

# ФИЛОГЕНИЯ АСТИНИАРИА (CNIDARIA: ANTHOZOA): ПОДХОДЫ И СЛОЖНОСТИ

Е.С. Бочарова

Институт биологии развития имени Н.К. Кольцова (ИБР РАН), г. Москва

[bocharova.ekaterina@gmail.com](mailto:bocharova.ekaterina@gmail.com)

## ПОДХОДЫ В СИСТЕМАТИКЕ АСТИНИАРИА:

- 1) Морфо-анатомические признаки (состав книдома, внешнее и внутреннее строение тела)
- 2) Особенности биологии (экология, питание, передвижение, размножение и развитие)
- 3) Генетические и геномные методы (митохондриальная ДНК, ядерная ДНК, однонуклеотидные полиморфизмы и тандемные повторы, фрагментный анализ, полногеномное исследование)

## ОСНОВНЫЕ ОГРАНИЧЕНИЯ В ИСПОЛЬЗОВАНИИ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ ПОДХОДОВ ДЛЯ АСТИНИАРИА:

- 1) Медленно эволюционирующая митохондриальная ДНК (идентична у некоторых близких видов и родов) и слишком короткие фрагменты для анализа
- 2) Разные алгоритмы выдают различную топологию филогенетических деревьев (одни те же виды попадают в разные клады), слабая поддержка ветвей
- 3) Чувствительность метода к качеству ДНК и лабораторным условиям (различия в условиях реакций и платформ секвенирования приводят к несопоставимым данным)
- 4) Метод выдает огромное количество маркеров, не позволяющих отличить популяции одного вида от популяций близкородственных видов
- 5) Большое количество данных (или образцов) выпадает из анализа
- 6) Метод трудоемкий и дорогой

## ПРЕИМУЩЕСТВА СЕКВЕНИРОВАНИЯ НА ОСНОВЕ ЗАХВАТА ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ДЛЯ ФИЛОГЕНИИ АСТИНИАРИА:

- 1) Охват полных последовательностей генов по всему геному
- 2) Географические районы и таксономические группы определяются четко с высокой степенью поддержки
- 3) Использование ДНК образцов из музейных коллекций и повторяемость протоколов в разных лабораторных условиях
- 4) Охват однонуклеотидных полиморфизмов всего генома, подходящих для филогении
- 5) Фильтрация при анализе позволяет сохранить максимальное число данных и образцов
- 6) Метод не сложный, но довольно дорогой

## ОСНОВНЫЕ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МЕТОДЫ, ПРИМЕНЯЕМЫЕ ДЛЯ ПОСТРОЕНИЯ ФИЛОГЕНИИ АСТИНИАРИА:

- 1) Секвенирование по Сэнгеру трех митохондриальных (12S рРНК, 16S рРНК и СОIII) и двух ядерных (18S рРНК и 28S рРНК) генов (Рис. 1)
- 2) Ассоциированное с сайтами рестрикция ДНК-секвенирование (RADSeq, ddRADSeq) и генотипирование на основе однонуклеотидных полиморфизмов (SNPs)
- 3) Секвенирование полных митогеномов и геномов
- 4) Секвенирование на основе захвата последовательностей (bait capture sequencing)

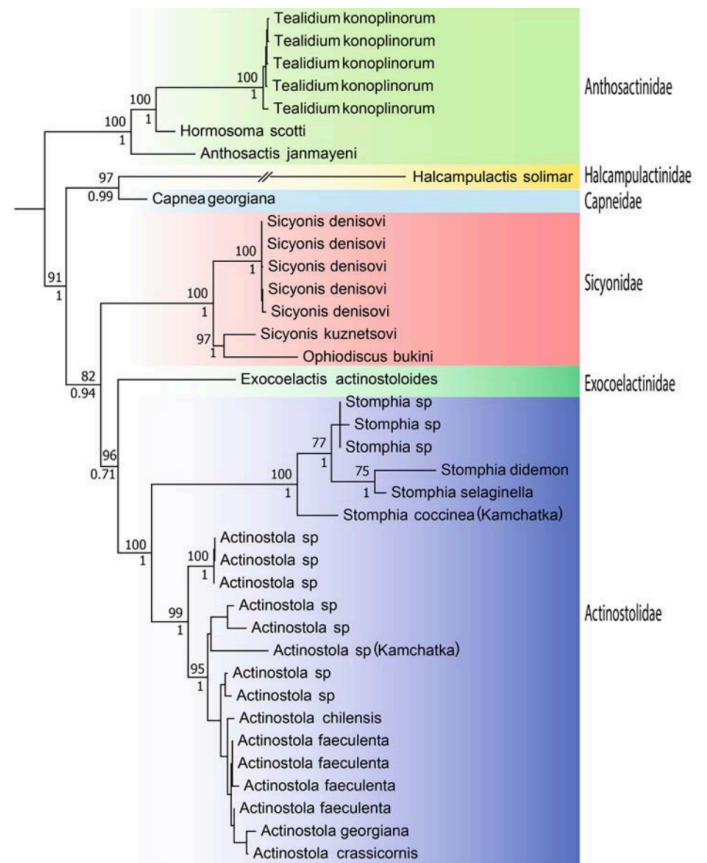


Рис. 1 (по Sanamyan *et al.*, 2021). Филогенетическое дерево, основанное на объединенном наборе сиквенсов 12S + 16S + 18S + 28S + COIII представленное Байесовой вероятностью (BI). Числа над ветвями показывают бутстеп значения для ML дерева; числа под ветвями показывают апостериорные вероятности для BI дерева. Показана только часть дерева с релевантными таксонами.