

О ВОЗМОЖНОСТЯХ И ОГРАНИЧЕНИЯХ мтДНК “ШТРИХ-КОДИРОВАНИЯ” НА ПРИМЕРЕ ПРЕСНОВОДНЫХ РЫБ ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА

С.В. Шедько

Биолого-почвенный институт

Дальневосточного отделения Российской академии наук, Владивосток 690022;

e-mail:shedko@ibss.dvo.ru

Конечной целью проекта “штрих-кодирования” биоты в целом (Barcode Of Life, BOL) и рыб в том числе (проект FISHBOL) является создание электронной системы, позволяющей проводить идентификацию организмов (определение их таксономической принадлежности), исходя из нуклеотидных последовательностей одного из участков мтДНК (гена CO-I). Судя по всему, основным импульсом к развитию данного проекта послужил прогресс в разработках полноцикловых систем автоматического секвенирования и их ожидаемая миниатюризация. Появление в недалеком будущем компактных ДНК-сканеров, оптимизированных под выполнение строго определенных задач (поэтому – дешевых), может принести немалую коммерческую выгоду их производителям, но лишь при условии широкого использования этих приборов, что, собственно, и подразумевается проектом BOL.

Инициаторы и сторонники мтДНК “штрих-кодирования” полагают, что на основе анализа нуклеотидных последовательностей сравнительно небольшого (порядка 660 пн) фрагмента мтДНК может быть получено робастное филогенетическое дерево, топология которого может служить адекватным отражением филогенетических отношений и таксономической структуры носителей данных вариантов мтДНК. Выбор для этих целей именно митохондриальной ДНК обусловлен высокой скоростью ее эволюции, что определяет ее исключительную разрешающую способность, позволяющую зачастую дифференцировать даже варианты мтДНК, обособившиеся сравнительно недавно, к примеру, тысячу или несколько тысяч лет назад. Однако частое несоответствие филогенетических схем на генном (мтДНК) и видовом уровнях ставит под сомнение обоснованность проекта BOL.

Использование мтДНК для решения вопросов филогении, систематики и филогеографии пресноводных рыб Восточной Азии вскрыло множество фактов локальной или обширной интрогрессивной гибридизации и переносов мтДНК от одного вида к другому. Такие случаи обнаружены среди карповых (Cyprinidae), лососевых (Salmonidae), бычковых (Gobiidae), колюшковых (Gasterosteidae), керчаковых (Cottidae) и других групп рыб. Ситуация не является уникальной и свойственной только пресноводной ихтиофауне данного региона. В целом, согласно результатам недавнего обзора (Funk, Omland, 2003), пара- или полифилетические отношения видов, оцененные по результатам анализа мтДНК, выявлены примерно для ¼ из 371 рассмотренных видов рыб. Подавляющее большинство из них является результатом интрогрессивной гибридизации. Поэтому становится заведомо ясным, что даже при наличии показательного филогенетического дерева мтДНК, вопросы определения таксономической принадлежности какой-то (в целом, возможно до ¼) доли изучаемых образцов не могут быть однозначно решены в рамках мтДНК “штрих-кодирования”. То есть, конечная цель проекта FISHBOL – создание универсальной системы идентификации образцов рыб на основе тотального мтДНК “штрих-кодирования” ихтиофауны – не может быть достигнута уже только исходя из широкого распространения среди рыб явления межвидового переноса мтДНК.

В то же время, мтДНК “штрих-кодирование” может и оказывается весьма полезным инструментом для первоначальной оценки положения в системе миниатюрных видов рыб (к примеру, *Aphyocypris*, *Hemigrammocypripis*, *Paedocypris*) и других видов с “невыврачительной” морфологией (миноговые и др.). Однако и в этих случаях для окончательного решения таких вопросов требуются данные по другим независимым генным генеалогиям или маркерам.