

Уточнение таксона и морфологическое разнообразие байкальских амфипод *Eulimnogammarus verrucosus oligacantus*

Золотовская Е.Д.¹, Саранчина А.Е.², Дроздова П.Б.³

1 - Иркутский государственный университет, Биолого-почвенный факультет, Иркутск, Россия, E-mail: zolotovskayaelenad@gmail.com; 2 - Иркутский государственный университет, Биолого-почвенный факультет, Иркутск, Россия, E-mail: alexandra147801@gmail.com; 3 - Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет, Санкт-Петербург, Россия, E-mail: drozdovapb@gmail.com

Амфиподы озера Байкал отличаются впечатляющим таксономическим разнообразием (более 350 видов и подвидов). *Eulimnogammarus verrucosus* - типичный обитатель литорали, широко распространенный в Байкале. Было показано разделение вида на три морфы (западная восточная и южная) [3]. Также, выделяют одну из вариаций *E. verrucosus* - *E. verrucosus oligacantus*. А. Я. Базикалова [2] и В. В. Тахтеев [1] определяют эту вариацию по морфологии как подвид, а Р. Вьяноля и Р. М. Камалтынов выделяют *E. verrucosus oligacantus* в отдельный вид по данным аллозимного анализа [1]. Секвенирование маркерных генов позволяет уточнить таксономию данных амфипод.

Целью работы было уточнение таксона и изучение разнообразия байкальских амфипод *E. verrucosus oligacantus* по маркерным генам первой субъединицы цитохром с-оксидазы (COI) и рРНК малой субъединицы рибосомы (18S).

Пробы отбирали на южном и западном побережье Байкала: с. Посольское (4 животных); д. Курма и м. Уюга (2 и 3 животных, соответственно). Для амплификации маркерных генов использовали известные последовательности праймеров [3]. Гены COI и 18S секвенировали по методу Сэнгера, данные анализировали в программах Ugene [4] и SplitsTree5 [5].

В качестве референса использовали последовательности генов COI и 18S *E. verrucosus*. Для внешней группы по COI были выбраны виды *E. vittatus*, *Macropereiopis parvus*, по 18S - *M. wagneri*, *G. salinus*, *Parapallasea lagowski*, *Brandtia lata*. Также были включены последовательности *E. verrucosus* из трех байкальских клад и из реки Ангара. Для сети COI были добавлены последовательности *E. verrucosus oligacantus*, отловленных на берегу Байкала близ м. Покойники и с. Ключевка.

В результате анализа сети 18S было показано, что представители *E. verrucosus oligacantus* выделяются в отдельную кладу, внутри которой южные (с. Посольское) животные, обособлены от западных (Курма и Уюга). Для сети COI результаты схожи, при этом животные с м. Покойники попадают в западную группу, из с. Ключевка - в южную.

Это разделение можно объяснить географическим положением мест отлова. Д. Курма, м. Уюга и м. Покойники расположены вдоль западного побережья озера, а с. Ключевка находится относительно недалеко от с. Посольское и располагается на южном берегу. Животные отловленные из Ангары также попадают в западную группу кладу *E. verrucosus oligacantus*.

Источники и литература

- 1) Тахтеев В. В. Очерки о бокоплавах озера Байкал: Систематика, сравнительная экология, эволюция. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования Иркутский государственный университет, 2000.
- 2) Bazikalova A. Y. et al. Amphipods of lake Baikal // Proceedings of Baikal Limnological Station. – 1945. – V. 11. – P. 1-440.

- 3) Gurkov A. et al. Indication of ongoing amphipod speciation in Lake Baikal by genetic structures within endemic species // BMC evolutionary biology. – 2019. – V. 19. – №. 138.
- 4) <http://ugene.net>
- 5) <https://uni-tuebingen.de>

Иллюстрации

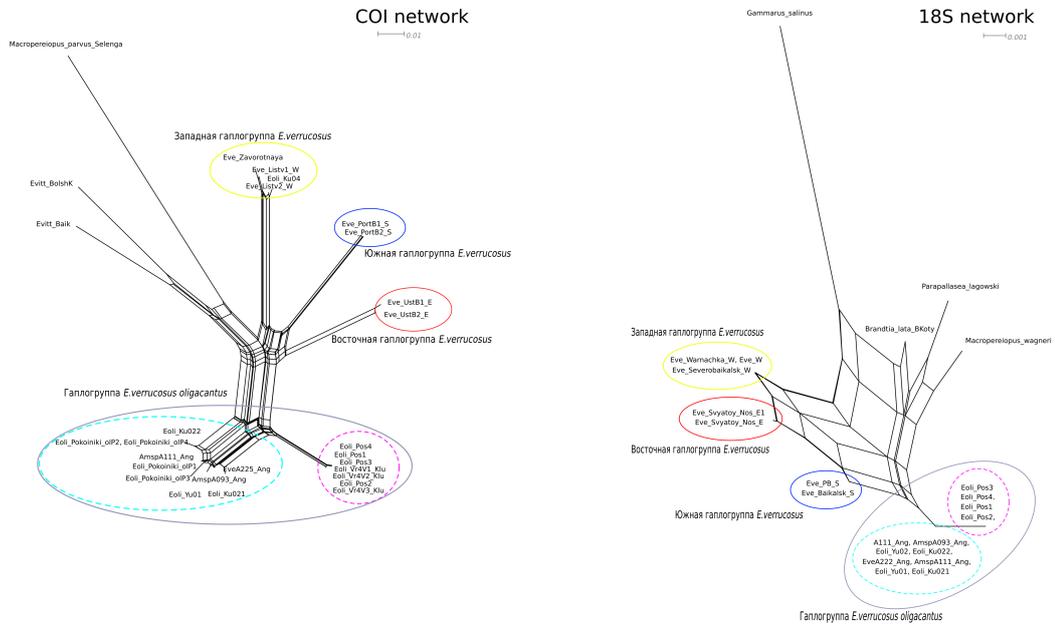


Рис. : Филогенетические сети по маркерным генам COI и 18S