

**Филогенетический анализ семейства Mermithidae (Braun, 1883) на основе молекулярных данных**

**Научный руководитель – Гранович Андрей Игоревич**

*Ганкевич Владимир Денисович*

*Студент (магистр)*

Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет,  
Санкт-Петербург, Россия

*E-mail: vd\_gankevich@mail.ru*

На сегодняшний день продолжается уточнение филогенетических связей в различных группах организмов. Однако, несмотря на постоянное увеличение количества данных и совершенствование методик, остаются группы, филогенетические взаимоотношения внутри которых до сих пор чётко не прослежены.

Одной из таких групп является семейство Mermithidae (Mermithida, Enoplea, Nematoda) [1, 4]. Стоит отметить, что для нематод в целом и для мермитид в частности характерна крайняя скудность морфологических признаков, позволяющих чётко идентифицировать организм, а имеющиеся связаны со спецификой устройства головного отдела и половой системы, то есть представлены у взрослых особей, в то время как в природе в основном обнаруживаются личиночные стадии [1, 2, 3]. В этой связи весьма актуальными представляются именно молекулярные исследования. Однако молекулярные данные, касающиеся мермитид, на данный момент в основном представляют собой разрозненные нуклеотидные последовательности различной длины. Тем не менее сейчас возобновляются попытки систематизировать эту группу организмов [4, 6].

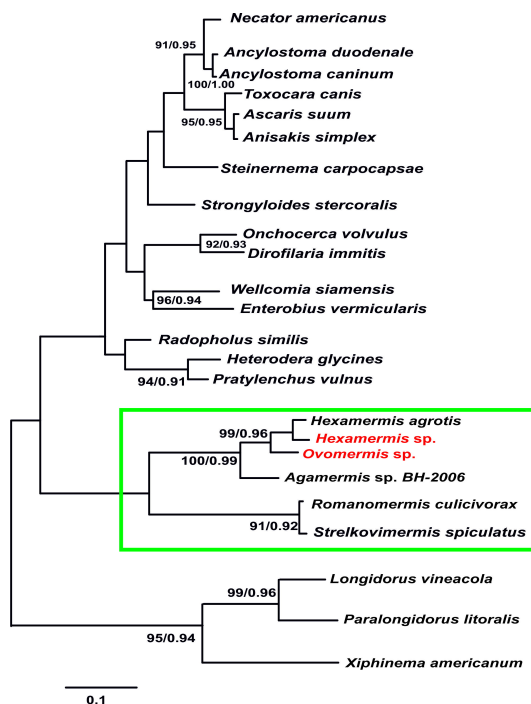
В нашем исследовании мы сфокусировались на анализе генов 18s rRNA, 28s rRNA и COI нескольких мермитид из Вьетнама, Подмосковья и с Кавказа, полученных из моллюсков и многоножек. Последовательности, с которыми проводилось сравнение полученных нами данных, были взяты из генетического банка NCBI. Помимо этого, были проанализированы митохондриальные геномы двух личинок третьего возраста, так как применение мтДНК для филогенетического анализа Nematoda считается репрезентативным [4,5]. Геномы были проаннотированы, по результатам аннотации были созданы карты расположения генов в митохондриальных геномах. На основании всех перечисленных выше маркеров были построены и проанализированы филогенетические деревья, включающие как вновь полученные последовательности, так и последовательности из базы данных NCBI.

**Источники и литература**

- 1) Артюховский А. К. Почвенные мермитиды: систематика, биология, использование. Изд-во ВГУ, 1990.
- 2) Рубцов И. А. Мермитиды. Происхождение, биология, распространение. Л., 1977.
- 3) Рубцов И. А. Мермитиды: классификация, значение, использование. Л., 1978.
- 4) Human, B. C., S. C. Lewis, S. Tang, and Z. Wu. Rampant gene rearrangement and haplotype hypervariation among nematode mitochondrial genomes // *Genetica*. 2011. 139:611-615.
- 5) Kern E. M. A., Taeho Kim and Park J. The Mitochondrial Genome in Nematode Phylogenetics // *Frontiers in Ecology and Evolution*. 2020.

- 6) Tang S. Comparative mitochondrial genomics of the Nematoda: The family Mermithidae represents rapid enoplean mitochondrial DNA evolution. Dissertation, University of California-Riverside, 2006.

### Иллюстрации



**Рис. 1.** Филограмма, построенная на основе мультигенного анализа 12 генов, GTR+I+G. Проценты bootstrap/Байесовы апостериорные вероятности. Топология деревьев на основании ML-анализа. Значения bootstrap ниже 70% и апостериорной вероятности ниже 0,7 не отражены.