

URAKOV D.M., DEYEV S.M.

V.A. Erlenhardt Institute of Molecular Biology,
Academy of Sciences of USSR, Moscow

Summary

Formerly unknown variable gene of the heavy chain of immunoglobulin (V_H TF) was studied in our preceding works in detail. In this paper, we present the results of defining the structure of N-terminus of the heavy chain which confirm the presence of unusual first codon corresponding to threonin. The structure of the V_H TF gene is being compared with that of other genes of the 36-60 family, topology of the tree of their evolutionary divergence is being established with the help of empirical algorithm. Its advantages, as compared with the conventional methods, are under discussion.

УДК 597.08.553.2:575.17:575.86

© 1991 г.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИВЕРГЕНЦИЯ И ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЕ
ВЗАИМООТНОШЕНИЯ ЛЕНКОВ РОДА BRACHYMUSTAX
И ТАЙМЕНЕЙ РОДОВ HUSCHO И PARAHUSCHO

ОСИНОВ А.Г.

По данным электрофоретического анализа 15 ферментных систем, кодируемых 35 генами локусами, произведена оценка уровня генетической дивергенции между двумя формами ленка р. Brachymustax, сибирским тайменем Huscho taimen и сахалинским тайменем Parahuscho renyi. Уровень генетической дивергенции между сибирским тайменем и ленками ($\bar{D} = 0,335 \pm 0,107$) значительно ниже, чем между ним и сахалинским тайменем ($\bar{D} = 0,755 \pm 0,179$). Исходя из концепции молекулярных часов, предложена филогенетическая схема взаимоотношений изученных таксонов. Подтверждается обоснованность придания Parahuscho родового статуса.

Филогенетические отношения ленков рода Brachymustax и тайменей рода Huscho, структура и положение этих родов в системе лососевых рыб подсемейства Salmoninae все еще остаются предметом дискуссий. Еще относительно недавно считалось, что род Brachymustax представлен одним видом B. lepok, а все виды тайменей могут быть объединены в рамках одного рода Huscho [1]. Выход в свет работы Кифы [2], в которой автор описал острорылую и тупорылую формы ленков из бассейна Амура в качестве самостоятельных видов, явился сильным побудительным толчком к началу углубленного исследования ленков на всем ареале [3]. Было показано, что все изученные популяции действительно могут быть отнесены к тупорылой и острорылой формам ленка, которые скорее всего представляют две филетические линии развития в роде Brachymustax [4]. Хотя четких морфологических или генетических признаков, позволяющих однозначно идентифицировать обе формы на всем ареале, найдено не было, что и не позволило описать эти формы в качестве таксономических видов, тем не менее с точки зрения их филетических и репродуктивных взаимоотношений они могут рассматриваться как два биологических вида [5]. Изменились взгляды и на структуру рода Huscho. После работ Владыкова [6] и Шапошниковой [7, 8] выделение сахалинского тайменя H. renyi в подрод Parahuscho считается общепризнанным [9, 10]. Более того, на основании кариологических данных [11, 12] было высказано предположение о выделении Parahuscho в отдельный род. Кроме сибирского тайменя H. taimen род Huscho включает в себя дунайского тайменя H. huscho и корейского тайменя H. ishikawai [1, 8]. По мнению Холчека [10], дунайский и сибирский таймени представляют собой два подвида H. huscho, а корейский таймень, очевидно, тождествен сибирскому. Согласно разным авторам [9—13], филогенетические отношения между Huscho, Parahuscho, Brachymustax и другими родами подсемейства Salmoninae значительно различаются. Учитывая относительную независимость эволюционных преобразований различных систем признаков — морфологических, кариологических, биохимико-генетических — и некоторую предпочтительность последних для филогенетических реконструкций ввиду их меньшей подверженности непосредственному влиянию среды, конвергенции и параллелизму (по крайней мере при не очень высоком уровне дивергенции таксонов), проведен анализ уровня генетической дивергенции

ленков рода *Brachymystax*, сибирского *H. taimeu* и сахалинского *H. perryi* тайменей и на его основании представлена предполагаемая схема их филогенетических взаимоотношений.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА

В работе использован материал по сибирскому и сахалинскому тайменям, острорылой и тупорылой формам ленка, который собирался в период с 1983 по 1989 г. Выборки ленков и/или (табл. 1) сибирского тайменя взяты в верховье р. Селенга (МНР, бассейн оз. Байкал), в северном Приморье (реки Самарга, Единка, Венюковка, все — бассейн Японского моря), в р. Хор (бассейн р. Уссури), в р. Курчум (бассейн р. Черный Иртыш). Сахалинский таймень отловлен в реках Даги и Очепуха (обе — бассейн Охотского моря) и в р. Сокольниковка (бассейн Японского моря). Часть материала была собрана и любезно предоставлена А.К. Карповым, С.С. Алексеевым, А.М. Мамонтовым и А.М. Шадриним, за что автор им глубоко признателен. Для электрофоретического анализа от каждой рыбы брали пробы белой скелетной мышцы, печень и глаз, которые замораживались и хранились при -20°C . Электрофорез производили в полиакриламидном геле по двум основным методикам [14, 15]. В работе использованы данные по 15 ферментным системам, кодируемым 35 генами локусами (табл. 1). Обозначение ферментных локусов принято согласно рекомендациям [16]. Основные аллели острорылой формы ленка приняты за 100. Стандартные генетические расстояния и их ошибки рассчитаны по Нею [17]. Дендрограмма по генетическим расстояниям построена с помощью невзвешенного парно-группового метода (UPGMA). Стандартные ошибки точек ветвления на дендрограмме рассчитаны по Нею с соавт. [18].

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНАЯ ЧАСТЬ И ОБСУЖДЕНИЕ

Генетическая изменчивость и дивергенция изученных таксонов

Проведенный электрофоретический анализ выявил относительно низкий уровень генетической изменчивости в большинстве популяций у всех изученных видов (см. табл. 1). В то же время, как это видно на примере двух популяций острорылого ленка, в разных локальностях могут быть полиморфны разные локусы или фиксированы разные аллели (локус *Mdh-X*). К этому можно добавить, что в ряде популяций острорылого ленка (в отдельных популяциях тупорылого ленка и сибирского тайменя) выявлен полиморфизм в дублированных локусах *Ms-1,2* и *Fim-2,3*, что позволяет говорить о вероятно высоком уровне генетической изменчивости у острорылой формы ленка в целом, который, возможно, не уступает соответствующему уровню у таких видов, как радужная форель [16], лосось Кларка [19, 20] и кумжа [21—23].

Выявленный в разных локусах полиморфизм у всех форм и видов относительно просто, хотя и не всегда однозначно, генетически интерпретируется. Так, для разных пар дублированных локусов в случае выявления лишь единичных гетерозигот всю изменчивость мы условно относили к одному из двух локусов (см., например, *Mdh-3,4* у ленка) или к обоим локусам (например, *Mdh-3,4* у сахалинского тайменя), если уровень изменчивости был достаточно высок (см. табл. 1). Использование разных моделей наследования во всех случаях мало влияло на оценки средней гетерозиготности и генетических расстояний. Более существенное влияние на оценки генетических расстояний оказывал выбор модели наследования для локусов *Est-5,6* у разных видов. Так, у сахалинского тайменя в популяции р. Сокольниковка наблюдаемая изменчивость генетически интерпретируется только исходя из модели 1 локус (*Est-5*) с двумя аллелями. В связи с этим в этой и двух других популяциях сахалинского

Таблица 1

Частоты аллелей 5- ферментных локусов и оценки средней гетерозиготности (H) и доли полиморфных локусов (P) у двух форм ленка (o — острорылая, T — тупорылая) и тайменей

Локус, аллель	Ленок			Сибирский таймень					Сахалинский таймень			
	р. Селенга (o)	Северное Приморье (T)	р. Хор (o)	оз. Байкал	р. Курчум	р. Селенга	р. Хор	р. Очепуха	р. Даги	р. Сокольниковка		
											8	9
Sdh-1	100	1,00	0,93	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
	120	—	0,17	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Sdh-2	100	0,85	0,06	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
	120	0,15	0,94	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Mdh-1	100	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
	120	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Mdh-2	120	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
	50	0,07	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Mdh-3	125	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	100	0,93	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,90	1,00	1,00	1,00	1,00
Mdh-4	90	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	125	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Mdh-X	100	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
	70	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Ldh-1	75	1,00	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	100	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Ldh-2	100	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
	100	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—

	Локус аллель			Сибирская таймень						Сахалинский таймень				
	Р. Селенга (о)	Ленок		р. Хор (о)	оз. Байкал	Р. Курчум	Р. Селенга	р. Хор	р. Очепуха	р. Даги	р. Сокольниковка			
		Северное Приморье (т)	2									3	4	5
	125	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1,00	1,00	1,00
Ldh-3	100	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
Ldh-4	100	1,00	1,00	1,00	—	—	—	—	—	—	—	1,00	1,00	1,00
80	—	—	—	—	1,00	1,00	1,00	1,00	—	—	—	—	—	—
Ldh-5	95	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1,00	1,00	1,00
100	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	—	—	—	—	—	—
Adh	100	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
Odh	100	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
90	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Aat-1	75	—	—	0,08	—	—	—	—	—	—	—	1,00	1,00	1,00
100	1,00	1,00	1,00	0,92	1,00	1,00	1,00	1,00	—	—	—	—	—	—
Aat-2	75	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1,00	1,00	1,00
100	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	—	—	—	—	—	—
Dia-1	100	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
Dia-2	100	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	—	—	—
107	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1,00	1,00	1,00
Sod-1	100	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
Sod-2	125	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
100	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	—	—	—	—	—	—
40	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1,00	1,00	1,00

Sod-3	125	—	1,00	0,04	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
100	1,00	—	—	0,96	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
160	—	—	—	—	1,00	1,00	1,00	0,79	—	—	—	—	—	—	—
■	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1,00	1,00	1,00	1,00
α-CpDh-2	130	—	—	—	0,17	—	—	0,08	—	—	—	—	—	—	—
100	1,00	1,00	1,00	1,00	0,83	1,00	1,00	0,70	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
α-CpDh-3	100	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
6-PgDh	120	—	—	—	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
100	1,00	1,00	1,00	1,00	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Ck-1	114	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1,00	1,00	1,00	1,00
100	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	—	—	—	—
Ck-2	114	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
Est-1	100	1,00	1,00	1,00	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
85	—	—	—	—	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
Est-2	92	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
100	0,63	0,90	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
106	0,37	0,10	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Est-5	103	—	—	—	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,60
100	1,00	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
108	—	—	—	0,28	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
110	—	—	—	0,72	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
■	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Est-6	103	—	—	—	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	—
100	1,00	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
108	—	—	—	0,28	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
■	—	—	—	0,72	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Est-D-2	100	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
Pgi-1	100	0,81	1,00	0,61	0,13	0,33	1,00	0,59	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
80	0,19	—	—	0,39	0,87	0,67	—	0,41	—	—	—	—	—	—	—
Pgi-2	80	—	—	—	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	—
100	1,00	1,00	1,00	1,00	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—

Таблица 1 (окончание)

Лocus: аллель	Ленок						Сибирский таймень						Сахалинский таймень							
	р. Селенга (о)		Северное Приморье (т)		р. Хор (о)		оз. Байкал		р. Курчум		р. Селенга		р. Хор		р. Очелуха		р. Даги		р. Сокольниковка	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
Pgi-3	90	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	100	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
Pgm-2	120	0,04	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	80	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	100	0,96	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
N*	20	34	25	4	3	5	28	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15
H	0,035	0,001	0,053	0,015	0,013	0,012	0,028	0,010	0,010	0,010	0,010	0,010	0,010	0,010	0,010	0,010	0,010	0,010	0,010	0,010
P	0,143	0,057	0,200	0,057	0,029	0,029	0,086	0,057	0,057	0,057	0,057	0,057	0,057	0,057	0,057	0,057	0,057	0,057	0,057	0,057

*В ряде случаев число рыб, проанализированных по отдельным локусам, было меньше указанной выборки.

Таблица 2

Индексы генетического сходства (ниже диагонали), стандартные генетические расстояния и их ошибки (выше диагонали) между популяциями ленка, сибирского и сахалинского тайменя, рассчитанные по 35 ферментным локусам (обозначение популяций, как в табл. 1)

Популяция	Ленок										Сибирский таймень										Сахалинский таймень																		
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35				
1	—	0,186	0,092	0,186	0,092	0,292	0,098	0,292	0,098	0,282	0,096	0,278	0,095	0,272	0,094	0,782	0,184	0,787	0,185	0,780	0,183																		
2	0,830	—	0,070	0,045	0,414	0,121	0,414	0,121	0,404	0,119	0,388	0,116	0,363	0,112	0,983	0,219	0,989	0,220	0,989	0,220	0,989	0,220																	
3	0,912	0,933	—	0,341	0,115	0,341	0,115	0,331	0,106	0,331	0,115	0,319	0,115	0,325	0,207	0,914	0,207	0,919	0,207	0,911	0,206																		
4	0,747	0,661	0,711	—	0,062	0,007	0,062	0,007	0,062	0,007	0,022	0,025	0,022	0,020	0,182	0,772	0,182	0,778	0,184	0,798	0,187																		
5	0,754	0,667	0,718	0,718	—	0,998	0,998	—	0,016	0,022	0,016	0,022	0,024	0,020	0,750	0,179	0,755	0,179	0,774	0,183																			
6	0,757	0,678	0,712	0,712	0,978	—	0,984	0,984	—	0,025	0,027	—	0,976	0,976	0,729	0,179	0,734	0,176	0,750	0,182																			
7	0,762	0,695	0,722	0,722	0,986	0,986	0,980	0,980	0,976	—	0,732	0,176	0,736	0,176	0,736	0,176	0,736	0,176	0,755	0,179																			
8	0,457	0,374	0,401	0,401	0,462	0,462	0,472	0,472	0,482	0,482	—	0,481	0,481	0,481	—	0,001	0,005	0,001	0,005	0,005																			
9	0,455	0,372	0,399	0,399	0,459	0,459	0,470	0,470	0,480	0,480	0,479	—	0,999	0,999	—	0,004	0,012	0,004	0,012	0,012																			
10	0,458	0,372	0,402	0,402	0,450	0,450	0,461	0,461	0,472	0,472	0,470	0,470	—	0,995	0,995	—	0,004	0,011	0,004	0,011																			

Примечание. Над чертой стандартные генетические расстояния, под чертой их ошибки.

7. Шапошникова Г.Х. О систематическом положении родов *Hucho* Gunther и *Brachymystax* Gunther // Зоол. журн. 1967. Т. 46. Вып. 2. С. 254—257.
8. Шапошникова Г.Х. Сравнительно-морфологическое изучение тайменя и ленка // Вопр. ихтиологии. 1968. Т. 8. Вып. 3. С. 440—464.
9. Дорофеева Е.А., Зиновьев Е.А., Клюканов В.А. и др. Современное состояние исследования филогении и классификации лососевидных рыб // Вопр. ихтиологии. 1980. Т. 20. Вып. 5. С. 771—791.
10. Holcik J. Review and evolution of *Hucho* (Salmonidae) // Acta Sc. Nat. Brno. 1982. V. 16. № 3. P. 1—29.
11. Анбиндер Е.М., Глубоковский М.К., Покозия Н.В. Карнитип сахалинского тайменя // Биология моря. 1982. № 4. С. 59—60.
12. 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.
13. Васильев В.П. Эволюционная карниология рыб. М.: Наука, 1985. 300 с.
14. Davis B.J. Disc-electrophoresis. 2. Method and application to human serum proteins // Ann. N.Y. Sci. 1964. № 121. P. 404—427.
15. Peacock A.C., Bunling S.L., Quinn K.G. Serum Proteins electrophoresis in acrilamide gel: patterns from normal human subjects // Science. 1965. V. 147. P. 1451—1452.
16. Allendorf R.M., Utter F.M. Population genetics // Fish Physiology. N.Y.: Acad. Press, 1979. V. 8. P. 407—459.
17. Nei M. Molecular population genetics and evolution. N.Y.: Elsevier North-Holland, 1975. 288 P.
18. Nei M., Stephens C.J., Saitou N. Methods for computing the standard errors of branching points in an evolutionary tree and their application to molecular data from humans and apes // Mol. Biol. Evol. 1985. V. 2. P. 66—85.
19. Loudenslager E.J., Gall G.A.E. Geographic patterns of protein variation and subspeciation in the cutthroat trout, *Salmo clarki* // Syst. Zool. 1980. V. 29. P. 27—42.
20. Allendorf R.W., Leary R.F. Conservation and distribution of genetic variation in a polytypic species, the cutthroat trout // Conservation Biology. 1988. V. 2. № 2. P. 170—184.
21. Осинов А.Г. К вопросу о происхождении современного ареала кумжи *Salmo trutta* L. (Salmonidae): данные по биохимическим маркерам генов // Вопр. ихтиологии. 1984. Т. 24. Вып. 1. С. 11—24.
22. Осинов А.Г. Кумжа (*Salmo trutta* L., Salmonidae) бассейнов Черного и Каспийского морей: популяционно-генетический анализ // Генетика. 1988. Т. 24. № 12. С. 2172—2186.
23. Ferguson A. Genetic differences among brown trout, *Salmo trutta*, stocks and importance for the conservation and management of the species // Freshwater Biol. 1989. V. 21. P. 35—46.
24. Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals // Genetics. 1978. V. 89. P. 583—590.
25. Archie J.W., Simon C., Martin A. Small sample size does decrease the stability of dendrograms calculated from allozyme-frequency data // Evolution. 1989. V. 43. P. 678—683.
26. Неи М. Генетические расстояния и молекулярная таксономия // Вопросы общей генетики. Тр. XIV Междунар. генет. конгр. Москва, 1978. М.: Наука, 1981. С. 7—18.
27. Nei M., Tajima F., Tateno Y. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. 2. Gene frequency data // J. Mol. Evol. 1983. № 2. P. 153—170.
28. Leary R.F., Allendorf F.W., Phelps S.R., Knudsen K.L. Genetic divergence and identification of seven cutthroat trout subspecies and rainbow trout // Trans. Amer. Fish. Soc. 1987. V. 116. P. 580—587.

Московский государственный
университет им. М.В. Ломоносова,
биологический факультет

Поступила в редакцию
11. VI. 1991

GENETIC DIVERGENCE AND PHYLOGENETICAL RELATIONSHIPS
BETWEEN LENOKS OF GENUS BRACHYMYSTAX AND HUCHENS
OF GENERA HUCHO AND PARAHUCHO

OSINOV A.G.

M.V. Lomonosov Moscow State University, Department of Biology

Summary

Genetic divergence between two forms of lenok genus *Brachymystax*, Siberian taimen *Hucho taimen* and Sakhalin taimen *Parahucho perryi* was examined on the bases of allelic frequencies of 35 gene loci. The level of genetic divergence between Siberian taimen and lenoks ($\bar{D}_{Nei} = 0,335 \pm 0,107$) is considerably lower than between Siberian taimen and Sakhalin taimen ($\bar{D}_{Nei} = 0,755 \pm 0,179$). According to the principle of molecular clock the phylogenetical relations between all examined taxons are presented.

УДК 575.174:599

© 1991 г.

ПОЛИМОРФИЗМ ДНК В НАСЕЛЕНИИ МОНГОЛИИ

АНАЛИЗ ПОЛИМОРФИЗМА ДЛИН РЕСТРИКЦИОННЫХ ФРАГМЕНТОВ ДНК
В СЕМИ ЛОКУСАХ ЯДЕРНОГО ГЕНОМА

САМБУУГИЙН Н., ПЕТРИЩЕВ В.Н., РЫЧКОВ Ю.Г.

Изучали полиморфизм семи маркеров ядерной ДНК в населении Монголии с использованием метода полимеразной цепной реакции. Определены частоты аллелей по сайтам рестрикции: HindIII в локусе HBG-2, AvaII в локусе HVB, MspI и XbaI в локусе Apo-B, PstI в локусе D7S8, HincII в локусе LDLR и по минисателлитному участку в локусе AT-3. Данные по локусам Apo-B (MspI), LDLR, D7S8, AT-3 получены впервые у представителей монголоидной расы.

Выявлено, что монгольская популяция высокополиморфна по изученным МГМ, за исключением сайтов рестрикции XbaI и MspI в локусе Apo-B. Проведен сравнительный анализ полученных результатов с литературными данными.

Полиморфизм длин рестрикционных фрагментов (ПДФ) ядерного и митохондриального геномов наряду с полиморфизмом гипервариабельных («минисателлитных») районов, обнаруженных в последние годы в ядерной ДНК, являются богатым источником молекулярно-генетических маркеров (МГМ) [1—3].

Большая насыщенность геномной ДНК полиморфными сайтами, возможность сопоставления уровней полиморфизма в кодирующем и не кодирующем участках одного и того же гена, возможность получения неограниченного числа гаплотипов, а также вовлечения в популяционный анализ практически любой хромосомы являются очевидными преимуществами системы МГМ.

Обширные исследования, проведенные в последние годы во многих географических регионах, выявили значительные внутри- и межэтнические различия в частотах полиморфных фрагментов ДНК. Наиболее изученными в этом отношении оказались кластеры глобинового и аполипротенинового генов, гены HLA и митохондриальная ДНК [3—5].

Полученные данные о полиморфизме МГМ получены среди европеоидов, негроидов и в небольшой степени монголоидов. Монголоидное население Азиатского региона, за исключением Японии и Юго-Восточной Азии, оказалось в этом плане почти неизученным [5, 6].

Монголы как типичные представители большой монголоидной расы, давшие название этой расе, привлекают к себе повышенный интерес генетиков-популяционистов. В последние годы появились работы, в которых довольно подробно представлен анализ популяционно-генетической структуры населения Монголии с использованием иммунных и биохимических маркеров [7, 8].

В данной статье приведены частоты аллельных вариантов и соотношения генотипов по семи полиморфным локусам ядерной ДНК в населении Монголии.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА

Материалом для исследования послужили образцы ДНК, выделенной из лейкоцитов крови здоровых и неродственных лиц, временно приехавших в столицу страны из всех аймаков. Образцы крови были собраны в 1988 г. в г. Улан-Баторе и места происхождения образцов указаны на рисунке. ДНК выделяли по методу [9]