

ИТОГИ И ПЕРСПЕКТИВЫ ИССЛЕДОВАНИЙ ПО ПРОБЛЕМАТИКЕ ДНК-ШТРИХИРОВАНИЯ

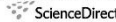
В РОССИИ
Картавец Ю.Ф.

Лаборатория молекулярной систематики (ЛМС)
ННЦМБ ДВО РАН, RUS-BOL 2018

Genetics - Research and Issues Series



Available online at www.sciencedirect.com



0969-5938 (2018) 12



GENETIC DIVERSITY

Conner L. Mahoney
Douglas A. Springer
Editors

Complete mitochondrial genome of the bullhead torrent *obesus* (Siluriformes, Amblycipitidae): The cyt b and phylogenetic considerations inferred from the *Cyt b* and Yuri P. Kartavtsev^{a,b}, Sang Oun Jang^c, Young Mi Lee^c, Hwa Kim Bye^c

^aDepartment of Chemistry, and the National Research Park of Marine Molecular and Bioinformatics, College of Natural Sciences, Pukyong National University, Busan 49501, South Korea; ^bDepartment of Marine Biology, Dalhousie University, Halifax, NS B3H 4R2, Canada; ^cDepartment of Biology, Seoul National University, Seoul 151-747, South Korea

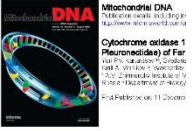
Abstract

Mitochondrial DNA (mtDNA) from the bullhead torrent catfish, *Zingonema obesus*, was isolated by the PCR with universal primers and was fully sequenced by using walking using flanking sequences. The ca. 16,231 bp mtDNA and contained 13 protein-coding genes, 2 rRNA genes, 22 tRNA genes, and 1 control region. Analysis of the mtDNA revealed that the mtDNA genome of *Z. obesus* is highly similar to that of other species in the order Siluriformes. The complete mitochondrial genome of *Z. obesus* was compared with those of other species in the order Siluriformes. The results of the phylogenetic analysis showed that *Z. obesus* is closely related to *Z. longicauda* and *Z. longicauda* is closely related to *Z. longicauda*. The phylogenetic analysis showed that *Z. obesus* is closely related to *Z. longicauda* and *Z. longicauda* is closely related to *Z. longicauda*. The phylogenetic analysis showed that *Z. obesus* is closely related to *Z. longicauda* and *Z. longicauda* is closely related to *Z. longicauda*.

1. Introduction

Mitochondrial DNA (mtDNA) is a circular, double-stranded DNA molecule that is inherited maternally. It is used for phylogenetic analysis and population genetics. The complete mitochondrial genome of *Z. obesus* was sequenced and compared with those of other species in the order Siluriformes. The results of the phylogenetic analysis showed that *Z. obesus* is closely related to *Z. longicauda* and *Z. longicauda* is closely related to *Z. longicauda*.

This article was downloaded by [Kartavtsev, Yuri Ph] on 11 December 2008
Access details: Access Details: (subscription number 37414) Member's Direct, London W1T 3JH, UK



To see this Article for free, visit: <http://www.tandfonline.com>
DOI: 10.1080/10762680802527598

Sequence Diversity at Cytochrome Oxidase 1 (Co-1) Gene among Sculpins (Scorpaeniformes, Cottidae) and some other Scorpaenid fish from the Far East with Phylogenetic and Taxonomic Insights

Yuri Ph. Kartavtsev^{a,b}, Svetlana N. Sharma^a, Tadatsuke Goto^c, Andrey A. Balanov^d and Naoaki Hatawara^e

^aV.I. Il'ichevsky Institute of Marine Biology, Vladivostok 690001, Russia; ^bDepartment of Biology, Faculty of Biology, Tomsk State University, Tomsk 634050, Russia; ^cThe Japanese Institute, Yokohama 2200005, Japan; ^dDepartment of Biology, Tomsk State University, Tomsk 634050, Russia; ^eDepartment of Biology, Tomsk State University, Tomsk 634050, Russia

ABSTRACT

Mitochondrial DNA (mtDNA) from the Far East of Russia and compared with 11 other species of Scorpaeniformes comprising altogether 20 scorpaenid fish species and two outgroup sequences (Zyrrhiformes). The analysis of the protein coding *Co-1* gene revealed statistically substantiated data in the Far East of Russia and compared with 11 other species of Scorpaeniformes comprising altogether 20 scorpaenid fish species and two outgroup sequences (Zyrrhiformes). The analysis of the protein coding *Co-1* gene revealed statistically substantiated data in the Far East of Russia and compared with 11 other species of Scorpaeniformes comprising altogether 20 scorpaenid fish species and two outgroup sequences (Zyrrhiformes). The analysis of the protein coding *Co-1* gene revealed statistically substantiated data in the Far East of Russia and compared with 11 other species of Scorpaeniformes comprising altogether 20 scorpaenid fish species and two outgroup sequences (Zyrrhiformes).

Key words: molecular phylogeny, sequence, polymorphisms, *Co-1* taxonomy, mtDNA

Molecular Evolution and Population Genetics for Marine Biologists



Yuri Ph. Kartavtsev
Edited by M.S. Johnson



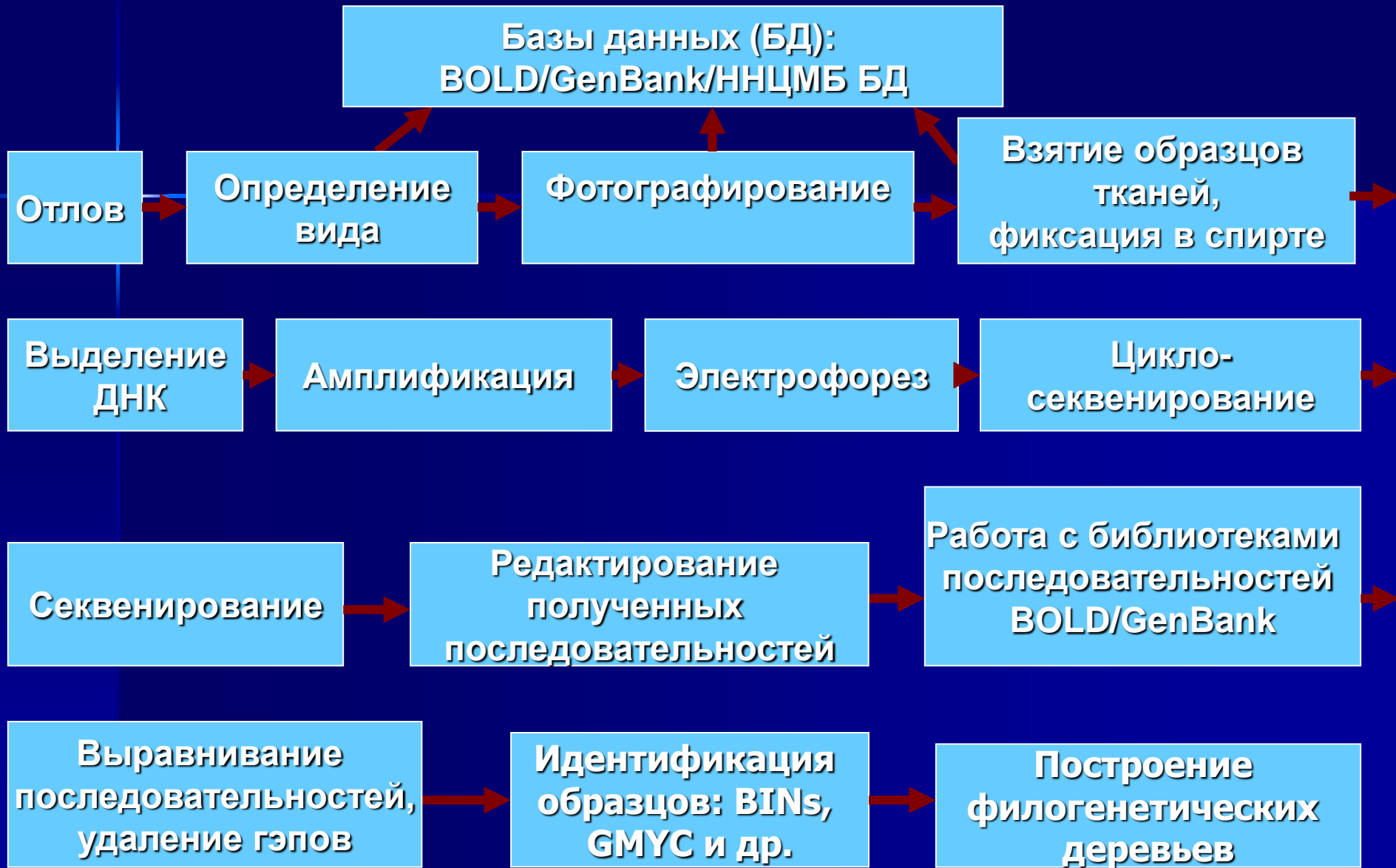
Genetic Diversity
Mahoney
Springer

ОСНОВНЫЕ ВОПРОСЫ:

- 1. Молекулярная филогенетика и ДНК-штрихкодирование видов (iBOL/RUS-BOL) как основа современного подхода в описании биоразнообразия.**
- 2. О состоянии дел и о VII конференции iBOL (Skukuza, South Africa).**

1. Молекулярная филогенетика и ДНК-штрихкодирование видов как основа современного подхода в описании биоразнообразия

Схема работы:



2. О СОСТОЯНИИ ДЕЛ И О VII КОНФЕРЕНЦИИ iVOL (South Africa)

Важнейшие результаты в 2016-2018 гг.

В рамках глобального проекта по описанию биоразнообразия (www.ibol.org), при поддержке РФФИ+РНФ и с использованием молекулярных маркеров (ММ) генов и методологии ДНК-штрихкодирования впервые получены оригинальные данные о систематике, распространении и механизмах видообразования нескольких таксонов рыб и беспозвоночных животных дальневосточных морей России совместно с пополнением мировых и собственных баз данных, способствующих более качественной работе систематиков, музейных работников и представителей рыбной промышленности. С помощью ММ доказано наличие фальсификаций рыбной продукции, представленной в торговой сети.

Публикации: Более 20 статей по этой и близкой тематике.

Картавец Ю.Ф., Туранов С.В., Чичвархин А.Ю., Золотова А.О., Чичвархина О.В., Звягинцев А.Ю. и др. ШЕН, ННЦМБ ДВО РАН; совместно с МГУ им. М.В. Ломоносова, Екимова И.А. и ТИНРО-центром, Катугин О.Н.

Kartavtsev Yu. Ph., Batishcheva N.M., Bogutskaya N.G., Katugina A.O., Hanzawa N. Molecular Systematics Research, ...// MITOCHONDRIAL DNA PART A, 2016. E-publication.

<http://dx.doi.org/10.3109/24701394.2016.1149822>.

Turanov S.V., Kartavtsev Yu. Ph., Lee Y.-H., Jeong D. Molecular-phylogenetic reconstruction and taxonomic investigation of eelpouts (Cottoidei: Zoarcales) based on *Co-1* and *Cyt-b* mitochondrial genes // MITOCHONDRIAL DNA PART A, 2016. E-publication <http://dx.doi.org/10.3109/24701394.2016.1155117>.

ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЕ ВИДОВ И БИОИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ БАЗ ДАННЫХ ПО ИССЛЕДОВАНИЮ БИОРАЗНООБРАЗИЯ РФ (КПФИ12-06-002)

Microsoft Access

Главная | Создание | Внешние данные | Работа с базами данных

Вырезать | Копировать | Вставить | Формат по образцу | Буфер обмена | Фильтр | По возрастанию | По убыванию | Удалить сортировку | Выделение | Дополнительно | Фильтр | Сортировка и фильтр | Создать | Итоги | Сохранить | Орфография | Обновить все | Удалить | Дополнительно | Записи | Найти | Перейти | Выбрать | Найти | По размеру формы | Перейти в другое окно | Форматирование текста

frm_Examles

Ammodytes hexapterus

data: 29.04.2006 genKodCYB:

vauchNum: IMB10А

Identifier: Sokolovskii A.S. genKodCO_1: GTGCTTSASCCGAKGAATGTGTAWAGG
TGTGACWGCNTCTAAGCCTGCTCATCC
TGAGCAGAACTTAGCCAACCCGGCC

Collector: Kartavtsev Y.Ph.

Donor:

geo: Залив Восток

Latitude: 45,5


Longitude: 132,4499969

Elevation:

Descrpt:

file_name:

List photo



Add Photo

Del. photo

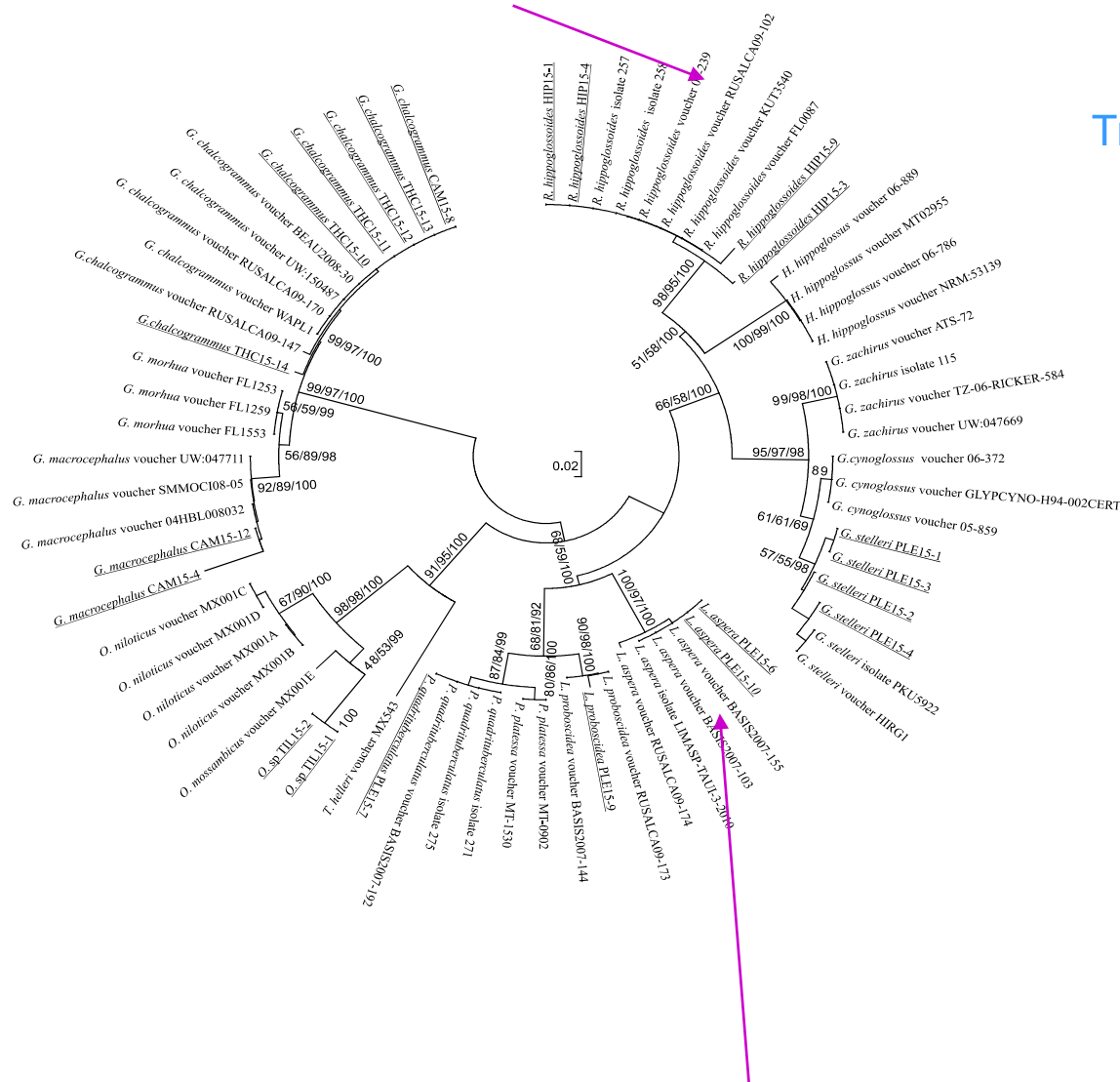
data	geo
15.08.2008	Берингово
15.08.2008	Берингово
29.04.2006	Залив Восток

Запись: 3 из 4 Нет фильтра Поиск

С помощью программных средств для ПК создана проблемно-ориентировочная пополняемая база данных по рыбам и другим организмам для использования ее биологическими музеями РФ. База данных представляет собой информацию, размещенную на ПК, и состоящую из 3-х основных компонентов. В нее внесена информация о 1000 ваучерных экземплярах рыб и других гидробионтов.

ММ И ИДЕНТИФИКАЦИЯ РЫБНЫХ ПРОДУКТОВ

Атлантический палтус



Тихоокеанский палтус

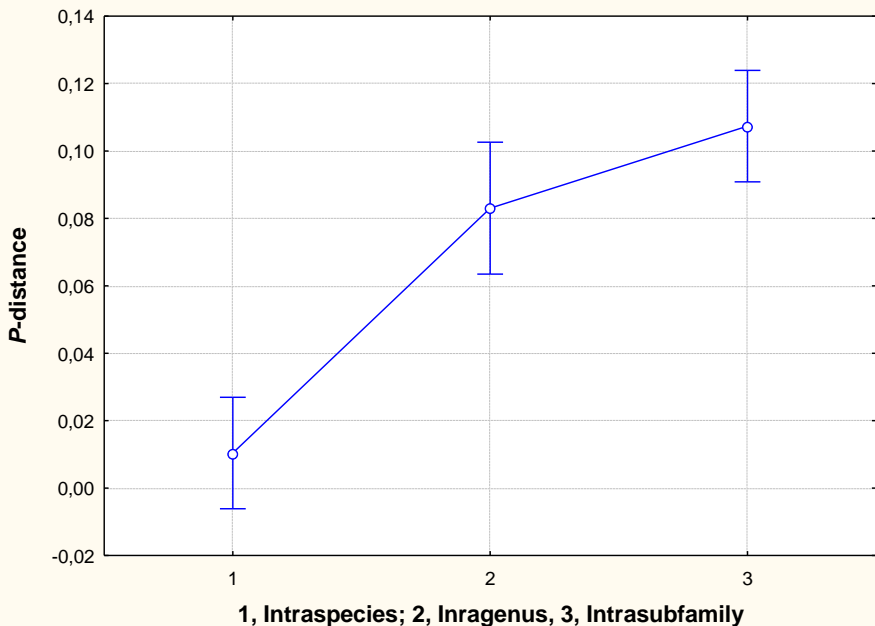
Камбала – одна этикетка. Несколько видов

СРАВНЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РАССТОЯНИЙ

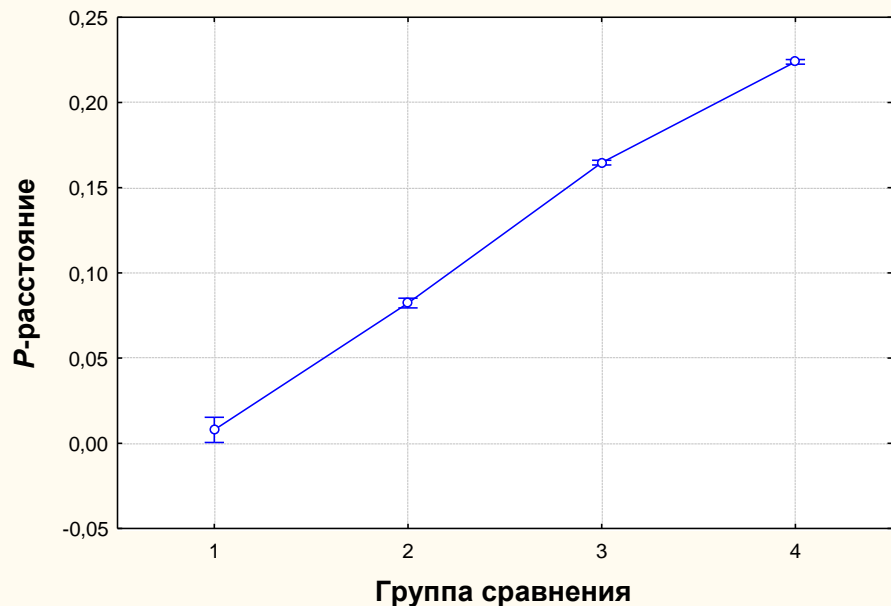
Рис. 2. Изменчивость средних значений P -расстояний (P -distance, ANOVA) по 13 белок-кодирующим генам и полному митохондриальному геному в сравниваемых группах ельцовых рыб (Leuciscinae, Cyprinidae: 1-3; слева) и разных видов рыб (справа: 1-4), показывающие успешность применения ММ и методологии ДНК-штрихкодирования на основе широкого спектра маркеров.

Точки на графиках – арифметические средние P -расстояний (Ось Y; P -distance) для групп сравнения (Ось X): 1. Внутри видов; 2. Внутри родов; 3. Внутри подсемейств-семейств и 4. Внутри отрядов. Статистическая значимость изменчивости показана сверху. Линии в точках средних обозначают доверительные интервалы (95%) (Kartavtsev et al. 2017; Картавец, Редин 2019).

ANOVA: $F = 41,192$, d.f. = 2;6, $P < 0.00001$



Эффект: $F = 3685,2$, d.f. = 3; 7455, $P < 0.0001$
Вертикальные линии - 95% доверительный интервал



СРАВНЕНИЕ ГЕННЫХ ДЕРЕВЬЕВ НА ОСНОВЕ BOLD

Наши и литер. данные: FERU/TZFPС

SCFAA

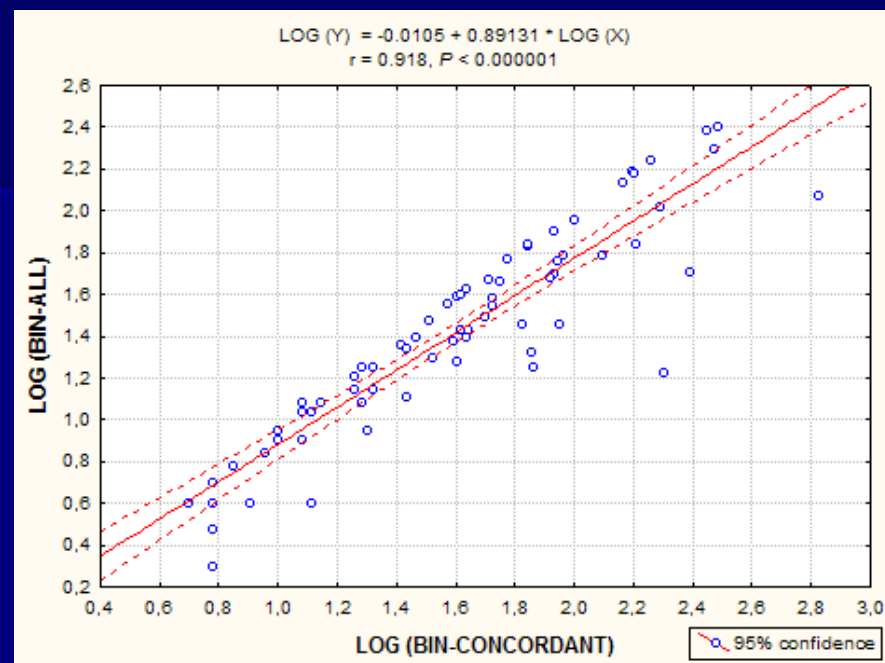
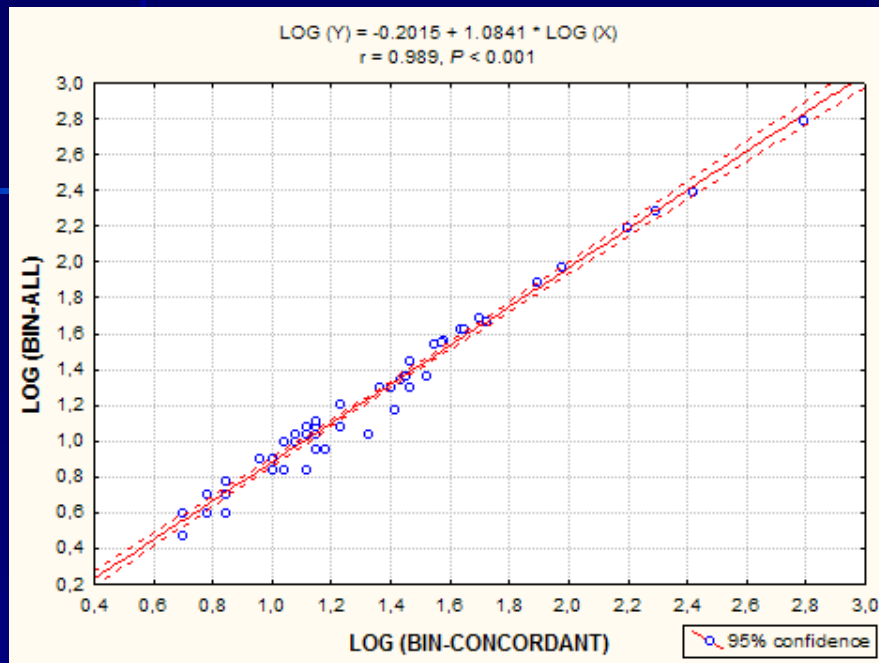


Рис. 3. Регрессионный анализ распределения значений BIN, размещенных в базе данных BOLD для трех проектов исследования рыб, FERU/TZFPС и SCFAA (По Kartavtsev 2018).

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/BIN-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/TZFPС (слева) и SCFAA (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 2018; Supplement, DATA1, DATA2, DATA3 spreadsheets).

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РАССТОЯНИЯ И ВИДООБРАЗОВАНИЕ

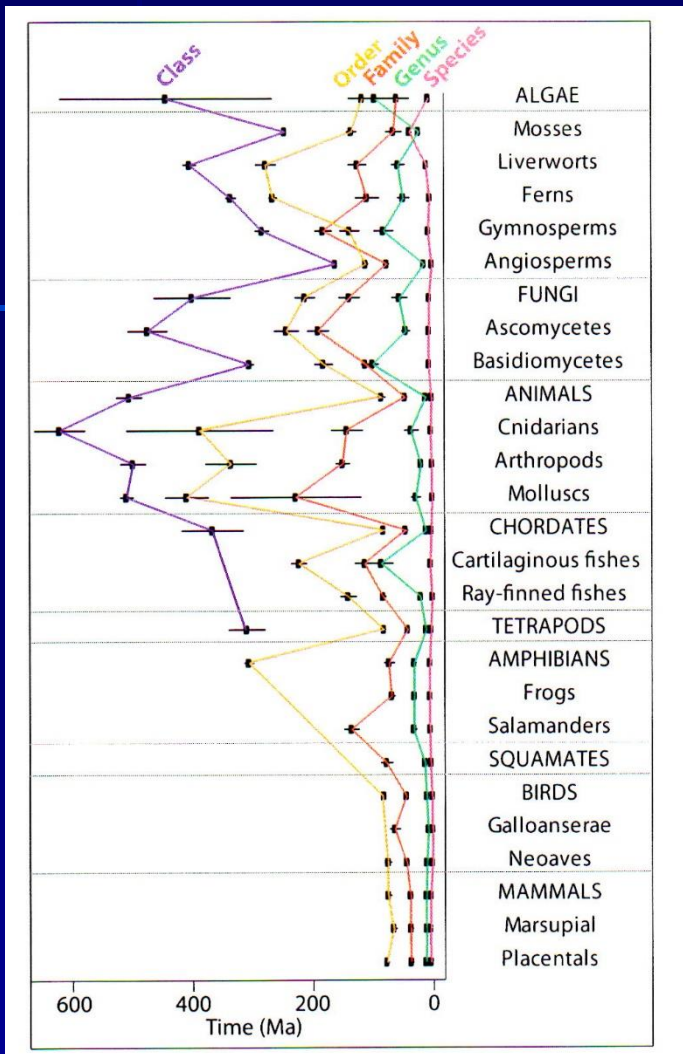


Рис. 4. Временная взаимосвязь рангов таксонов для эукариот, с представлением 95% доверительных интервалов. Масштабирование во временную шкалу на основе последовательностей ММ

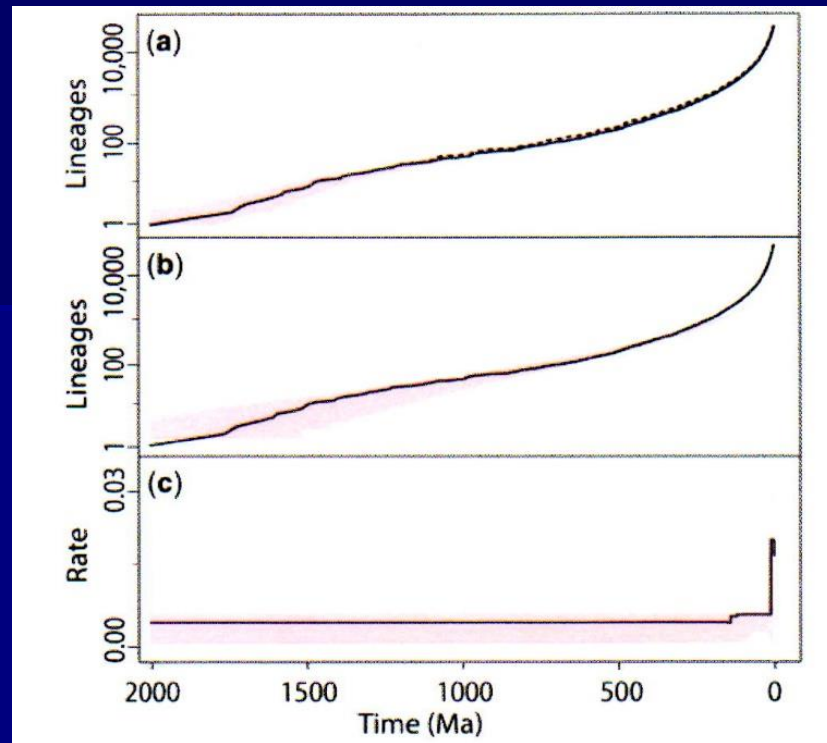
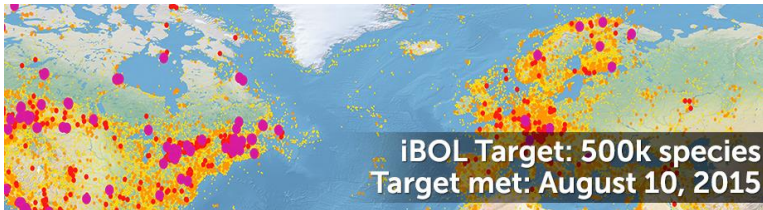


Рис. 5. Паттерны диверсификации филетических линий. (a) Кумулятивная кривая линии-дивергенция-время эукариот (LTT) (50 455 видов). Черным показано число линий во времени (несглаженные - пунктирные, сглаженные - основные) и дисперсии (красный, 500 реплик). (b) Такая же кривая LTT (черная линия), но сопоставленная с модельной кривой постоянной экспансии LTT ((скорости видообразования) = 0.073 и (скорости вымирания) = 0.070) показанная с 99% доверительными интервалами (красный). (c) График скорости диверсификации по тому же набору данных, показывающий только существенные изменения скорости на основе максимально-правдоподобных тестов (красный, 500 реплик) с 99% интервалами (По Hedges et al. 2015).

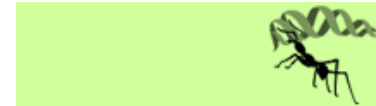
ТЕКУЩИЙ ПРОГРЕС, КАМПАНИИ iBOL и др. (iBOL Current Progress, Campaigns etc.)

Число видов: > 500 000 (животных: 279 679)
Число последовательностей: 6 016 392 (8 452 436)
Штрихкодов: 5 219 015 (6 108 027)

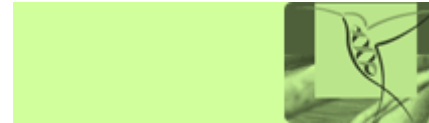


Желтым: данные на 21.06.2018

The [Formicidae Barcode of Life](#) campaign



The [All Birds Barcoding Initiative](#)

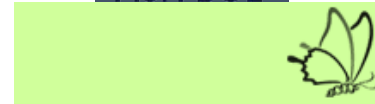


[Trichoptera Barcode of Life](#)

The [Fish Barcode of Life Initiative](#) (FISH-BOL)



The [Lepidoptera Barcode of Life](#) campaign

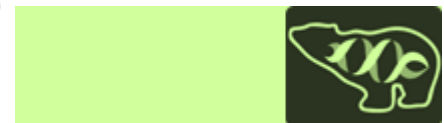


[The Mammal Barcode of Life](#)

The Mosquito Barcoding Initiative

The [Marine Barcode of Life](#) campaign (MarBOL)

The [Polar Barcode of Life campaign](#) etc.



BOLD DataBase: BIN records

Animals: 406436 Public BINs

- [Acanthocephala](#) [58]
- [Annelida](#) [5960]
- [Arthropoda](#) [351782]
- [Brachiopoda](#) [35]
- [Bryozoa](#) [286]
- [Chaetognatha](#) [66]
- [Chordata](#) [28705]
- [Cnidaria](#) [905]
- [Cycliophora](#) [0]
- [Echinodermata](#) [1722]
- [Echiura](#) [15]
- [Gnathostomulida](#) [8]
- [Hemichordata](#) [2]
- [Mollusca](#) [13863]
- [Nematoda](#) [634]
- [Nemertea](#) [242]
- [Onychophora](#) [128]
- [Platyhelminthes](#) [617]
- [Porifera](#) [463]
- [Priapulida](#) [2]
- [Rotifera](#) [681]
- [Sipuncula](#) [108]
- [Tardigrada](#) [153]
- [Xenoturbellida](#) [1]

Other Life: 3108 Public BINs

- [Heterokontophyta](#) [373]
- [Rhodophyta](#) [2735]

iBOL Central Nodes:

- [Canada](#) [72025]
- [China](#) [10754]
- [Europe](#) [45813]
 - [France](#) [6183]
 - [Finland](#) [10951]
 - [Germany](#) [19327]
 - [Netherlands](#) [1409]
 - [Portugal](#) [1370]
 - [Spain](#) [4156]
 - [United Kingdom](#) [2417]
- [United States](#) [48417]

iBOL Regional Nodes:

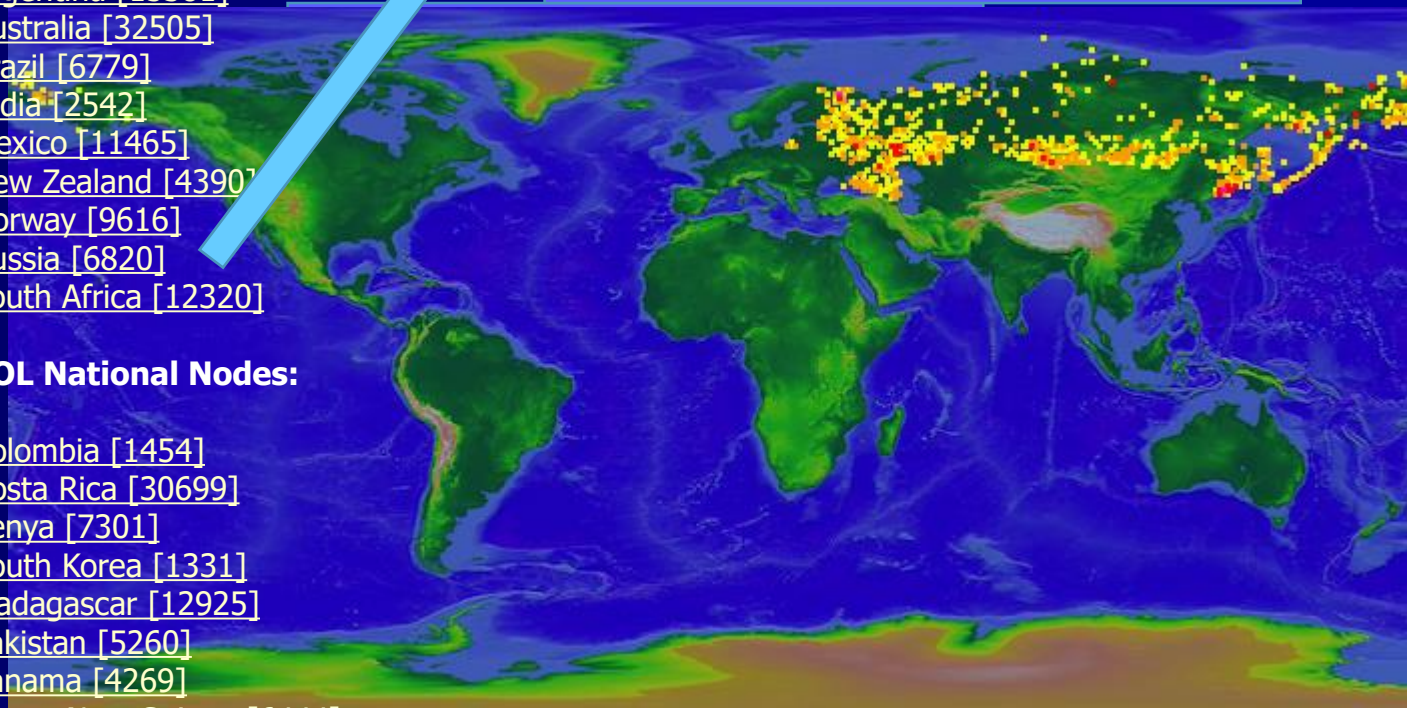
- [Argentina](#) [15381]
- [Australia](#) [32505]
- [Brazil](#) [6779]
- [India](#) [2542]
- [Mexico](#) [11465]
- [New Zealand](#) [4390]
- [Norway](#) [9616]
- [Russia](#) [6820]
- [South Africa](#) [12320]

iBOL National Nodes:

- [Colombia](#) [1454]
- [Costa Rica](#) [30699]
- [Kenya](#) [7301]
- [South Korea](#) [1331]
- [Madagascar](#) [12925]
- [Pakistan](#) [5260]
- [Panama](#) [4269]

Изучено 30634 (**32177**) образцов, формирующих 6820 (**7097**) кластеров (виды и др. таксоны),
ННЦМБ+ДВФУ → 1000.

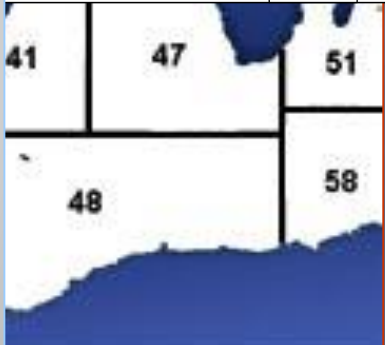
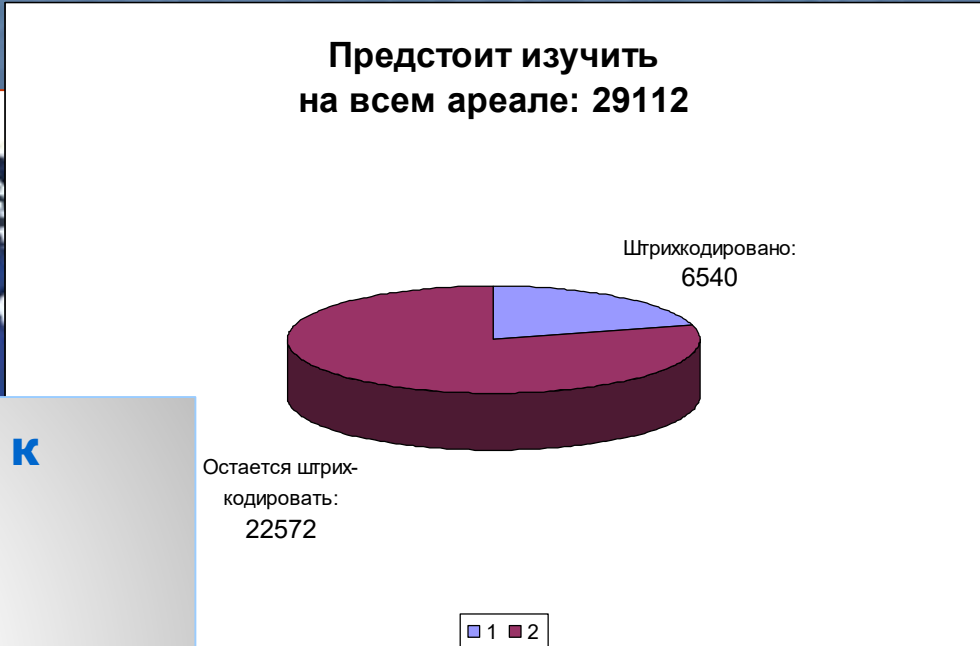
Образцы отнесены к 3448 (**4438**) видам. РФ по этой тематике осуществляет сотрудничество с США, Канадой, Японией, республикой Корея и другими странами.



МЕЖДУНАРОДНЫЙ ПРОЕКТ ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЯ ВИДОВ ЖИВЫХ ОРГАНИЗМОВ



Co-Chair: C. Oliveira, M. Vardes
Coordinator: R. Hanner



О VII конференции iBOL (Skukuza, South Africa) и другие активности



1. Международная конференция *iBOL-2017* (Скукуза, ЮАР). *RUS-BOL* - 4 участника.
2. Международная конференция: Научно-технологические разработки в области изучения и мониторинга морских биологических ресурсов. Scientific and Technological Developments of Research and Monitoring of Marine Biological Resources (Владивосток, РФ).
3. Международный симпозиум *MAPEEG-2017* (Владивосток, РФ).
4. Международная конференция *GSA-2018* (Мэдисон, Висконсин, США).
5. Международная конференция *MolPhy-2018* (Москва, РФ).
6. Международный ихтиологический конгресс *HedromediT-2018* (Волос, Греция).

INTERNATIONAL SYMPOSIUM

MAPEEG-2017

PROGRAM &
ABSTRACTS

MAPEEG-2015
MAPEEG-2013
MODERN ACHIEVEMENTS IN
POPULATION, EVOLUTIONARY AND
ECOLOGICAL GENETICS

MAPEEG-2011

MAPEEG-2009

Convener: Dr. Yuri Kartavtsev

MAPEEG-2007

MAPEEG-2005

VLADIVOSTOK & VOSTOK MBS

MAPEEG-1998

MAPEEG-1995



<http://www.mapeeg.ru/2017>

ЕЩЕ ОБ УСПЕХАХ. И ГЛАВНОЕ – О ПЛАНАХ

- Важным достижением за прошедший период можно считать публикацию 4 обзорных статей в Успехах современной биологии (№ 6, 2018 и №1 и 3?, 2019). К сожалению, отдельного номера не получилось, но это не главное. Подборка статей по тематике ДНК-штрихкодирования – это очень хорошо для РФ и RUS-BOL!
- Впереди просматриваются новые НИР в соответствии с планами iBOL/RUS-BOL и использованием средовой ДНК и НГС.

Планы (предлагаем и обсуждаем):

1. Надо получать целевую финансируемую федеральную программу по биоразнообразию.
2. Надо безусловно пролонгировать финансирование соответствующих тематик РФФИ-офи (+РНФ) по оценке разнообразия живых организмов:
 - 1) ДНК-штрихкодирование, как основа программы молекулярно-генетического и биоинформационного описания биологического разнообразия живых организмов России. Генетическая паспортизация особо ценных популяций и видов;
 - 2) Мониторинг пищевой продукции производителей и торговых сетей РФ на основе молекулярных маркеров;
 - 3) Новые методы описания биологического разнообразия: биобанкинг, средовые ДНК, транскриптомный анализ и другие подходы.



Российский
научный
фонд



РФФИ

РОССИЙСКИЙ ФОНД
ФУНДАМЕНТАЛЬНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ



*THANKS FOR
ATTENING!*
*СПАСИБО ЗА
ВНИМАНИЕ!*



Российский
научный
фонд



РФФИ

РОССИЙСКИЙ ФОНД
ФУНДАМЕНТАЛЬНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ

<http://wwwimb.dvo.ru/misc/mapeeg/index.php/ru/>

<http://vestiprim.ru/news/ptrnews/74120-otlichat-doroguyu-rybu-ot-deshevoy-uchenye-predlagayut-s-pomoschyu-genetiki.html>

<http://wwwimb.dvo.ru/misc/barcoding/index.htm>



Российский
научный
фонд

