

1. Формулировка результата

Предложен подход, базирующийся на специальной программной функции (Barcoding Index Number, BIN), получения кластеров по молекулярным маркерам (ММ) и их сравнения с традиционной классификацией. Используя BIN и массив международной базы данных BOLD (www.boldsystems.org) удалось осуществить идентификацию таксонов рыб трех рангов (вид, род и семейство) и проделать статистическую оценку состоятельности идентификации. По большому массиву данных обнаружено, что ошибки идентификации по ММ не превышают 20%, а возможная ретикуляция генных деревьев достигает не более 16%. На основе полученных данных и материалов о связи молекулярной эволюции с иерархией таксонов в мире животных в целом обосновывается соответствие современных молекулярных данных и существующих общебиологических и эволюционных парадигм, Нео-Дарвинизма и биологической концепции вида (Картавец Ю.Ф., ННЦМБ ДВО РАН).

2. Иллюстрационные материалы

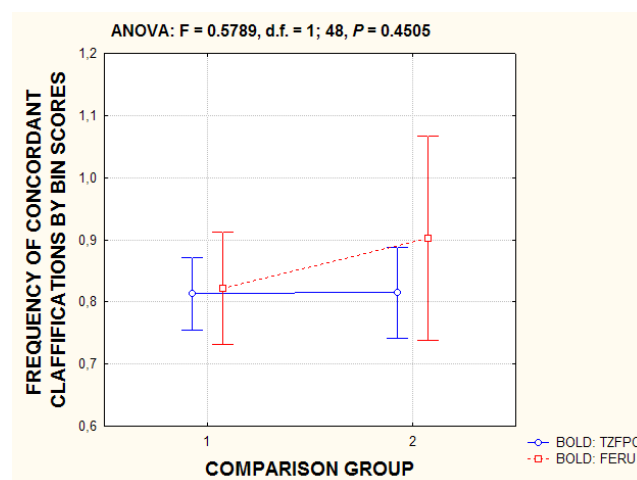


Рис. 1. Двухфакторный дисперсионный анализ распределения средних значений BIN в двух исследованиях рыб, суммированных по базе данных BOLD.

Средние значения для BIN показывают согласованные классификации (%), Y-ось) по молекулярному маркеру Co-1 мтДНК видов/образцов и его согласованность с независимым диагнозом по традиционным признакам, представленным в BOLD. Группы сравнения (Comparison group, X-ось) представлены двумя категориями: отдельные виды (1) и самостоятельные роды (2). Значения согласованной классификации (concordant classifications) не различаются в двух сопоставленных группах (1 и 2). Они также не отличаются между оценками в двух исследованиях (Steinke et al., 2009, TZFPC; Tiganov et al., 2014, FERU), которые представили 1219 и 285, а также 199 и 64 проанализированных образцов и видов в двух цитированных работах. Суммарная согласованность классификаций на основе оценок BIN составила более 82% (см. точки с доверительными интервалами на графике); соответственно величина ошибочных классификаций составляет менее 18%.

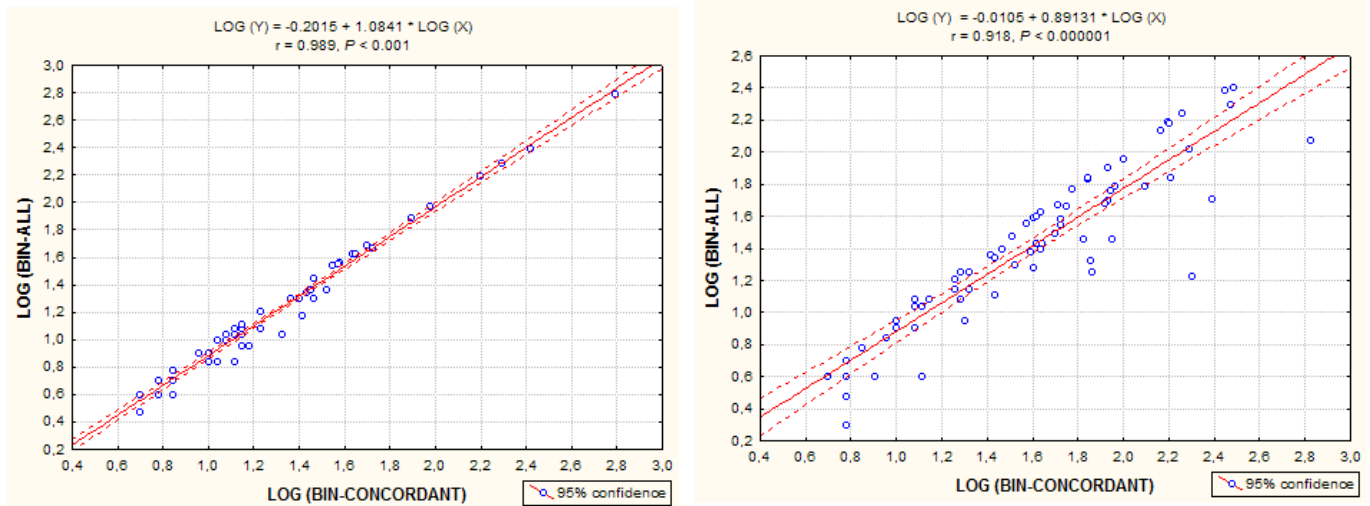


Рис. 2. Регрессионный анализ распределения значений BIN, размещенных в базе данных BOLD для трех проектов исследования рыб, FERU/TZFPC и SCFAA (По Kartavtsev, 2017).

Значения по Y-оси, LOG (BIN-ALL) (переменная, представляющая значения зоологически определяемых образцов для трех категорий, обозначенных в BOLD: внутри видов, внутри родов и внутри семейств) в сопоставлении со значениями по X-оси, LOG (BIN-CONCORDANT) (Согласующиеся OTU-кластеры для Co-1 мтДНК ДНК-штрихкодов или образцов последовательностей для тех же трех выше описанных категорий). Изменчивость показывает статистически значимую положительную линейную зависимость двух переменных X и Y для проанализированных проектов FERU/TZFPC (слева) и SCFAA project (справа; McCusker et al. 2012). Суммарная ковариация двух переменных на основе значений BIN в проектах составила: $R^2 = 98\%$ и $R^2 = 84\%$, соответственно для двух графиков. Подробности представлены в статье (Kartavtsev, 2017; Supplement, DATA1, DATA2, DATA3 spreadsheets).

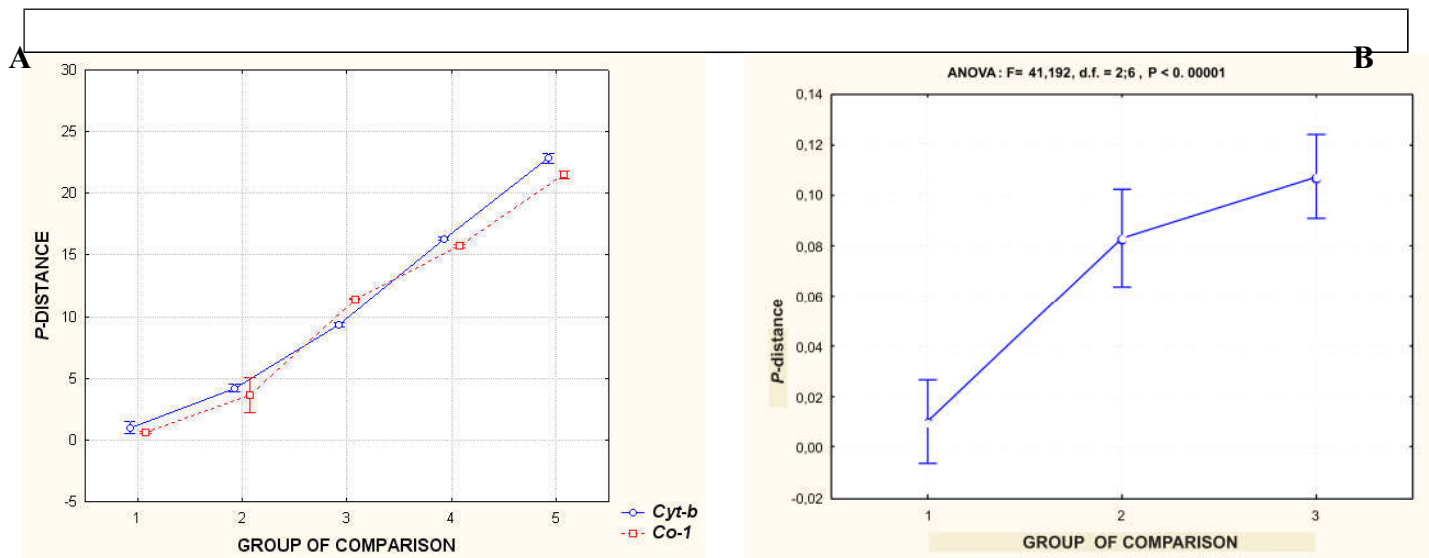


Рис. 3. Распределение p-расстояний в таксонах животных.

График (А) слева демонстрирует изменчивость средних значений p-расстояний (P-distance; ось-Y) для последовательностей генов Cyt-b и Co-1 различных таксонов животных в зависимости от ранга групп, в двухфакторном дисперсионном комплексе. Группа сравнения (Group of Comparison): 1 – внутри видов, между особями одного вида, 2 – внутри подвидов, полувидов и близнецовых видов, между особями этих таксонов, 3 – внутри рода, между морфологически различающимися видами одного рода, 4 – внутри семейства, между видами различных родов одного семейства, 5 – внутри отряда, между видами различных семейств одного отряда. На график отражена изменчивость групп сравнения без взвешивания рас-

стояний на число видов (*n*). Проиллюстрирован эффект взаимодействия, то есть, различия величин расстояний для двух генов в пяти группах сравнения: $F = 101.05$, $d.f. = 4$, 22227, $P < 0.0001$. Вертикальные линии – доверительные интервалы (95%) для средних значений. На графике (**В**) справа показана изменчивость 3 групп сравнения для митогенома, включающего 13 белок-кодирующих генов у ельцовых рыб (Kartavtsev et al., 2017). Для ельцовых рыб включены 3 группы сравнения (Group of Comparison): (1) внутри вида, (2) внутри рода, (3) внутри подсемейства.

4. Ссылки

1. Kartavtsev Y. Barcode index number, taxonomic rank and modes of speciation -- examples from fish. MITOCHONDRIAL DNA PART A, 2017. E-publ. DOI: 10.1080/24701394.2017.1315570; WoS 2016 IF = 3.35.
2. Kartavtsev Yu. Ph., Batishcheva N.M., Bogutskaya N.G., Katugina A.O., Hanzawa N. Molecular Systematics Research, DNA Barcoding of Altai Osmans, *Oreoleuciscus* (Pisces, Cyprinidae, Leuciscinae), and Nearest Relatives, Inferred from Sequences of Cytochrome *b* (*Cyt-b*), Cytochrome Oxidase *c* (*Co-I*), and Complete Mitochondrial Genome // MITOCHONDRIAL DNA PART A, 2017. V. 28. P.502-517. WoS 2016 IF = 3.35.

Материалы рекомендуется представить в следующие советы:

[Научный совет по гидробиологии и ихтиологии.](#)

[Научный совет по генетике и селекции.](#)

Научный совет по молекулярной биологии и генетике.

[Научный совет по эволюционной биологии.](#)

[Научный совет по изучению, охране и рациональному использованию животного мира.](#)

[Научный совет по математической биологии и биоинформатике.](#)

[Научный совет по палеобиологии и эволюции органического мира.](#)

VI Биологические науки

50. Биология развития и эволюция живых систем; 52. Биологическое разнообразие; 53. Общая генетика

Достижение одобрено для представления УС ННЦМБ на объединенном Семинаре по популяционной биологии и генетике ННЦМБ и межинститутского семинара Владивостокского общественного фонда развития генетики 28.10.2016.