACC0054 与南极微鞘藻的 D1-D1′螺旋结构相同(图 4-B、I),共有 3 个茎环结构,基部茎由 1 个含 5 bp 碱基的螺旋构成,基部 3′侧环由 7 个未配对的核苷酸组成(5′-UCAUCCC-3′),在位置 10－12/43－45 处具有 3∶3 的双侧凸起,末端环由 16 bp 碱基(5′-GAACCUAAACAAUAAA-3′)构成。藻株 SXACC0055 与阿氏浮丝藻的 D1-D1′螺旋结构相同(图 4-C、Q),共有 3 个茎环结构,基部茎由 1 个含 5 bp 碱基的螺旋构成,基部 3′侧环由 6 个未配对的核苷酸组成(5′-CAUCCC-3′),内部有单侧凸起,末端环由 17 bp 碱基(5′-CAAAUCCAA-CAAAAAUA-3′)构成。藻株 SXACC0056 与伪秋微鞘藻的 D1-D1′螺旋结构相同(图 4-D、M),共有 3 个茎环结构,基部茎由 1 个含 5 bp 碱基的螺旋构成,基部 3′侧环由 7 个未配对的核苷酸组成(5′-UCAUCCC-3′),内部有单侧凸起,末端环由 14 bp 碱基(5′-GAACCUAAACAAUA-3′)构成。藻株 SXACC0057 与 *P. rubescens* 的 D1-D1′螺旋结构相同(图 4-E、S),共有 3 个茎环结构,基部茎由 1 个含 5 bp 碱基的螺旋构成,基部 3′侧环由 6 个未配对的核苷酸组成(5′-CAUCCC-3′),在位置 17－22/35－37 处具有内环,末端环由 8 bp 碱基(5′-ACCCU-CAC-3′)构成。藻株 SXACC0058 与 *P. suspensa* 的 D1-D1′螺旋结构相同(图 4-F、T),共有 3 个茎环结构,基部茎由 1 个含 5 bp 碱基的螺旋构成,基部 3′侧环由 6 个未配对的核苷酸组成(5′-GUAGGG-3′),内部有单侧凸起,末端环由 14 bp 碱基(5′-CAAAUCCAACAAAA-3′)构成。

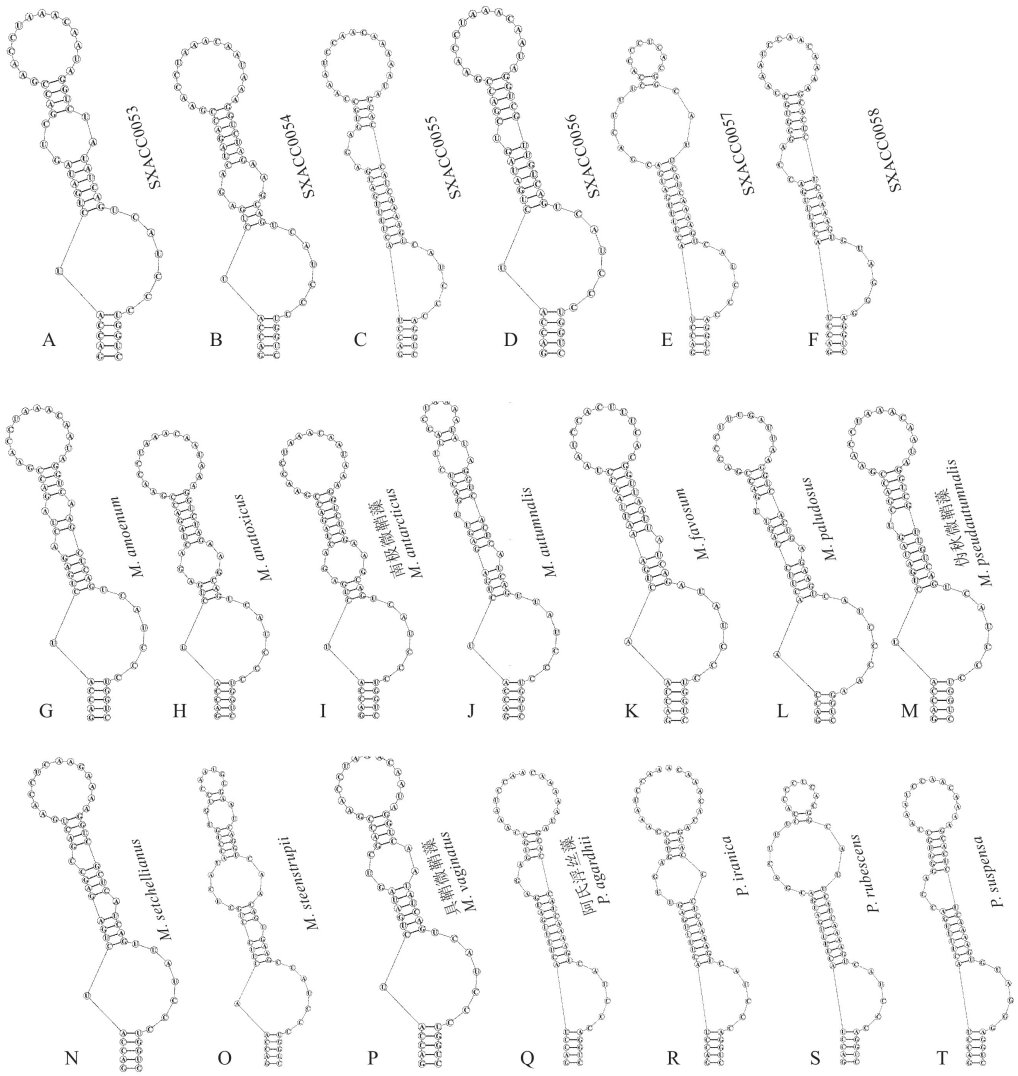


图 4 微鞘藻属和浮丝藻属藻株的 D1-D1′结构

Fig. 4 D1-D1′ structures of *Microcoleus* and *Planktothrix*

藻株 SXACC0053 与具鞘微鞘藻的 Box-B 结构相同(图 5-A、P),共有 5 个茎环结构,基部茎由 1 个含 5 bp 碱基的螺旋构成,末端环由 10 bp 碱基(5′-UCUUUUUAGC-3′)构成。藻株 SXACC0054 与南极微鞘藻的 Box-B 结构相同(图 5-B、I),共有 4 个茎环结构,基部茎由 1 个含 4 bp 碱基的螺旋构成,在位置 12/24 处有 1 个 1∶1 的双侧凸起(C∶A),末端环由 5 bp 碱基(5′-CGGGG-3′)构成。藻株 SXACC0055 与阿氏浮丝藻的 Box-B 结构相同(图 5-C、Q),共有 3 个茎环结构,基部茎由 1 个含 4 bp 碱基的螺旋构成,内部环包括 1 个 1∶2 的双侧凸起和 1 个 1∶1 的双侧凸起(A∶C),末端环由 11 bp 碱基(5′-CAAUCAAAAAA-3′)构成。藻株 SXACC0056 与伪秋微鞘藻的 Box-B 结构相同(图 5-D、M),共有 3 个茎环结构,基部茎由 1 个含 4 bp 碱基的螺旋构成,在位置 5－8/29－32 处有 1 个 4∶4 的双侧突起,之后是 1 个 1∶1 的双侧凸起(G∶A),末端环由 4 bp 碱基(5′-AGAG-3′)构成。藻株 SXACC0057 与 *P. rubescens* 的 Box-B 结构相同,共有 3 个茎环结构(图 5-E、S),基部茎由 1 个含 5 bp 碱基的螺旋构成,基部 3′侧环由 2 个未配对的核苷酸组成(5′-GA-3′),在位置 11/23 处有 1 个 1∶1 的双侧凸起(G∶G),末端环由 5 bp 碱基(5′-UGGGU-3′)构成。藻株 SXACC0058 与 *P. suspensa* 的 Box-B 结构相同(图 5-F、T),共有 3 个茎环结构,基部茎由 1 个含 5 bp 碱基的螺旋构成,基部 3′侧环由 2 个未配对的核苷酸组成(5′-GA-3′),在位置 11/23 处有 1 个 1∶1 的双侧凸起(G∶G),末端环由 5 bp 碱基(5′-UGACU-3′)构成。

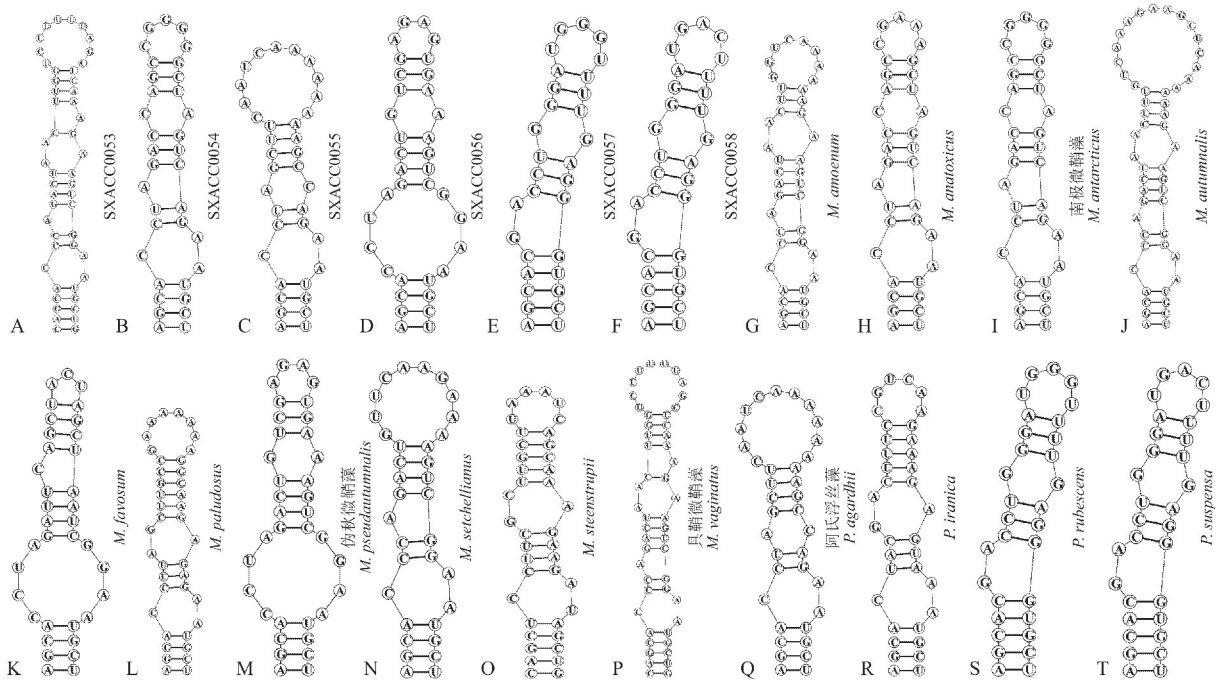


图 5　微鞘藻属和浮丝藻属藻株的 Box-B 结构

Fig. 5　Box-B structures of *Microcoleus* and *Planktothrix*

藻株 SXACC0053 与具鞘微鞘藻的 V3 螺旋结构相同(图 6-A、H),共有 2 个茎环结构,在位置 10/25 处有 1 个 1∶1 的双侧凸起(A∶A),末端环由 4 bp 碱基(5′-UUGC-3′)构成。藻株 SXACC0056 与伪秋微鞘藻的 V3 螺旋结构相同(图 6-B、F),基部茎由 1 个含 4 bp 碱基的螺旋构成,基部 3′侧环由 1 个未配对的碱基构成,在位置 8/25 处有 1 个 1∶1 的双侧凸起(C∶C),末端环由 4 bp 碱基(5′-GCAA-3′)构成,浮丝藻及其他微鞘藻物种没有 V3 螺旋结构。

3　讨　论

微鞘藻科作为颤藻目中最大的科之一,在分类修订方面存在许多问题,主要是微鞘藻科与其他相邻科分类不明确,属、种水平的分类混乱[12]。海洋底栖蓝藻新科 Vermifilaceae[33] 和 Sirenicapillariaceae[34] 与目前研究中定义的微鞘藻科混杂在一起,由于缺乏这些科的全基因组序列数据,STRUNECKÝ 等[12] 暂且将 Vermifilaceae 和 Sirenicapillariaceae 归入微鞘藻科。

在阿尔卑斯山以南的大型湖泊中发现的常丝藻属(*Tychonema*)物种具有特定的形态特征,其丝状体更纤细,这很可能是生境不同所造成的差异[35]。水鞘藻属(*Hydrocoleum*)和束毛藻属(*Trichodesmium*)的海洋物种非常相似,可能是同一个属[12],并且海洋中的束毛藻物种被归入 2 个支系,可能代表 2 个属[5],伪席藻属(*Pseudophormidium*)中的大多数物种都属于微鞘藻科,但已测序的几个代表物种需要归入假鱼腥藻科(Pseudanabaenaceae)或细鞘丝藻科(Leptolyngbyaceae),这些属种都需要重新分类和修订。束脉藻属(*Symplocastrum*)的模式种是陆生的且无序列,而现有的关于束脉藻属海洋物种的数据表明其是多系的[36],且该科中的一些属,如 *Lyngbyopsis*[14]、紫管藻属[13]、*Proterendothrix* 和 *Pseudoscytonema* 也缺乏分子数据[12],需进一步探究。

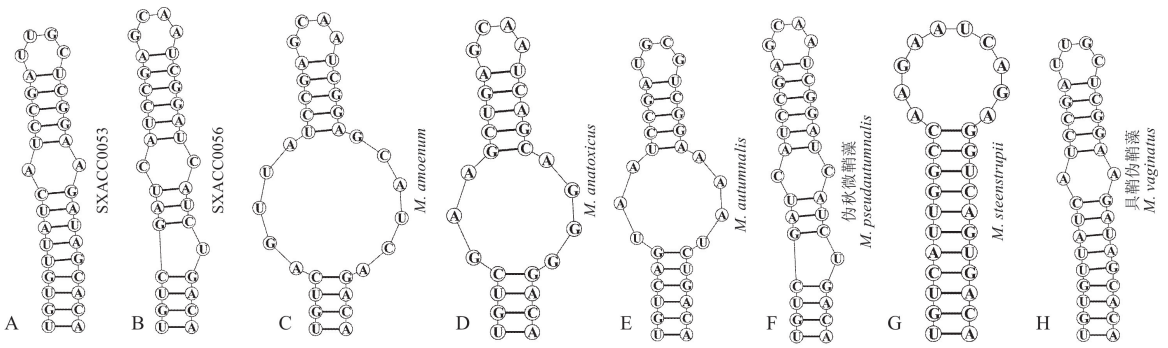


图 6 微鞘藻属藻株的 V3 结构

Fig. 6 V3 helix structures of *Microcoleus*

微鞘藻属内大部分物种分布在潮湿土壤、墙壁以及岩石上,有时也分布在静止水体中。大多数藻株来自欧洲、北极和南极,少数藻株来自北美、亚洲、非洲和南美[7,37]。具鞘微鞘藻常为生物结皮中的优势种,固沙能力强,对风力胁迫和紫外辐射也有较高的适应能力[1]。浮丝藻在中国的北京、新疆、山东、上海、浙江、福建、广东以及云南等广泛分布[20],其中螺旋浮丝藻和阿氏浮丝藻会产生大量微囊藻毒素,可与其他浮游蓝藻,如微囊藻(*Microcystis*)和长孢藻(*Dolichospermum*)共存,在浅水和富营养化湖泊中形成密集的水华,是常见的水华优势种[8]。微鞘藻和浮丝藻物种具有较高的研究利用价值和商业开发潜力,因此全面研究这些蓝藻,可预防水华形成,以维护生态系统的平衡。

使用基因 16S rRNA 构建系统发育树,发现从山西省吕梁市分离的丝状蓝藻 SXACC0053、SXACC0054 和 SXACC0056 分布在微鞘藻属进化支中,并且分别与具鞘微鞘藻、南极微鞘藻和伪秋微鞘藻聚为一支,都具有较高支持值。藻株 SXACC0055、SXACC0057 和 SXACC0058 分布在浮丝藻属进化支中,并且分别与阿氏浮丝藻、*P. rubescens* 和 *P. suspensa* 聚为一支,藻株与微鞘藻和浮丝藻属内物种序列的相似度都大于 98.5%,高于 KIM 等[38]建议的区分 2 个物种的阈值。藻株 SXACC0053、SXACC0054 和 SXACC0056 与 GARDNER[14]描述的微鞘藻属的形态特征相似,顶端细胞为圆锥形,通过藻殖段进行繁殖,存在坏死细胞,但藻株不存在假分支,这与胡鸿钧等[15]在 2006 年描述的微鞘藻不同,这可能是由于不同生态环境及培养条件下的藻株具有微小差异。藻株 SXACC0055、SXACC0057 和 SXACC0058 与 ANAGNOSTIDIS 等[11]描述的浮丝藻属的形态特征相似,末端细胞钝圆或尖细,具有加厚的细胞壁和帽状体结构,通过藻丝断裂形成藻殖段进行繁殖。运用藻株的 ITS 序列预测其二级结构,发现藻株 SXACC0053、SXACC0054、SXACC0055、SXACC0056、SXACC0057 和 SXACC0058 的 D1-D1′螺旋和 Box-B 螺旋这 2 个保守区域分别与具鞘微鞘藻、南极微鞘藻、伪秋微鞘藻、阿氏浮丝藻、*P. rubescens* 和 *P. suspensa* 一致,藻株 SXACC0053 和 SXACC0056 与具鞘微鞘藻和阿氏浮丝藻的 V3 螺旋结构相同,进一步证实了形态学的鉴定结果,因此这些蓝藻分别属于微鞘藻属和浮丝藻属。

南极微鞘藻在中国的首次报道增加了中国蓝藻的物种多样性。目前,有关微鞘藻的分类研究报道较少,主要集中分布在非洲以及加拿大、美国[37]等地区,对于浮丝藻的研究主要集中在水华诱导成因[19]以及产生藻毒素种类[2]等方面,所以需要采集更多微鞘藻科的藻株,运用多种分析方法相结合的多相方法进行分类鉴定,进一步为微鞘藻科的重新修订和评估提供理论依据。同时,对微鞘藻科分类

问题的研究，也有利于丝状蓝藻分类系统的重建和完善。

4　结　论

1）从山西省吕梁市 6 县的河流、土壤以及石头表面分离纯化得到 53 株丝状蓝藻，其中 6 株藻隶属于微鞘藻科微鞘藻属（SXACC0053、SXACC0054、SXACC0056）和浮丝藻属（SXACC0055、SXACC0057、SXACC0058）。

2）南极微鞘藻（*M. antarcticus*）是中国首次报道的蓝藻新记录种，该种的发现丰富了中国蓝藻物种的多样性。

[参考文献]

[1] 赵燕翘，连煜超，许文文，等. 中国人工蓝藻结皮研究进展[J]. 中国沙漠，2023，43(5)：214-222.
ZHAO Y Q，LIAN Y C，XU W W，et al. Research progress and prospect of artificial cyanobacteria crusts in China[J]. Journal of Desert Research，2023，43(5)：214-222.

[2] 史小丽，杨瑾晟，陈开宁，等. 湖泊蓝藻水华防控方法综述[J]. 湖泊科学，2022，34(2)：349-375.
SHI X L，YANG J S，CHEN K N，et al. Review on the control and mitigation strategies of lake cyanobacterial blooms[J]. Journal of Lake Sciences，2022，34(2)：349-375.

[3] 谢艳，张荣臻，张葵东，等. 中国水华蓝藻新记录属：泽鞘丝藻属（*Limnoraphis*）[J]. 河南师范大学学报（自然科学版），2023，51(4)：125-131.
XIE Y，ZHANG R Z，ZHANG K D，et al. *Limnoraphis* (Oscillatoriales：Cyanobacteria)，a bloom-forming genus newly recorded from China[J]. Journal of Henan Normal University (Natural Science Edition)，2023，51(4)：125-131.

[4] 李艳晖，张瑶，李砧. 淡水球状绿藻一新种：汾河麦可藻[J]. 西北植物学报，2023，43(5)：867-876.
LI Y H，ZHANG Y，LI Z. *Mychonastes fenhensis* sp. nov.：a novel species of freshwater coccoid green algae[J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica，2023，43(5)：867-876.

[5] STRUNECKÝ O，KOMÁREK J，JOHANSEN J，et al. Molecular and morphological criteria for revision of the genus *Microcoleus* (Oscillatoriales：Cyanobacteria)[J]. Journal of Phycology，2013，49(6)：1167-1180.

[6] ILIEVA Y，ZAHARIEVA M M，NAJDENSKI H，et al. Antimicrobial activity of *Arthrospira* (former *Spirulina*) and *Dunaliella* related to recognized antimicrobial bioactive compounds[J]. International Journal of Molecular Sciences，2024，25(10)：5548.

[7] VALADEZ-CANO C，REYES-PRIETO A，BEACH D G，et al. Genomic characterization of coexisting anatoxin-producing and non-toxigenic *Microcoleus* subspecies in benthic mats from the Wolastoq，New Brunswick，Canada[J]. Harmful Algae，2023，124：102405.

[8] BRIAND E，REUBRECHT S，MONDEGUER F，et al. Chemically mediated interactions between *Microcystis* and *Planktothrix*：impact on their growth，morphology and metabolic profiles[J]. Environmental Microbiology，2019，21(5)：1552-1566.

[9] STRUNECKÝ O，KOMÁREK J，ŠMARDA J. *Kamptonema* (Microcoleaceae：Cyanobacteria)，a new genus derived from the polyphyletic *Phormidium* on the basis of combined molecular and cytomorphological markers[J]. Preslia，2014，86(2)：193-207.

[10] KOMÁREK J，KAŠTOVSKÝ J，MAREŠ J，et al. Taxonomic classification of cyanoprokaryotes (cyanobacterial genera) 2014，using a polyphasic approach[J]. Preslia，2014，86(4)：295-335.

[11] ANAGNOSTIDIS K，KOMÁREK J. Modern approach to the classification system of cyanophytes 3-Oscillatoriales[J]. Archiv für Hydrobiologie Supplement，1988，80(1/4)：327-472.

[12] STRUNECKÝ O，IVANOVA A P，MAREŠ J. An updated classification of cyanobacterial orders and families based on phylogenomic and polyphasic analysis[J]. Journal of Phycology，2023，59(1)：12-51.

[13] GOMONT M. Monographie des Oscillariées (Nostocacées homocystées)[J]. Annales des Sciences Naturelles，Botanique，Série7，1892，15：263-368.

[14] GARDNER N I. Memoirs of the New York botanical garden[M]. New York：Botanical Garden Press，1927：1-144.

[15] 胡鸿钧，魏印心. 中国淡水藻类：系统、分类及生态[M]. 北京：科学出版社，2006：23-27.
HU H J，WEI Y X. The freshwater algae of China：systematics，taxonomy and ecology[M]. Beijing：Science Press，2006：23-27.

[16] 饶本强，张少丽，李慧娟，等. 具鞘微鞘藻多糖提取、结构分析及抗氧化活性研究[J]. 信阳师范学院学报（自然科学版），2019，32(4)：635-641.
RAO B Q，ZHANG S L，LI H J，et al. Studies on extraction，structure analysis and antioxidant property of polysaccharide from *Microcoleus vaginatus*[J]. Journal of Xinyang Normal University (Natural Science Edition)，2019，32(4)：635-641.

[17] 葛红梅，周雅茹，柳诗莺，等. 营养缺失对具鞘微鞘藻胞外多糖和糖原分配模式的影响[J]. 水生生物学报，2022，46(2)：203-209.
GE H M，ZHOU Y R，LIU S Y，et al. Effects of nutrient deficiency on the partition pattern of eps and glycogen in *Microcoleus vaginatus*[J]. Acta Hydrobiologica Sinica，2022，46(2)：203-209.

[18] LÜ Y，FENG Y L，LÜ C，et al. Lipid peroxidation and antioxidant responses of *Microcoleus vaginatus* with the aid of attapulgite-based nanocomposite to wind stress[J]. Environmental Technology，2024，45(1)：99-107.

[19] 李晓宇，杨桂芳，马书玲，等. 具鞘微鞘藻对电镀废水中金属离子的去除研究[J]. 信阳师范学院学报（自然科学版），2019，32(1)：58-61.

LI X Y, YANG G F, MA S L, et al. Removal of metal ions from electroplating wastewater by *Microcolus vaginatus*[J]. Journal of Xinyang Normal University (Natural Science Edition), 2019, 32(1): 58-61.

[20] MENG L H, KE F, ZHANG Q Y, et al. Functional analysis of the endopeptidase and holin from *Planktothrix agardhii* cyanophage PaV-LD [J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 849492.

[21] LEE J, CHOI J, FATKA M, et al. Improved detection of *mcyA* genes and their phylogenetic origins in harmful algal blooms [J]. Water Research, 2020, 176: 115730.

[22] 成建国,马力通,赵文渊,等.环境因素对淡水浮丝藻生长及产生嗅味的影响[J].水生态学杂志,2022,43(2):70-76.
CHENG J G, MA L T, ZHAO W Y, et al. Effects of environmental factors on the growth and 2-MIB production of *Planktothrix* sp. [J]. Journal of Hydroecology, 2022, 43(2): 70-76.

[23] RIPPKA R. Recognition and identification of cyanobacteria [J]. Methods in Enzymology, 1988, 167: 28-67.

[24] VAN R G, BAERT P, FERNANDES A C, et al. Technical note: Nikon-TRACK*Flow*, a new versatile microscope system for fission track analysis [J]. Geochronology, 2020, 2(1): 93-99.

[25] FIORE M F, MOON D H, TSAI S M, et al. Miniprep DNA isolation from unicellular and filamentous cyanobacteria [J]. Journal of Microbiological Methods, 2000, 39(2): 159-169.

[26] 彭焕文,王伟.基于分子数据的系统发生树构建[J].植物学报,2023,58(2):261-273.
PENG H W, WANG W. Phylogenetic tree reconstruction based on molecular data[J]. Chinese Bulletin of Botany, 2023, 58(2): 261-273.

[27] TAMURA K, STECHER G, KUMAR S. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11[J]. Molecular Biology and Evolution, 2021, 38(7): 3022-3027.

[28] HÖHLER D, PFEIFFER W, IOANNIDIS V, et al. RAxML Grove: an empirical phylogenetic tree database[J]. Bioinformatics, 2022, 38(6): 1741-1742.

[29] KALYAANAMOORTHY S, MINH B Q, WONG T K F, et al. ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic estimates[J]. Nature Methods, 2017, 14(6): 587-589.

[30] ROSA B B, MELO G A R, BARBEITOS M S. Homoplasy-based partitioning outperforms alternatives in Bayesian analysis of discrete morphological data [J]. Systematic Biology, 2019, 68(4): 657-671.

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

[32] ALI S E, MITTAL A, MATHEWS D H. RNA secondary structure analysis using RNAstructure [J]. Current Protocols, 2023, 3(7): e846.

[33] BERTHOLD D E, LEFLER F W, LAUGHINGHOUSE H D. Untangling filamentous marine cyanobacterial diversity from the coast of south Florida with the description of Vermifilaceae fam. nov. and three new genera: *Leptochromothrix* gen. nov., *Ophiophycus* gen. nov., and *Vermifilum* gen. nov[J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2021, 160: 107010.

[34] BERTHOLD D E, LEFLER F W, LAUGHINGHOUSE H D. Recognizing novel cyanobacterial diversity in marine benthic mats, with the description of Sirenicapillariaceae fam. nov., two new genera, *Sirenicapillaria* gen. nov. and *Tigrinifilum* gen. nov., and seven new species [J]. Phycologia, 2022, 61(2): 146-165.

[35] BAUER F, STIX M, BARTHA-DIMA B, et al. Spatio-temporal monitoring of benthic anatoxin-a-producing *Tychonema* sp. in the river lech, Germany[J]. Toxins, 2022, 14(5): 357.

[36] THACKER R W, PAUL V J. Morphological, chemical, and genetic diversity of tropical marine cyanobacteria *Lyngbya* spp. and *Symploca* spp. (Oscillatoriales)[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2004, 70(6): 3305-3312.

[37] LYDON C A, MATHIVATHANAN L, SANCHEZ J, et al. Eudesmacarbonate, a eudesmane-type sesquiterpene from a marine filamentous cyanobacterial mat (Oscillatoriales) in the Florida keys[J]. Journal of Natural Products, 2020, 83(6): 2030-2035.

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

(责任编辑:马秋明 侯薇)