

УДК 597.556.333.1.063.7:[591.15+591.524.1(28)](476)

## ВНУТРИ И МЕЖВИДОВАЯ ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ МИТОХОНДРИАЛЬНОГО ГЕНА COI У ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ РОДА ТУПОНОСЫЕ БЫЧКИ

В. И. ГОЛОВЕНЧИК

НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам

Минск, Беларусь

**Введение.** Чужеродный для территории Беларуси род Тупоносые бычки *Proterorhinus* Smitt, 1900 характеризуется сложной и до конца не установленной видовой структурой [1–4]. Последние исследования с применением современных методов молекулярной биологии показали наличие в данном роде криптических видов, в частности: бычка-цуцика *P. marmoratus* (Pallas, 1814), западного тупоносого бычка *P. semilunaris* (Heckel, 1837) и каспийского бычка-цуцика *P. semipellucidus* (Kessler, 1877) [1, 3]. Данные виды невозможно отличить по морфологическим ключам, более того, они характеризуются схожей биологией [1, 2]. Наиболее популярный и распространенный метод идентификации видов с помощью ДНК-штрихкодирования не подходит для рутинного определения, так как является достаточно долгим и дорогостоящим. В то же время корректная видовая идентификация является крайне важным этапом в вопросе изучения биологических инвазий и для реализации Национальной стратегии Республики Беларусь по сохранению и устойчивому использованию биоразнообразия. Поэтому в настоящее время требуется поиск новых простых и эффективных способов определения видов данного рода. Таким методом может стать определение видов по ПЦР-ПДРФ таблицам. Первым этапом для построения определительных карт является выбор подходящих молекулярных маркеров. С одной стороны, необходимо, чтобы маркер характеризовался низким уровнем внутривидовой варибельности, чтобы исключить определение индивидуальных генетических особенностей. С другой, он должен обладать достаточно высоким уровнем межвидовых различий для осуществления корректной видовой идентификации.

Целью данной работы являлось изучение внутри- и межвидового уровня генетической варибельности митохондриального гена COI у видов рыб рода Тупоносые бычки.

**Основная часть.** В ходе исследования было проанализировано: четыре последовательности *P. marmoratus*, 70 последовательностей *P. semilunaris*, восемь последовательностей *P. semipellucidus* гена COI длиной 565 п. н. Кроме собственных расшифрованных нуклеотидных последовательностей, использовали нуклеотидные последовательности, представленные в международных генетических базах данных NCBI и BOLD.

Анализ показал, что значения внутривидовых генетических дистанций, рассчитанных для гена COI, оказались невысокими и варьировали для *P. semilunaris* от 0,001 до 0,01 (среднее значение 0,005), для *P. marmoratus* составило 0,002 и для *P. semipellucidus* – от 0,002 до 0,005 (среднее значение 0,003). Значения межвидовых генетических дистанций, рассчитанных для

гена COI, оказались на порядок выше чем значения внутривидовых. Так, между видами *P. semilunaris* и *P. marmoratus* значения генетических дистанций варьировали от 0,125 до 0,129 (среднее 0,127), между видами *P. semilunaris* и *P. semipellucidus* – от 0,027 до 0,035 (среднее 0,029), между видами *P. marmoratus* и *P. semipellucidus* – от 0,086 до 0,088 (среднее 0,085).

В результате прямого анализа нуклеотидного состава гена COI было обнаружено, что процентное содержание варибельных сайтов у вида *P. semilunaris* составило 1,9 % (11 замен), у вида *P. semipellucidus* – 0,53 % (три замены), у вида *P. marmoratus* – 0,18 % (одна замена). Ни у одного вида замена нуклеотидов не привела к изменению в составе белка, и все замены располагались в третьей позиции кодона. При этом у вида *P. semilunaris* все 11 варибельных сайтов являлись парсимоничными, у вида *P. semipellucidus* 1 из 3 варибельных сайтов являлся синглетонным и 2 из 3 оказались парсимоничными, у вида *P. marmoratus* один варибельный сайт являлся синглетонным. Процентное содержание нолькратно вырожденных сайтов у вида *P. semilunaris* составило 65,48 % (370 из 565), у вида *P. semipellucidus* – 65,48 % (370 из 565), у вида *P. marmoratus* – 66,01 % (373 из 565). Процентное содержание двукратно вырожденных сайтов у вида *P. semilunaris* составило 19,64 % (111 из 565), у вида *P. semipellucidus* – 20,35 % (115 из 565), у вида *P. marmoratus* – 19,46 % (110 из 565). Процентное содержание четырехкратно вырожденных сайтов у вида *P. semilunaris* составило 13,09 % (74 из 565), у вида *P. semipellucidus* – 13,98 % (79 из 565), у вида *P. marmoratus* – 14,33 % (81 из 565). В целом процентное соотношение вырожденных сайтов гена COI изучаемых видов близко к доле вырожденных сайтов стандартной таблицы генетического кода.

Как показали рассчитанные значения внутривидовой варибельности у всех трех видов количество транзиций превышает количество трансверсий, наибольшее количество замен, как и их частота наблюдается у вида *P. semilunaris*.

**Заключение.** Таким образом, исходя из полученных результатов по анализу варибельности гена COI было показано, что данный маркер подходит для построения определительных ПЦР-ПДРФ таблиц.

#### СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

1. **Neilson, M. E.** Evolution and phylogeography of the tubenose goby genus *Proterorhinus* (Gobiidae: Teleostei): evidence for new cryptic species / M. E. Neilson, C. A. Stepien // *Biol. J. Linnean Soc.* – 2009. – Vol. 96. – P. 664–684.
2. Further studies of mitochondrial genome variability in ponto-caspian *Proterorhinus* species (Actinopterygii: Perciformes: Gobiidae) and their taxonomic implications / P. A. Sorokin [et al.] // *Acta Ichthyologica et Piscatoria.* – 2011. – Vol. 41. – P. 95–104.
3. **Stepien, C. A.** Invasion genetics of Ponto-Caspian gobies in the Great Lakes: a ‘cryptic’ species, absence of founder effects, and comparative risk analysis / C. A. Stepien, M. A. Tumeo // *Biol. Invasions.* – 2006. – Vol. 8. – P. 61–78.
4. Mitochondrial phylogeny, diversity, and ichthyogeography of gobies (Teleostei: Gobiidae) from the oldest and deepest Caspian sub-basin and tracing source and spread pattern of an introduced *Rhinogobius* species at the tricontinental crossroad / F. Zarei [et al.] // *Hydrobiologia.* – 2021. – Vol. 848, iss. 6. – P. 1267–1293.