

Генетическое разнообразие байкальских амфипод *Eulimnogammarus verrucosus* в реке Ангара по маркерному гену цитохром с-оксидазы (COI)

Научный руководитель – Дроздова Полина Борисовна

Саранчина Александра Евгеньевна

Студент (магистр)

Иркутский государственный университет, Биолого-почвенный факультет, Иркутск,
Россия

E-mail: alexandra147801@gmail.com

Бассейн озера Байкал является точкой активного видообразования. Одним из самых активно развивающихся отрядов является отряд амфипод. Новые виды и подвиды описываются каждый год, и на данный момент их насчитывается более 350. *Eulimnogammarus verrucosus* — распространённый вид в бассейне Байкала и популярный модельный объект для исследований. Однако только спустя 150 лет после открытия вида было обнаружено, что он не однороден, а образует три филогенетических группы (западная, южная и восточная), различающиеся по последовательности маркерного гена первой субъединицы цитохром с-оксидазы (COI) [1].

Река Ангара — единственная река, вытекающая из Байкала. В неё могут проникать представители двух ветвей, западной и южной, ареалы обитания которых отстоят на расстояние около 1 км у истока реки. Также следует отметить, что на протяжении Ангары располагаются два моста (могут связывать популяции с разных берегов) и плотина (создаёт барьер для распространения). Изучение генетического происхождения вида в этом регионе даст понять, как представители ранее разделённых популяций одного вида взаимодействуют друг с другом при встрече.

Цель исследования: определить происхождение популяций *Eulimnogammarus verrucosus*, обитающих в разных участках реки Ангары, с помощью анализа последовательностей COI.

Были отобраны по четыре животных, схожих с *E. verrucosus*, с четырех разных точек: перед плотиной на правом и левом берегу и после второго, самого дальнего от истока, моста на правом и левом берегу. Для ПЦР использовали известные последовательности праймеров [2]. Для получения последовательностей использовали секвенирование по Сэнгеру. В качестве референсной последовательности использовали последовательность COI представителя западной группы *E. verrucosus*. Выравнивание производили в программе UGENE [3]. Генетическая сеть построена в программе SplitsTree5 [4]. В качестве внешней группы выбраны виды *E. vittatus*. Также были включены последовательности всех трех филогенетических групп. Согласно полученным данным, к южной кладе относятся все особи, собранные с правого и левого берега за мостом, а также две особи с левого берега до плотины. Также, две особи с левого берега, и три особи правого берега до плотины выделяются в обособленную группу. Представителей западной клады в выборке не обнаружено. Исходя из этого можно сделать, следующие выводы: в реке Ангара происходит распределение амфипод южной клады по двум берегам; в истоке реки обитает морфа *E. verrucosus*, обособленная от байкальских.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РНФ № 20-64-46003.

Источники и литература

- 1) Gurkov A. et al. Indication of ongoing amphipod speciation in Lake Baikal by genetic structures within endemic species //BMC evolutionary biology. – 2019. – Т. 19. – №. 138
- 2) Macdonald Iii K. S., Yampolsky L., Duffy J. E. Molecular and morphological evolution of the amphipod radiation of Lake Baikal //Molecular Phylogenetics and Evolution. – 2005. – Т. 35. – №. 2. – С. 323-343.
- 3) <http://ugene.net/ru/>
- 4) <https://uni-tuebingen.de/>

Иллюстрации

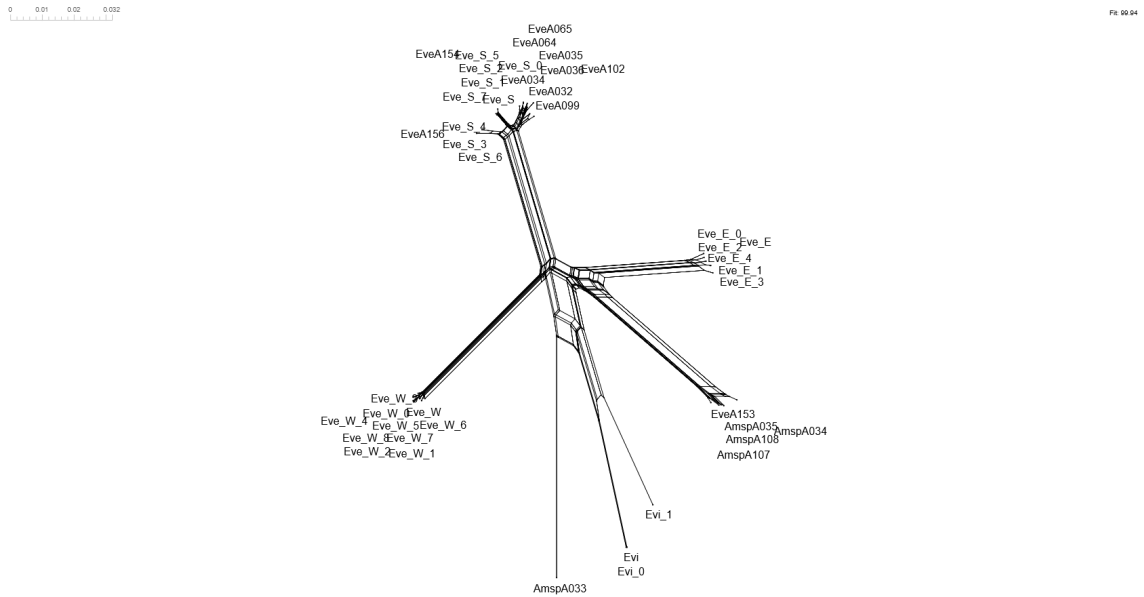


Рис. 1. Генетическая сеть *E. verrucosus* из реки Ангары построенная по последовательностям COI