

УДК 595.771

## ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЕ ВЗАИМООТНОШЕНИЯ БАЙКАЛЬСКОГО ЭНДЕМИКА *PARATANYTARSUS BAICALENSIS* (TSHERN.) С ПРЕДСТАВИТЕЛЯМИ РОДОВ *PARATANYTARSUS* THIEN. ET BAUSE И *MICROPSECTRA* KIEFF. (DIPTERA, CHIRONOMIDAE)

Л.С. Кравцова<sup>1</sup>, О.В. Майер<sup>1</sup>, Д.Ю. Щербаков<sup>1,2</sup>(<sup>1</sup>Лимнологический институт СО РАН, г. Иркутск;<sup>2</sup>Биологический факультет Иркутского госуниверситета; e-mail: lk@lin.irk.ru)

Исследованы филогенетические взаимоотношения эндемика Байкала *Paratanytarsus baicalensis* (Tshern.) с представителями двух родов трибы *Tanytarsini*. Анализ филогенетических связей проведен на основе 117 нуклеотидных последовательностей фрагмента гена mtДНК COI, принадлежащих 33 видам из родов *Paratanytarsus* и *Micropsectra*. Установлено, что байкальский вид по происхождению близок к географически удаленным европейским видам *P. austriacus*, *P. hyperboreus* и генетически неоднороден.

**Ключевые слова:** хирономиды, эндемики Байкала, филогения.

Фауна хирономид оз. Байкал разнообразна, в ее составе отмечено 166 видов из 67 родов, 5 подсемейств: *Tanypodinae* (11), *Prodiamesinae* (2), *Diamesinae* (10), *Orthocladiinae* (59), *Chironominae* (84) [1]. Байкальские эндемики составляют около 10% от общего числа видов. Триба *Tanytarsini* в озере представлена 34 видами из 8 родов: *Cladotanytarsus*, *Constempellina*, *Corynocera*, *Micropsectra*, *Neozavrelia*, *Paratanytarsus*, *Rheotanytarsus*, *Tanytarsus*. Только в двух из них — *Neozavrelia* и *Paratanytarsus* есть эндемичные виды. Эти роды в Байкале, в отличие от рода *Sergentia* трибы *Chironomini*, не образуют букеты видов.

Эндемик *Paratanytarsus baicalensis* (Tshern.) широко распространен в Байкале в диапазоне глубин от 1 до 200 м. Впервые этот вид был описан А.А. Черновским [2] по личинке как *Pseudochironomus baicalensis*, а позднее А.А. Линевич [3] приведен по имаго и куколке как *Micropsectra? baicalensis*, но без полного их описания. В.Я. Панкратова [4], Р. Ashe, Р.С. Cranton [5] приводят вид в составе рода *Paratanytarsus*.

Цель работы — выяснить таксономическое положение байкальского эндемика *P. baicalensis* и его филогенетические взаимоотношения с другими видами трибы *Tanytarsini*.

Сбор материала произведен в оз. Байкал в летние месяцы 2005–2006 гг. Личинки хирономид были собраны на каменистых грунтах у м. Березовый, на глубинах 4–10 м и на мелком заиленном песке у губы Семисосенная, на глубинах 35–40 м.

Байкальские виды идентифицировали по постоянным препаратам, изготовленным в жидкости Фора—Берлезе из головного и заднего отделов тела личинок хирономид. ДНК экстрагировали из средней части тела этих же личинок по модифицированной методике Дойла—Диксона [6]. Амплификацию фрагмента гена COI проводили методом ПЦР с ис-

пользованием праймеров L1490 (5'—GGTCAACAA-ATCATAAAGATATTGG—3') и H2198 (5'—TAAACT-TCAGGGTACCAAAATCA—3'). ПЦР включала 30 циклов по 45 с с температурой отжига праймеров 41°. Для байкальских личинок хирономид было определено 12 нуклеотидных последовательностей mtДНК COI длиной 600 п.н. Для оценки филогенетических взаимоотношений эндемика *P. baicalensis* с другими представителями этого рода, а также рода *Micropsectra*, были использованы 117 нуклеотидных последовательностей (по 560 п.н.) фрагмента гена mtДНК COI личинок хирономид из оз. Байкал и GenBank: AJ885006—AJ885011, AM398684—AM398737, AM398745—AM398765, AY583786—AY583822, AY752669, DQ393838—DQ393850, DQ393884, DQ393886, DQ393887, DQ393889, GU073167—GU073185, принадлежащих 33 видам.

Филогенетическое древо хирономид строили методом максимального правдоподобия с помощью программы Phym [7]. Достоверность ветвления оценивали непараметрическим бутстрепом (1000 реплик) и байесовским подходом, реализованным в программе MrBayes v.3.1.2 [8]. В обоих случаях использовали модель молекулярной эволюции Хасегавы и др. [9]. Матрицы попарных генетических расстояний и статистический анализ на их основе проводили с помощью пакета APE на языке R [10].

На филогенетическом дереве *P. baicalensis* достоверно кластеризуется с двумя европейскими видами *P. austriacus* и *P. hyperboreus* (рис. 1). Первый широко распространен по всей Европе, а второй встречается преимущественно в Норвегии, Швеции и Финляндии [6]. Несмотря на географическую разобщенность, очевидно, что у *P. austriacus*, *P. hyperboreus* и *P. baicalensis* относительно недавно существовал общий предок.

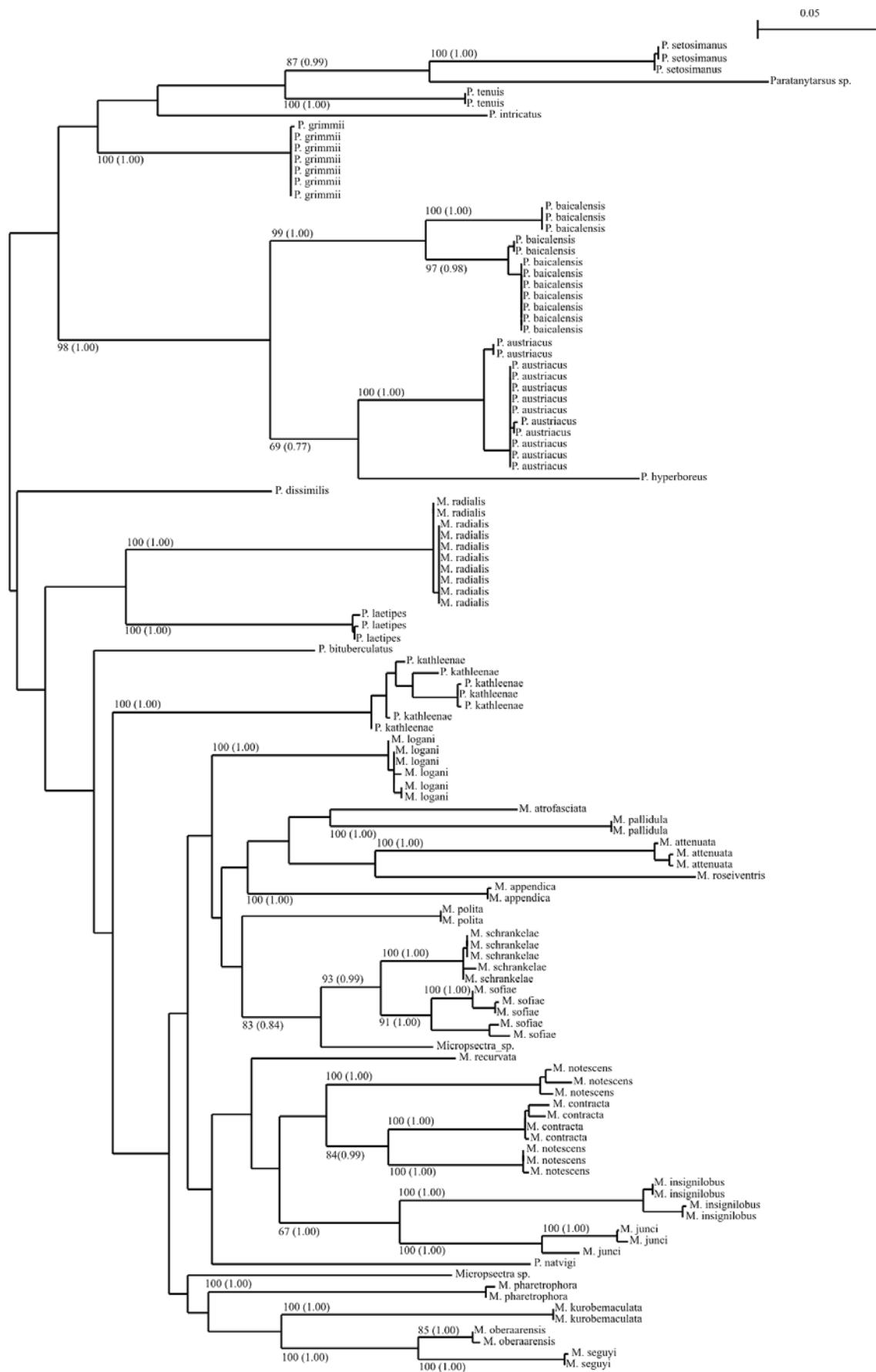


Рис. 1. Филогенетическое дерево хирономид родов *Paratanytarsus* и *Micropsectra* трибы Tanytarsini подсемейства Chironominae (Diptera, Chironomidae), построенное методом максимального правдоподобия. На ветвях цифрами обозначены бутстреп-поддержки (> 50%), в скобках указаны постериорные вероятности (> 0,50)

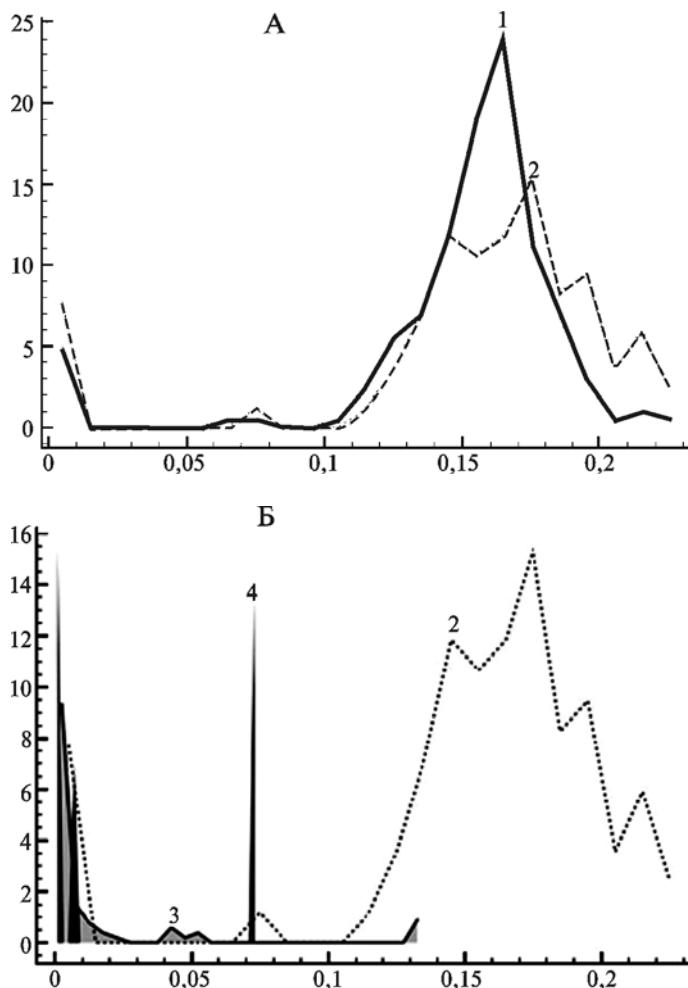


Рис. 2. Распределение внутривидовых и межвидовых генетических дистанций исследованных видов. А — распределение генетических дистанций между видами на уровне родов *Micropsectra* (1) и *Paratanytarsus* (2), Б — внутривидовые и межвидовые генетические дистанции для представителей рода *Paratanytarsus*: 2 — межвидовые генетические дистанции, 3 — внутривидовые для всех исследованных видов этого рода, 4 — внутривидовые только для байкальского вида. По оси абсцисс — генетические дистанции, по оси ординат — их количество

Не все исследованные виды *Paratanytarsus* и *Micropsectra* кластеризуются с представителями своего

рода. В частности, *P. laetipes* и *M. radialis* можно рассматривать как сестринские виды, вероятно, недавно разошедшиеся, то же относится и к некоторым другим видам (см. рис. 1). Возможно, это является и следствием того, что таксономия хирономид основывается на морфологии организмов на разных стадиях онтогенеза. Помимо топологии дерева попарные генетические расстояния между видами родов *Paratanytarsus* и *Micropsectra* примерно одинаковы. На рис. 2, А показано распределение внутриродовых попарных мутационных расстояний при условии, что каждый вид представлен единственной последовательностью.

В пределах рода *Paratanytarsus* межвидовые различия (по генетическим дистанциям) гораздо больше, чем внутривидовые (см. рис. 2, Б). Все исследованные байкальские личинки хирономид на дереве образуют два кластера (см. рис. 1), расстояние между которыми превышает уровень внутривидового полиморфизма, характерного для других представителей рода *Paratanytarsus*. С одной стороны, этого различия недостаточно для того, чтобы однозначно свидетельствовать о существовании двух сестринских видов-близнецов в Байкале. С другой стороны, следует отметить, что внутривидовые различия имеют сходный размах в обоих родах, который, возможно, возник за счет каких-то процессов недавнего видеообразования.

Таким образом, молекулярно-филогенетические исследования личинок *P. baicalensis* подтверждают статус вида в рамках рода *Paratanytarsus*. Байкальский по происхождению вид близок к географически удаленным европейским видам *P. austriacus* и *P. hyperboreus* и генетически неоднороден, образует на дереве два кластера, позволяющих предположить наличие в Байкале двух видов-близнецов.

\* \* \*

Работа выполнена при частичной финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (грант № 09-04-00972).

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Кравцова Л.С. Хирономиды водоемов Прибайкалья // Биота водоемов Байкальской рифтовой зоны / Под ред. А.С. Плещанова. Иркутск: Изд-во Иркут. ун-та, 2009. С. 155—165.
2. Черновский А.А. Определитель личинок комаров сем. Tendipedidae (Chironomidae) // Определитель по фауне СССР. М.; Л.: Наука, 1949. 186 с.
3. Линевич А.А. Биология беспозвоночных Байкала // Тр. Лимнологического института СО РАН. Л.: Наука, 1963. Т. 21. С. 1—48.
4. Панкратова В.Я. Личинки и куколки комаров подсемейства Chironominae фауны СССР (Diptera, Chironomidae=Tendipedidae). Л.: Наука, 1983. 296 с.
5. Ashe P., Cranston P.S. Chironomidae // Catalogue of palaearctic Diptera / Ed. A. Soos. Budapest, 1990. Vol. 2. P. 113—499.
6. Doyle J.J., Dickson E. Preservation of plant samples for DNA restriction endonuclease analysis // Taxon. 1987. Vol. 36. N 4. P. 715—722.
7. Guindon S., Gascuel O. A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood // Syst. Biol. 2003. Vol. 52. N 5. P. 696—704.
8. Huelsenbeck J.P., Ronquist F. MRBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees // Bioinformatics. 2001. Vol. 17. N 8. P. 754—755.

9. Hasegawa M, Kishino H, Yano T. Man's place in Hominoidea as inferred from molecular clocks of DNA // J. Molec. Evol. 1987. Vol. 26. N 1—2. P. 132—147.

10. Paradis E., Claude J., Strimmer K. APE: analyses of phylogenetics and evolution in R language // Bioinformatics. 2004. Vol. 20. N 2. P. 289—290.

Поступила в редакцию  
07.04.10

**PHYLOGENETIC RELATIONSHIPS OF ENDEMIC *PARATANYTARSUS BAICALENSIS* (TSHERN.) TO SOME SPECIES OF *PARATANYTARSUS* THIEN. ET BAUSE AND *MICROPSECTRA* KIEFF. (DIPTERA, CHIRONOMIDAE)**

*L.S. Kravtsova, O.V. Mayer, D.Yu. Sherbakov*

Phylogenetic relationships of Baikalian endemic Chironomid *Paratanytarsus baicalensis* (Tshern.) and other representatives of tribe Tanytarsini have been studied using 117 partial sequences of mitochondrial gene COI belonging to 33 species of *Paratanytarsus* and *Micropsectra*. It was shown that the Baikalian species is closely related to two European species *P. austriacus*, *P. hyperboreus* and itself it splits into two genetically distinctive clades.

**Key words:** *chironomids, Baikalian endemic, phylogenetic.*

**Сведения об авторах**

*Кравцова Любовь Сергеевна* — канд. биол. наук, ст. науч. сотр. лаборатории геносистематики Лимнологического института СО РАН, г. Иркутск. Тел. (3952)422-923; e-mail: lk@lin.irk.ru

*Щербаков Дмитрий Юрьевич* — докт. биол. наук, зав. лаборатории геносистематики Лимнологического института СО РАН, г. Иркутск; проф. кафедры физ.-хим. биологии биологического почвенного факультета Иркутского госуниверситета. Тел. (3952)422-923; e-mail: lk@lin.irk.ru

*Майер Ольга Владимировна* — аспирант Лимнологического института СО РАН, г. Иркутск. Тел. (3952)422-923; e-mail: lk@lin.irk.ru