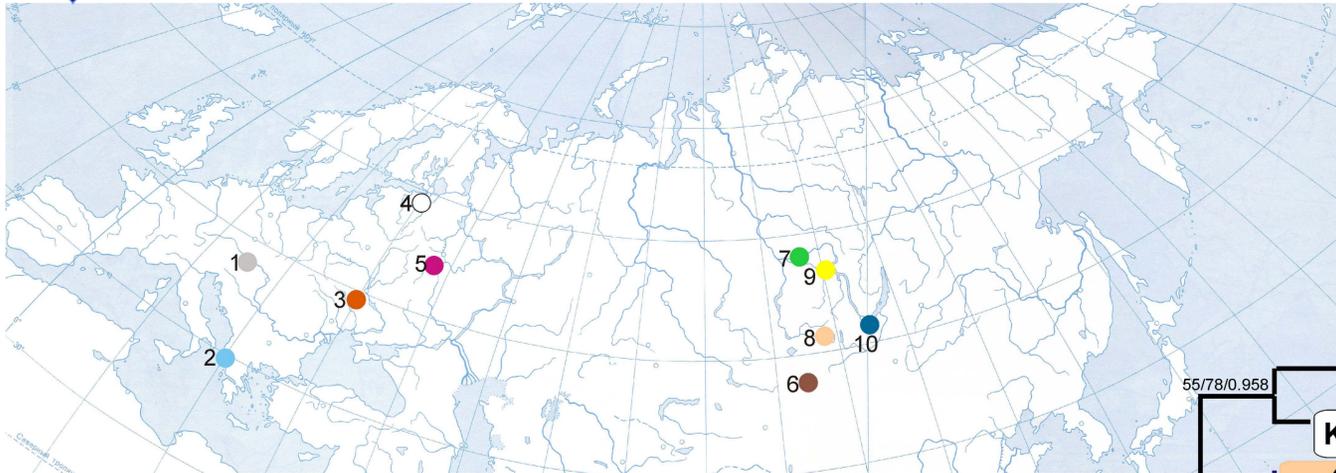


# Молекулярная филогения рода *Cyclops* O. F. Müller, 1776 (Copepoda, Cyclopoida) из отдаленных частей Евразии

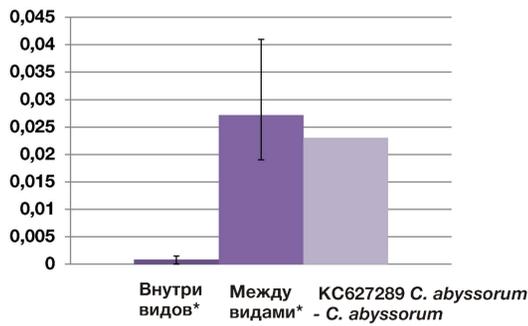
Т. Ю. Майор, И. Ю. Зайдыков, С. В. Кирильчик



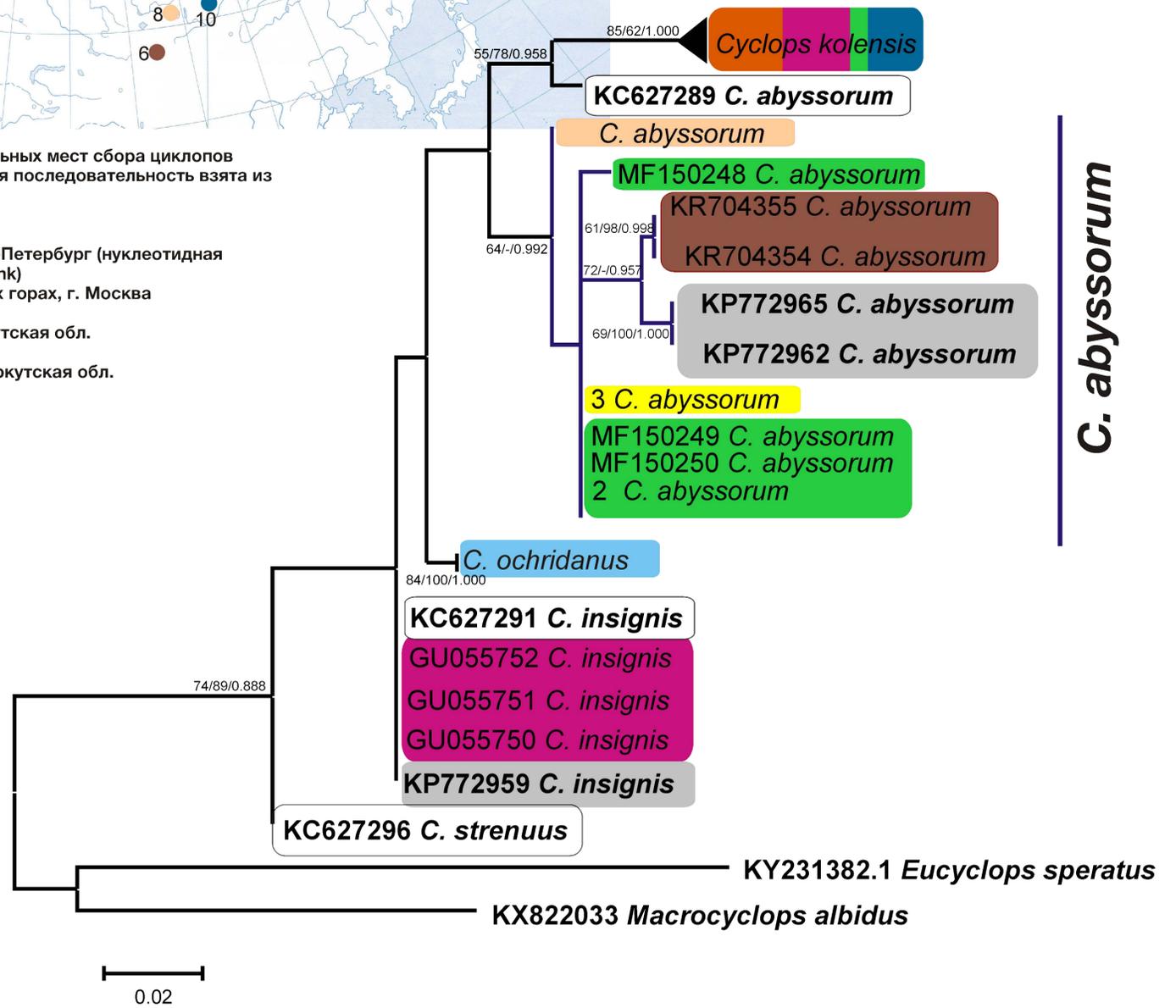
Группа эволюционной генетики, лаборатория ихтиологии  
ФГБУН Лимнологический институт СО РАН



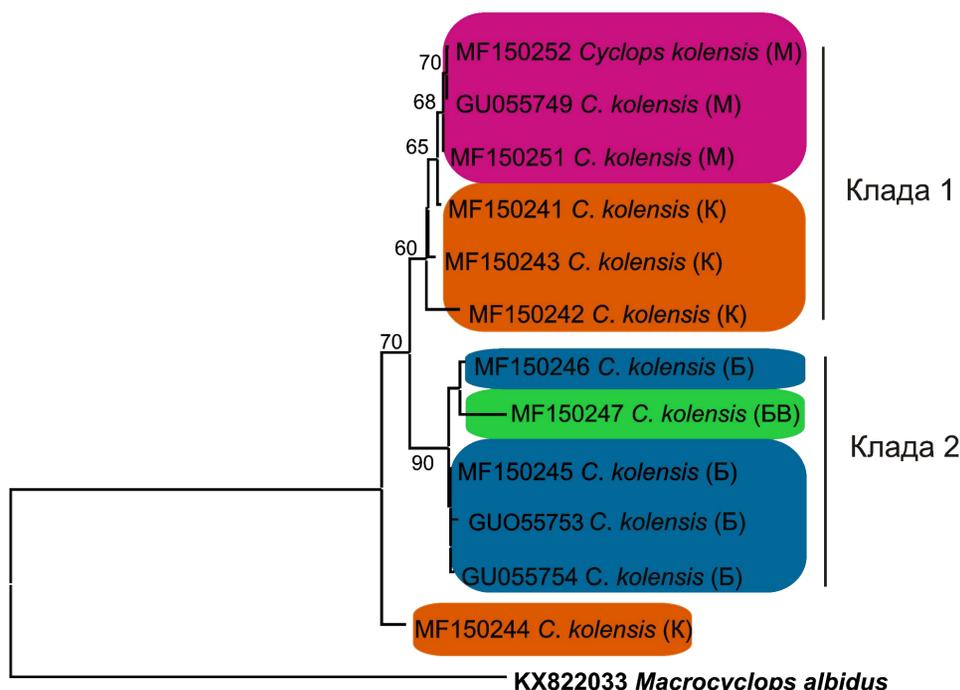
**Рисунок 1.** Карта-схема приблизительных мест сбора циклопов  
1 - речные пруды, Чехия (нуклеотидная последовательность взята из GeneBank)  
2 - оз. Охрид, Македония  
3 - оз. Тельбин, Киев  
4 - пруд в Таврическом саду, г. Санкт-Петербург (нуклеотидная последовательность взята из GeneBank)  
5 - Андреевские пруды на Воробьевых горах, г. Москва  
6 - оз. Улаагчны-Хар, Монголия  
7 - Богучанское водохранилище, Иркутская обл.  
8 - оз. Хубсугул, Монголия  
9 - Усть-Илимское водохранилище, Иркутская обл.  
10 - оз. Байкал



**Рисунок 2.** Генетические расстояния, посчитанные по несинонимичным заменам. Показаны минимальные, средние и максимальные значения.  
\* - *C. insignis*, *C. kolensis*, *C. ochridanus*, *C. abyssorum* (Чехия, Монголия, Сибирь)



**Рисунок 3.** ML 1, 2 позиции кодона, K2P, COI.  
Число в узле - значение бут-стреп поддержки или апостериорная вероятность узлов ветвления ML/NJ/BI.  
Жирный шрифт - последовательности, позаимствованные из GeneBank



**Рисунок 4.** NJ, с учетом 1, 2, 3 позиций кодона, COI.  
Число в узле - значение бут-стреп поддержки узлов ветвления.  
Жирный шрифт - последовательность, позаимствованная из банка данных GeneBank.

## Результаты

Представители рода Cyclops были собраны с глубин 0 - 50 м в 2007-2016 гг. (рис. 1). Фрагмент гена COI мтДНК (ок. 600 п.н.) определен для 28 особей циклопов, относящихся к 4 видам: *C. kolensis*, *C. abyssorum*, *C. ochridanus*, *C. insignis*.

На основе полученных и позаимствованных из GeneBank данных для представителей рода Cyclops из отдаленных частей Евразии проведен анализ филогенетических взаимоотношений. В полученном наборе данных был выявлен эффект насыщения нуклеотидных замен с помощью теста Xia с соавт. (2003) в программе DAMBE. Генетические расстояния, рассчитанные по несинонимичным заменам модифицированным методом Nei-Gojobori (JK), внутри видов варьировали от 0 до 0,0015, между видами - 0,019 - 0,041 (рис. 2).

На филогенетических схемах, построенных, разными методами (ML, NJ, BI) представители трех географически отдаленных популяций *C. insignis* из Москвы, Санкт-Петербурга и Коморжан (Чехия) показывают генетическую близость и формируют отдельный кластер. Последовательность *C. strenuus* популяции из Таврического пруда, Санкт-Петербург, занимает обособленное положение и не вошла в кластер с другими анализируемыми представителями рода Cyclops (рис. 3). Нуклеотидные последовательности *C. abyssorum* из озера Улаагчны Хар (западная часть Монголии), оз. Хубсугул (Монголия), Богучанского и Усть-Илимского водохранилищ (Иркутская область) вошли в один кластер. На деревьях ML и BI, нуклеотидные последовательности *C. abyssorum* из Чехии также входят в кластер с северо-восточно-азиатскими популяциями этого вида. Генетические расстояния между представителями этих популяций небольшие и составили в среднем 0,0014. В то же время на всех схемах представитель *C. abyssorum* (KC627289) из Санкт-Петербурга не входит в кластер с представителями других популяций и показывает большую генетическую близость с видом *C. kolensis*. Вероятно, нуклеотидная последовательность KC627289 относится к виду-двойнику *C. abyssorum*.

На филогенетической схеме (рис. 4) *C. kolensis* из оз. Байкал и Богучанского водохранилища (Иркутская обл.) формируют отдельный кластер (клада 2) и показывают генетическую обособленность от представителей этого вида из отдаленных частей ареала (клада 1).

Авторы выражают искреннюю благодарность **Н. Г. Шевелевой** за сбор и таксономическое определение циклопов, **В. И. Монченко**, **Л. В. Самчишиной** за помощь в сборе циклопов киевской популяции *C. kolensis*, **Е. А. Иванкиной** за сбор представителей московской популяции *C. kolensis* и *C. insignis*, **Gorica-Radozda** за сбор *C. ochridanus*.

Работа проводилась при поддержке интеграционного гранта СО РАН № 45