

Генетическое разнообразие и филогеография тушканчиков рода *Stylodipus*

Научный руководитель – Банникова Анна Андреевна

Мирзоян Даниил Артурович

Студент (бакалавр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра зоологии позвоночных, Москва, Россия

E-mail: mirzoyan.danya@inbox.ru

Работа посвящена изучению генетического разнообразия представителей рода *Stylodipus*, установлению филогенетических отношений между морфологически распознаваемыми видами внутри рода методами молекулярной генетики и выяснению филогеографической структуры каждого из видов. Благодаря работам по филогеографии представителей родственных родов, обитающих в аридных сообществах [2], предположили, что таксономическая структура рода *Stylodipus* может оказаться сложнее, чем было выявлено методами морфологии.

Задачи работы включают получение данных по внутривидовой и географической изменчивости по гену *cytb*, проведение филогеографического анализа видов, соотнесение результатов географического распределения генетической и морфологической изменчивости, тестирование полученной митохондриальной филогении и филогеографической структуры емуранчиков данными по изменчивости ядерных генов *IRBP* и *BRCR1*.

Материалом послужили образцы, полученные из 69 особей емуранчиков *S. telum* (n = 26), *S. andrewsi* (n = 24) и *S. sungorus* (n = 18), отобранных из 20 локалитетов. Экстракцию ДНК проводили фенол-хлороформным методом. Полученные образцы ДНК амплифицировали с праймерами H6-rev/L7-fw гена *cytb* и в дальнейшем секвенировали. Полученные методом секвенирования по Сэнгеру данные подвергали анализу. Для сборки и выравнивания последовательностей были использованы программы Bioedit version 7.2.5 и DNASTar Lasergene SeqMan Pro v. 7.1.0. Филогенетический анализ выполнен методом maximum likelihood в программе IQTREE v.1.6, а также Neighbor-Joining в программе IQTREE. Генетические р-дистанции рассчитаны в программе MEGA v.6.0

Результаты филогенетического анализа полной последовательности *cytb* подтвердили существование двух давно разошедшихся клад, первая из них - *S. andrewsi*, а вторая объединяет *S. telum* и *S. sungorus*. Популяция *S. telum* котловины о. Зайсан занимает обособленное положение в роде *Stylodipus*. Помимо зайсанской группировки, обозначаются еще две филогруппы *S. telum* из западной и восточной частей ареала. На основании современной генетической концепции вида [1] эти данные дают основания полагать что *S. telum*, на самом деле, представляет из себя видовой комплекс, включающий несколько таксонов потенциально видового ранга. Видовая структура *S. andrewsi* включает две клады. Для проверки этих гипотез необходимы данные по ядерным генам, результаты по которым в настоящее время обрабатываются.

Источники и литература

- 1) Bradley R. D., Baker R.J. A Test of the Genetic Species Concept: Cytochrome-b Sequences and Mammals // Journal of Mammalogy. 2001. V. 82 (4) P.960- 973.
- 2) Lebedev V.S., Bannikova A.A., Lu L., Snytnikov E.A., Yansanjav A., Solovieva E.A., Abramov A.V., Surov A.V., Shenbrot G.I. Phylogeographic study reveals high genetic diversity in a widespread desert rodent *Dipus sagitta* Pallas, 1773 (Dipodidae, Rodentia) // Biological Journal of the Linnean Society. 2018. V. 123 (2). P. 445-462.