Использование молекулярных маркеров для идентификации и выяснения происхождения уникальных популяций гольцов рода *Salvelinus*

Олейник А.Г., Кухлевский А.Д., Скурихина Л.А.

Национальный научный центр морской биологии им. А.В. Жирмунского Дальневосточного отделения РАН

Митогеномика или изучение полных последовательностей митохондриальных геномов (митогеномов) была предложена в качестве полезного инструмента для филогенетического анализа почти всех видов организмов, включая рыб (Miya, Nishida, 2015). Митогеномы оказались более информативны, чем отдельные гены митохондриальной (мтДНК), их фрагменты или некодирующие участки. Учитывая экономическую важность рыбных ресурсов, для рыб была развернута общедоступная специализированная международная программа *MitoFish (http://mitofish.aori.u-tokyo.ac.jp)*. По данным на март 2022 года база *MitoFish* включает 3118 митогеномов, представляющих отдельные виды. Очевидно, что применительно к рыбам произошел революционный перелом в секвенировании и сравнительном анализе митогеномов.

Мы представляем недавнее исследование полных митохондриальных геномов гольцов рода *Salvelinus*, посвященное биоразнообразию в Северо-Восточной Азии

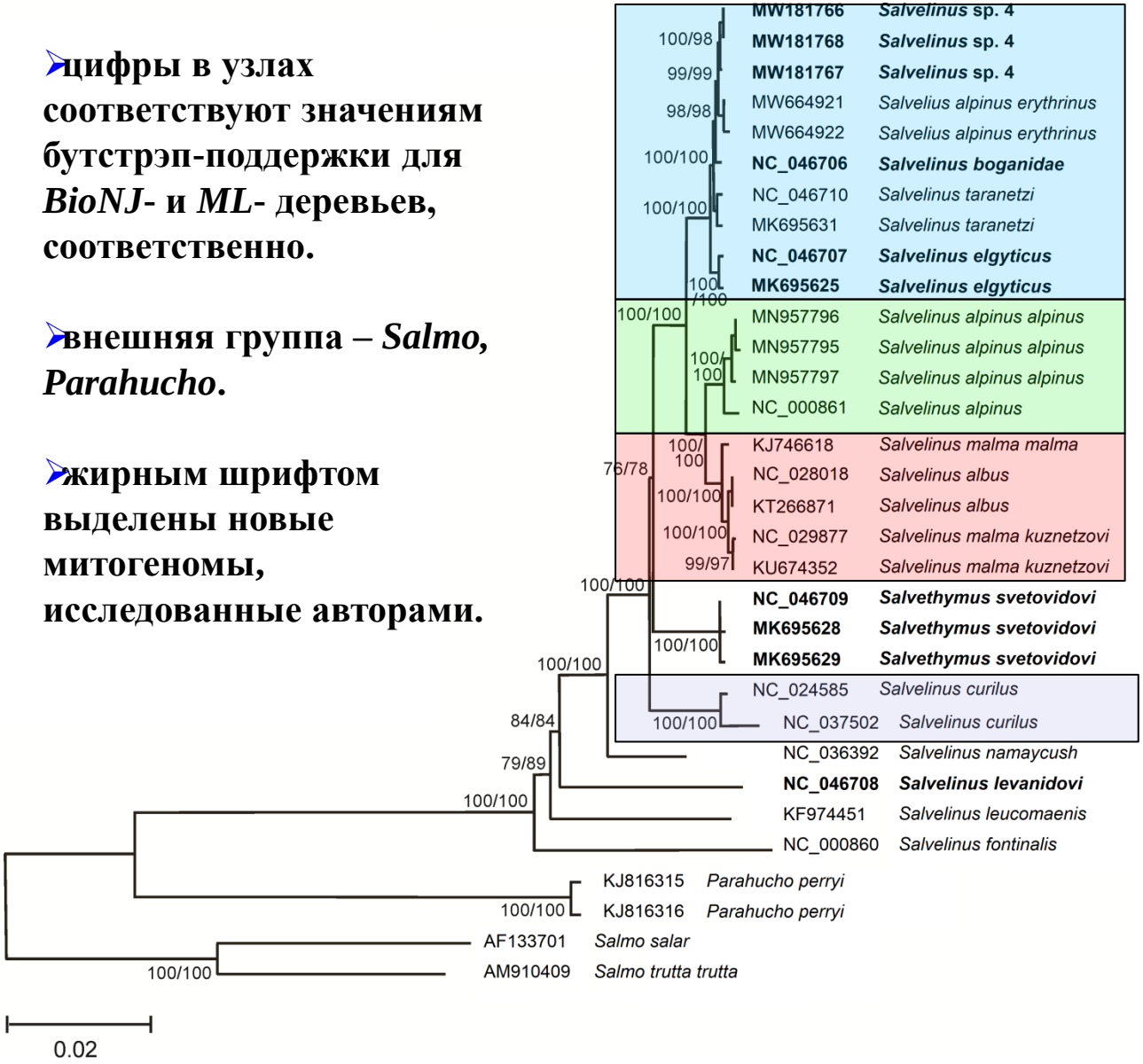
Род *Salvelinus* - один из самых богатых видами родов лососевых (Salmoniformes: Salmonidae). На всем ареале гольцы являются идеальными модельными объектами для экологических и эволюционных исследований. Одновременно гольцы проявляют биологические признаки, затрудняющие реконструкцию филогении рода: высокая морфологическая и экологическая изменчивость, быстрая радиация, интрогрессивная гибридизация, локальные адаптации. Это приводит к неточному определению видовой принадлежности отдельных популяций и, как следствие, ошибочным филогенетическим выводам.

Филогенетические исследования узкоареальных, эндемичных и спорных таксонов гольцов, оригинальные описания большинства из которых основаны исключительно на морфологических признаках, значительно выигрывают от секвенирования полных митохондриальных геномов. Среди таких таксонов мы выделили следующих эндемичных гольцов, сведения о которых отсутствовали в международных базах данных NCBI/GenBank :

- **из озера Начикинского (Камчатка) *Salvelinus* sp. 4 (согласно: Богуцкая, Насека, 2004)**
- **из озера Эльгыгытгын (Чукотка) малоротую палию *Salvelinus elgyticus*, боганидскую палию *Salvelinus boganidae*, длинноперую палию Световидова *Salvethymus svetovidovi***
- **гольца Леванидова *Salvelinus levanidovi***

Филогенетические отношения гольцов рода *Salvelinus* (включая *Salvethymus*) на основе митогеномов

- **цифры в узлах соответствуют значениям бутстрэп-поддержки для *BioNJ*- и *ML*- деревьев, соответственно.**
- **внешняя группа – *Salmo, Parahucho*.**
- **жирным шрифтом выделены новые митогеномы, исследованные авторами.**



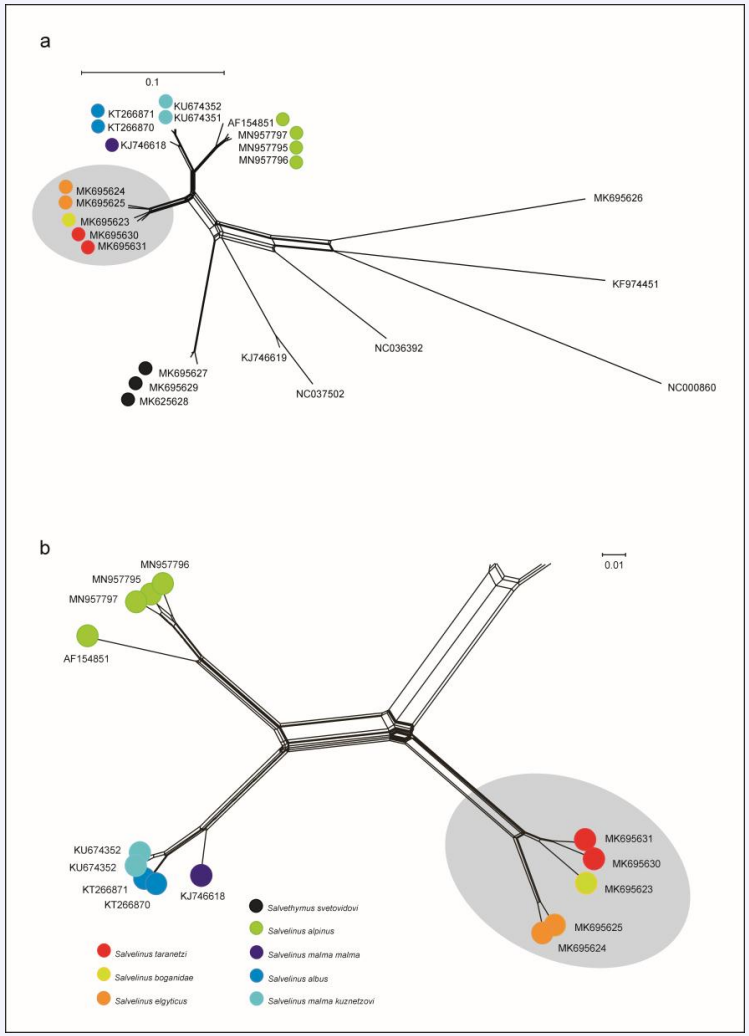
Арктическая линия
S. taranetzi

Акадийская и Атлантическая линии
S. alpinus

Берингийская линия
S. malma malma

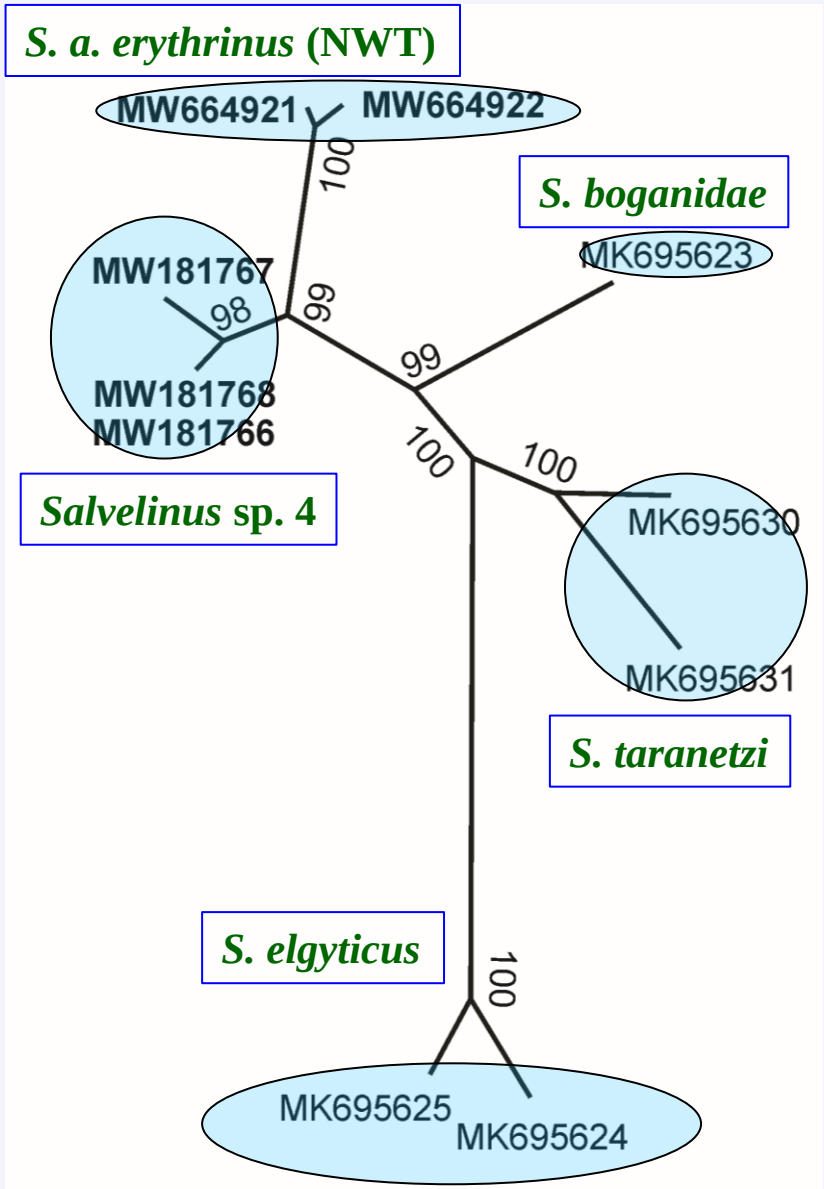
Западно-тихоокеанская линия S. curilus

Филогенетическое положение малоротой палии *Salvelinus elgyticus*, боганидской палии *Salvelinus boganidae*, длинноперой палии Световидова *Salvethymus svetovidovi* из озера Эльгыгытгын (Чукотка) на основе митогеномов



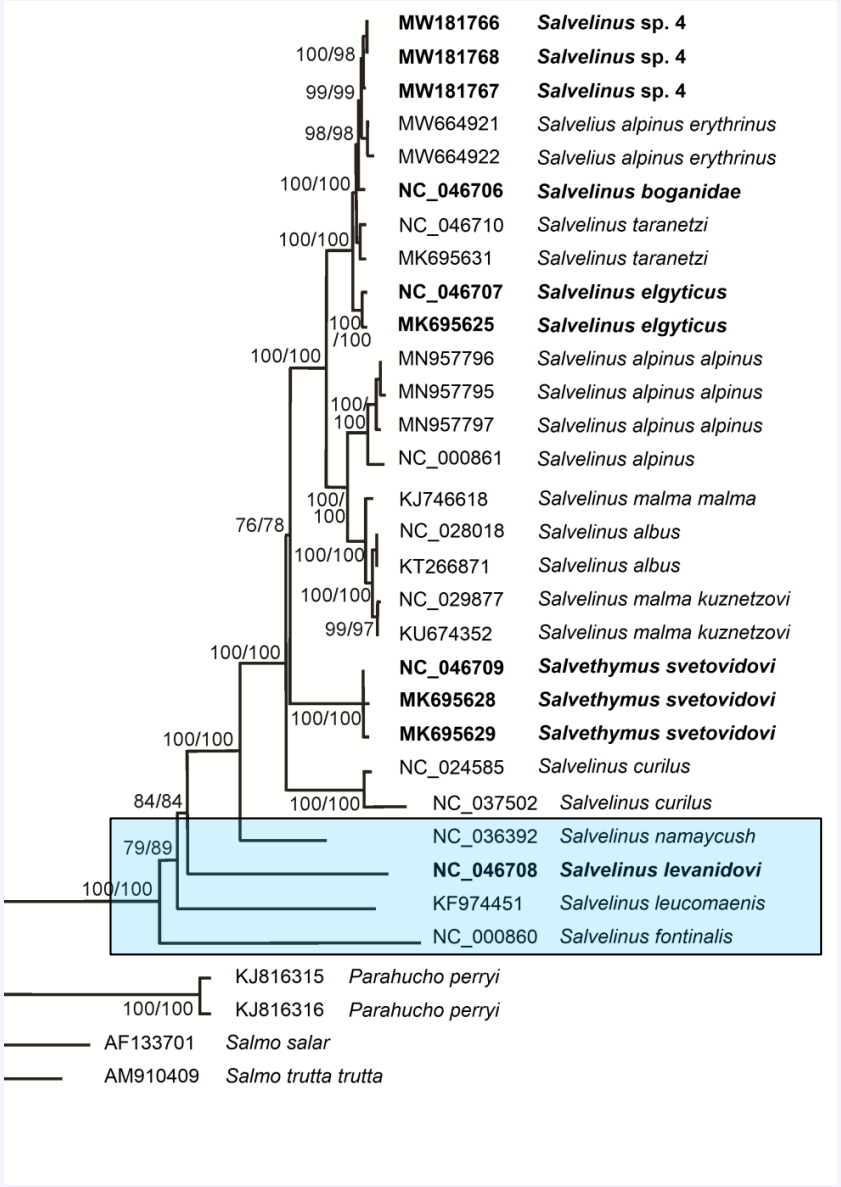
- **Подтверждена филогенетическая близость *S. boganidae* и *S. elgyticus* и их происхождение от общего предка. Однако на филограмме эти симпатричные озерные гольцы не формируют общий кластер. Появление двух видов гольцов в озере, вероятно, связано с двумя последовательными вселениями предковых ледниковых линий гольца Таранца. Эти линии во время последнего ледникового максимума существовали в разных рефугиумах, а потом, расселяясь, вступили во вторичный контакт.**
- **Показана возможность исторической гибридизации между *S. boganidae* и *S. elgyticus*, хотя гибридов между этими озерными гольцами в настоящее время не наблюдается.**
- **Филогения на основе митогеномов позволяет точно определить положение ветви *Salvethymus* внутри рода *Salvelinus*. *Sl. svetovidovi* представляет ветвь, которая дивергирует после базальной группы таксонов. Реальная степень генетической обособленности *Sl. svetovidovi*, примерно, соответствует *S. curilus*. Поэтому *Sl. svetovidovi* не является древним таксоном, близким к предку рода, как первоначально предполагалось.**

Филогенетическое положение *Salvelinus* sp. 4 из озера Начикинского (Камчатка) на основе митогеномов



- **Результаты филогенетического анализа митогеномов подтверждают близость *Salvelinus* sp. 4 и *Salvelinus alpinus erythrinus* Северной Америки (NWT) и свидетельствуют, что таксоны представляют Арктическую линию гольца Таранца *Salvelinus taranetzi*.**
- **Получены новые доказательства того, что популяция *Salvelinus* sp. 4 из оз. Начикинского является изолированной популяцией *S. taranetzi*. Положение *Salvelinus* sp. 4 на филограмме строго определено и статистически подтверждено, так же как и сестринские отношения между *Salvelinus* sp. 4 – *S. a. erythrinus* (NWT) и *S. taranetzi*.**
- **Предполагая общее происхождение гольцов *Salvelinus* sp. 4 и *S. a. erythrinus* (NWT) из географически изолированных популяций, мы оценили дивергенцию митохондриальных геномов, появившуюся в результате фрагментации ареала общего предка.**

Филогенетическое положение гольца Леванидова *Salvelinus levanidovi* на основе митогеномов



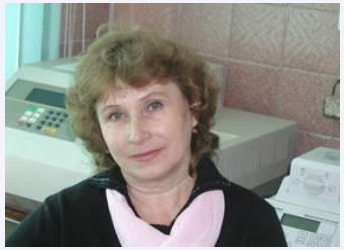
- **Секвенирование митогенома гольца Леванидова позволило нам обсуждать эволюционную историю самых древних (базальных) ветвей рода при полном представительстве базальных таксонов.**
- **Филогения митогеномов дает новые доказательства того, что *S. levanidovi* связан с общим предком рода. Четыре вида, *S. fontinalis*, *S. levanidovi*, *S. leucomaensis* и *S. namaycus*, образуют базальную группу таксонов, каждый из которых принадлежит к независимой эволюционной линии.**
- **Филогенетические деревья, выведенные из различных ДНК-маркеров с использованием различных методов филогенетического анализа, продемонстрировали, что базальное положение внутри рода может занимать любой из этих четырех видов. Новые данные доказывают, что ручьевая форель *S. fontinalis* наиболее близка к общему предку рода.**



Мы посвящаем эту работу памяти выдающегося ихтиолога Игоря Александровича Черешнева







Алла Олейник Андрей Кухлевский Любовь Скурихина

Авторы выражают глубокую признательность всем коллегам, безвозмездно пополнившим коллекцию препаратов ДНК гольцов рода *Salvelinus* лаборатории генетики ННЦМБ им. А.В. Жирмунского ДВО РАН.