

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЕ СВЯЗИ САХАЛИНСКОГО ТАЙМЕНЯ *Parahucho perryi* ПО ДАННЫМ PCR-RFLP-АНАЛИЗА МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК

А. Г. Олейник, Л. А. Скурихина

Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского Дальневосточного отделения Российской академии наук, Владивосток 690041

Поступила в редакцию 26.09.2007 г.

Проведен RFLP-анализ трех амплифицированных фрагментов мтДНК (Cytb/D-loop, ND1/ND2, ND3/ND4L/ND4) следующих таксонов: *Parahucho perryi*, *Huchotaimen*, *Brachymystax lenok*, *B. tumensis*, *Salmo salar*, *Salvelinus leucomaenis*, *S. levanidovi*. Показано значительное снижение показателей гаплотипического и нуклеотидного разнообразия мтДНК *P. perryi* в результате действия случайного дрейфа генов вследствие сокращения величины эффективной численности популяций. Определены оценки дивергенции нуклеотидных последовательностей между гаплотипами мтДНК. Сахалинский таймень *P. perryi* примерно в одинаковой степени дивергировал от *S. salar* и гольцов рода *Salvelinus* – на 11.0 и 10.0% соответственно. Дивергенция между *P. perryi* и *H. taimen* составила 14.6%, между *P. perryi* и ленками рода *Brachymystax* – 14.2%, между *H. taimen* и *Brachymystax* – 7.7%. Проведен анализ вероятных филогенетических связей мтДНК *P. perryi* в группе представленных таксонов и подтверждается валидность рода *Parahucho*. Результаты филогенетических реконструкций свидетельствуют, что деревья, построенные для объединенного по трем фрагментам мтДНК комплекса филогенетически информативных признаков, оказались намного устойчивее деревьев, построенных для индивидуальных генов.

Список литературы

1. Викторовский Р.М., Макоедов А.Н., Шевчишин А.А. Хромосомные наборы ленка и сибирского тайменя и дивергенция родов лососевых // Цитология. 1985. Т. 27. № 6. С. 703–709.
2. Holcik J., Hensel K., Nieslanik J., Skacel L. The Eurasian huchen, *Hucho hucho*: Largest salmon of the World. Dordrecht, Netherlands: Junk Publ., 1988. 239 p.
3. Дорофеева Е.А. Основные принципы классификации и филогении лососевых рыб (Salmoniformes, Salmonoidei, Salmonidae) // Биология и филогения рыб. Л.: ЗИН АН СССР, 1989. С. 5–15.
4. Осинев А.Г. Генетическая дивергенция и филогенетические взаимоотношения ленков рода *Brachymystax* и тайменей родов *Hucho* и *Parahucho* // Генетика. 1991. Т. 27. № 12. С. 2127–2136.
5. Stearley R.Y., Smith G.R. Phylogeny of the Pacific trout and salmon (*Oncorhynchus*) and genera of the family Salmonidae // Trans. Am. Fish. Soc. 1993. V. 122. № 1. P. 1–33.
6. Глубоковский М. К. Эволюционная биология лососевых рыб. М.: Наука, 1995. 343 с.
7. Oakley T.H., Phillips R.B. Phylogeny of salmonine fishes based on growth hormone introns: Atlantic (*Salmo*) and Pacific (*Oncorhynchus*) salmon are not sister taxa // Mol. Phylogenetics and Evolution. 1999. V. 11. № 3. P. 381–393.
8. Шедько С.В. Филогения митохондриальной ДНК лососевых рыб подсемейства Salmoninae: анализ последовательностей гена цитохрома *b* // Генетика. 2002. Т. 38. № 3. С. 357–367. (Shed'ko S.V. Phylogeny of mitochondrial DNA in salmonids of the subfamily Salmoninae: Analysis of the cytochrome *b* gene sequences // Rus. J. Genetics. 2002. V. 38. № 3. P. 277–285.)
9. Vladykov V.D., Gruchy C.D. Comments on the nomenclature of some subgenera of Salmonidae // J. Fish. Res. Board Can. 1972. V. 29. P. 1631–1632.
10. Phillips R.B., Oakley T.H., Davis E.L. Evidence supporting the paraphyly of *Hucho* (Salmonidae) based on ribosomal DNA restriction maps // J. Fish Biol. 1995. V. 47. P. 956–961.
11. Phillips R.B., Oakley T.H. Phylogenetic relationships among the Salmoninae based on nuclear and mitochondrial DNA sequences // Molecular Systematics of Fishes. San Diego: Acad. Press, 1997. P. 145–162.
12. Олейник А.Г., Полякова Н.Е. Рестриктазный анализ митохондриального генома лососевых рыб семейства Salmonidae // Генетика. 1994. Т. 30. № 9. С. 1202–1214. (Oleinik A.G., Polyakova N.E. Restriction analysis of the mitochondrial genome in the family Salmonidae // Rus. J. Genetics. 1994. V. 30. № 9. P. 1043–1054.)

-
13. Shed'ko S.V., Ginatulina L.K., Parpura I.Z., Ermolenko A.V. Evolutionary and taxonomic relationships among Far-Eastern salmonids fishes inferred from mitochondrial DNA divergence // J. Fish Biol. 1996. V. 49. P. 815–829.
 14. Froufe E., Alekseyev S., Knizhin I., Weiss S. Comparative mtDNA sequence (control region, ATPase 6 and NADH1) divergence in *Hucho taimen* (Pallas) across four Siberian river basins // J. Fish Biol. 2005. V. 67. № 4. P. 1040–1053.
 15. Crespi B.J., Fulton M.J. Molecular systematics of Salmonidae: Combined nuclear data yields a robust phylogeny // Molecular Phylogenetics and Evolution. 2004. V. 31. P. 658–679.
 16. Олейник А.Г., Полякова Н.Е. Анализ межвидовой генетической дифференциации у некоторых видов сем. Salmonidae // Деп. ВИНТИ. 16.04.92. № 1317–1392. 1992. 42 с.
 17. Froufe E., Sefc K. M., Alexandrino P., Weiss S. Isolation and characterization of *Brachymystax lenok* microsatellite loci and cross-species amplification in *Huchospp.* and *Parahucho perryi* // Mol. Ecol. Notes. 2004. V. 4. № 2. P. 150–152.
 18. Богуцкая Н.Г., Насека А.М. Каталог бесчелюстных и рыб пресных и солоноватых вод России с номенклатурными и таксономическими комментариями. М.: Тов-во научных изданий КМК, 2004. 389 с.
 19. Sambrook J., Fritsch E.F., Maniatis T. Molecular Cloning: A Laboratory Manual. N.Y.: Cold Spring Harbor Lab. Press, 1989. 1626 p.
 20. Gharrett A.J., Gray A.K., Brykov V.A. Mitochondrial DNA variation in Alaskan coho salmon, *Oncorhynchus kisutch* // Fish. Bull. 2001. V. 99. P. 528–544.
 21. Oleinik A.G., Skurikhina L.A., Brykov V.A. Divergence of the *Salvelinus* species mitochondrial DNA from northeastern Asia // Ecology Freshwater Fish. 2007. V. 16. № 1. P. 87–98.
 22. McElroy D., Moran P., Bermingham E., Kornfield I. REAP: An integrated environment for the manipulation and phylogenetic analysis of restriction data // J. Heredity. 1992. V. 83. P. 153–158.
 23. Nei M., Li W.-H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases // Proc. Natl Acad. Sci. USA. 1979. V. 76. P. 5269–5273.
 24. Nei M., Tajima F. DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases // Genetics. 1981. V. 97. P. 145–163.
 25. Sneath P.H.A., Sokal R.R. Numerical Taxonomy. San Francisco: Freeman, 1973. 573 p.
 26. Saitou N., Nei M. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees // Mol. Biol. Evol. 1987. V. 4. P. 406–425.
 27. Felsenstein J. Confidence limits on phylogenies: an approach using bootstrap // Evolution. 1985. V. 39. P. 783–791.
 28. Felsenstein J. PHYLIP (Phylogeny Inference Package) Version 3.67. Univ. Washington, 2007.
 29. Swofford D.L. PAUP*. Phylogenetic Analysis Using Parsimony (and other methods) Version 4.0b10. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates, 2002.
 30. Templeton A. R. Phylogenetic inference from restriction endonuclease cleavage site maps with particular reference to the evolution of humans and the apes // Evolution. 1983. V. 37. P. 221–244.
 31. Hendy M. D., Penny D. Branch and bound algorithms to determine minimal evolutionary trees // Mathematical Biosciences. 1982. V. 59. P. 277–290.
 32. Schneider S., Roessli D., Excoffier L. Arlequin, version 2.000: A software for population genetic data analysis. Genetics and Biometry Laboratory, Switzerland: Univ. Geneva, 2000.
 33. Tajima F. Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations // Genetics. 1983. V. 105. P. 437–460.
 34. Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations // Proc. Natl Acad. Sci. USA. 1973. V. 70. P. 3321–3323.
 35. Nei M. Molecular Evolutionary Genetics. N. Y.: Columbia Univ. Press, 1987. 512 p.
 36. Roff D., Bentzen P. The statistical analysis of mitochondrial DNA polymorphisms: chi-square and the problem of small samples // Mol. Biol. Evol. 1989. V. 5. P. 539–545.
 37. Yamamoto S., Morita K., Kitano S. et al. Phylogeography of white-spotted charr (*Salvelinus leucomaenis*) inferred from mitochondrial DNA sequences // Zool. Sci. 2004. V. 21. P. 229–240.
 38. Алтухов Ю. П. Генетические процессы в популяциях. М.: ИКЦ “Академкнига”, 2003. 431 с.
 39. Brunner P.C., Douglas M.R., Bernatchez L. Microsatellite and mitochondrial DNA assessment of population structure and stocking effects in Arctic charr *Salvelinus alpinus* (Teleostei: Salmonidae) from central Alpine lakes // Mol. Ecol. 1998. V. 7. P. 209–223.
 40. Hartley S.E., Bartlett S.E., Davidson W.S. Mitochondrial DNA analysis of Scottish populations of Arctic charr, *Salvelinus alpinus* (L.) // J. Fish Biol. 1992. V. 40. P. 219–224.
 41. Олейник А.Г., Скурихина Л.А., Чукова Е.И. Влияние изоляции на генетические характеристики популяций гольцов рода *Salvelinus* // Генетика. 2007. Т. 43. № 9. С. 1209–1217. (Oleinik A.G., Skurikhina L.A., Chukova E.I. Effect of isolation on the genetics characteristics of populations in chars of the genus *Salvelinus* // Rus. J. Genetics. 2007. V. 43. № 9. P. 1006–1013.)
-

-
42. Allendorf F.W., Christiansen F.B., Dobson T. et al. Electrophoretic variation in large mammals. I. The polar bear, *Thalarctos maritimus* // Hereditas. 1979. V. 91. P. 19–22.
 43. Bonnell M.L., Selander R.K. Elephant seals: Genetic variation and near extinction // Science. 1974. V. 184. P. 908–909.
 44. Кимура М. Молекулярная эволюция: теория нейтральности. М.: Мир, 1985. 398 с.
 45. Гриценко О.Ф., Чуриков А.А. Исследования экологии тайменя *Hucho perryi* (Brevoort) Северного Сахалина. М.: ОНТИ ВНИРО, 1977. 26 с.
 46. Парпура И.З. Биология сахалинского тайменя *Parahucho perryi* и гольцов рода *Salvelinus* в водах северного Приморья: Автореф. дис. . . . канд. биол. наук. Владивосток: ТИНРО, 1991. 23 с.
 47. Excoffier L., Smouse P.E., Quattro J.M. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data // Genetics. 1992. V. 131. P. 479–491.
 48. Churikov D., Matsuoka M., Luan X. et al. Assessment of concordance among genealogical reconstruction's from various mtDNA segments in three species of Pacific salmon (genus *Oncorhynchus*) // Mol. Ecol. 2001. V. 10. P. 2329–2339.
 49. Cummings M.P., Otto S.P., Wakeley J. Sampling properties of DNA sequence data in phylogenetic analysis // Mol. Biol. Evol. 1995. V. 12. P. 814–822.
-