

Серия «Биология. Экология»

2008. Т. 1, № 2. С. 49–51 Онлайн-доступ к журналу: http://isu.ru/izvestia ИЗВЕСТИЯ Иркутского государственного университета

УДК 575.174.2:592+51.76

Молекулярно-экологическое исследование популяций байкальских олигохет

И. А. Кайгородова, Ю. С. Букин

Лимнологический институт СО РАН, Иркутск E-mail: irina@lin.irk.ru

Аннотация. Впервые исследована история изменения численности популяций бентосных организмов оз. Байкал от момента их возникновения до настоящего времени. Получены сведения о времени и характере резких изменений размеров двух популяций олигохет. Показано, что популяция из Южного Байкала имеет небольшой эффективный размер и отрицательную скорость изменения численности. Популяция олигохет из пролива Ольхонские ворота в 4,6 раза превосходит ее по размеру и имеет значительный положительный тренд роста в настоящее время.

Ключевые слова: молекулярная экология, популяции, эффективный размер, олигохеты, Байкал.

Введение

В настоящее время разработаны и продолжают развиваться методы популяционной генетики, позволяющие на основе молекулярногенетических данных оценить современное состояние популяций и понять закономерности изменения эффективного размера популяции, как в прошлом, так и в будущем. Использование таких методов дает возможность оценить степень влияния антропогенного фактора, оказываемого на экосистему.

В качестве модельного объекта нами выбраны байкальские малощетинковые черви, недавно описанного вида *Pseudorhynchelmis alyonae* [2; 4], для которого известно лишь два местообитания: пролив Ольхонские ворота (экологически чистый район) и Муринская банка, находящаяся в зоне влияния БЦБК. Недавно доказано, что малощетинковые черви рода *Pseudorhynchelmis* произошли сравнительно недавно около 4–3 млн лет назад [2].

Материал и методы

Биологический материал был собран во время экспедиций 1997–1999 гг., идентифицирован и проанализирован с помощью молекулярно-филогенетических методов И. А. Кайгородовой. Геномная ДНК отдельных особей была выделена цетавлоном по слегка модифицированному методу Дойла – Диксона. Фрагмент гена mtCOI амплифицировали с использованием олигонуклеотидных праймеров, универсальных для большинства беспозвоноч-

ных. Расшифровка первичной структуры ДНК проведена с помощью реакции секвенирования двухцепочечных продуктов амплификации. Филогенетические реконструкции выполнены с помощью программы LINTRE [6]. Статистический и математический анализ молекулярных данных проведен Ю. С. Букиным. Использована программа FLUCTUATE 1.4 [3], позволяющая оценивать эффективный размер популяции. Для оценки демографической истории из имеющихся филогенетических реконструкций применялась программа GENIE v3.0 [5].

Результаты и обсуждение

Определены нуклеотидные последовательности фрагмента гена mtCOI длиной 634 п.н. для 16 особей эндемичного байкальского вида *P. alyonae* (Oligochaeta, Lumbriculidae) из двух разрозненных популяций (Ольхонские ворота и Муринская банка). Филогенетический анализ полученных данных выявил неравномерность скоростей молекулярной эволюции в разных популяциях (рис. 1).

Для того чтобы проверить, связана ли пониженная скорость накопления замен в муринской популяции с неблагоприятными экологическими факторами, был проведен анализ нуклеотидных последовательностей с целью выяснения истории изменения численности обеих популяций. Для этого мы рассчитали популяционный параметр $\theta = 4Ne\lambda$, где Ne- эффективный размер популяции, а $\lambda-$ вероятность мутации. Учитывая, что в естественных популяциях в пределах вида вероятность мута-

ции остается постоянной величиной, то θ будет меняться прямо пропорционально эффективному размеру популяций.

В ходе математического анализа нами установлено, что популяция олигохет, обитающая в районе Муринской банки, имеет значение параметра $\theta=0.07$. У популяции червей в районе Ольхонских ворот этот показатель почти в 4,6 раза больше $\theta=0.32$.

Предполагается, что численность популяции изменяется по экспоненте: $\theta = \theta_0 e^{gt}$ где θ_0 определяется начальным эффективным размером популяции, а параметр g определяет скорость изменения θ . С помощью программы GENIE была вычислена скорость изменения параметра θ . В Муринской банке скорость изменения размера популяции олигохет g = -0.93. Отрицательная величина этого показателя указывает на то, что данная группа организмов в

настоящий момент времени уменьшает свою численность. Для популяции из Ольхонских ворот скорость изменения размера популяции g=63,4, что свидетельствует о быстром росте численности данной популяции.

Результаты анализа демографической истории байкальских популяций люмбрикулид *P. alyonae* представлены на рис. 2. На графике видно, что в популяции из Муринской банки олигохеты сохраняли приблизительно стабильную численность в течение всей истории своего существования. В Ольхонских воротах, напротив, произошло скачкообразное увеличение численности при доле замен в 0,027. Если учесть, что в данной группе организмов доля замен в 0,022–0,026 накапливается за 1 млн лет [2], скачек численности произошел примерно 1,06–1,24 млн лет назад.



Рис. 1. Схема филогенетических отношений двух байкальских популяций *P. alyonae*. Максимально правдоподобное древо и оценки длин ветвей получены с помощью программы NJBOOT при использовании модели Татига-Nei. Цифры в узлах древа означают бутстрепные поддержки

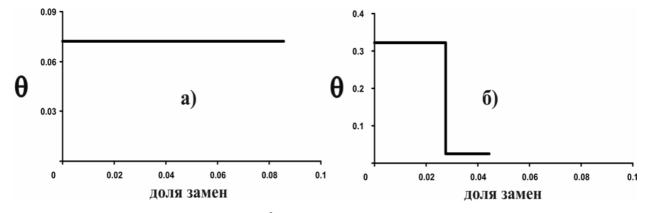


Рис. 2. История изменения параметра θ для популяций а) Муринской банки и б) Ольхонских ворот. Шкала времени указана в долях замен нуклеотидных оснований в последовательностях ДНК гена mtCOI

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (грант № 08-04-98063).

Литература

- 1. Кайгородова И. А. Исследование монофилии рода *Rhynchelmis* Hoffmeister, 1843 (Oligochaeta, Lumbriculidae): филогения, основанная на морфологии / И. А. Кайгородова, В. Г. Ливенцева // Исследовано в России: журнал [Электронный ресурс]. − 2007. № 139. С. 1506—1516. Режим доступа: http://zhurnal.ape.relarn.ru/articles/2007/139.pdf
- 2. Kaygorodova I. A. Molecular phylogeny of Baikalian Lumbriculidae (Oligochaeta): Evidence for recent explosive speciation / I. A. Kaygorodova [et al.] // Comparative Cytogenetics. 2007. № 1. P. 71–84.
- 3. Kuhner M. K. Comparing Likelihood and Bayesian Coalescent Estimation of Population Parame-

- ters / M. K. Kuhner, L. P. Smith // Genetics. -2007. N0 175(1). P. 155–165.
- 4. Martin P. Description of two new species of *Rhynchelmis* (Oligochaeta: Lumbriculidae) from Lake Baikal (Russia), using classical morphology and ultrastructure of spermatozoa / P. Martin, M. Ferraguti, I. Kaygorodova // Annls. Limnol. 1998. № 34(3). P. 283–293.
- 5. Pybus O. G. GENIE: estimating demographic history from molecular phylogenies / O. G. Pybus, A. Rambaut // Bioinformatics. 2002. № 18. P. 1404–1405.
- 6. Takezaki N. Phylogenetic tests of the molecular clock and linearized trees / N. Takezaki, A. Rzhetsky, M. Nei // Molecular Biology and Evolution. − 1995. − № 12. − P. 823–833.

Molecular ecological studies of baikal oligochaete populations

I. A. Kaygorodova, Yu. S. Bukin

Institute of Limnology SB RAS, Irkutsk

Abstract. The history of changes in population abundance of benthic organisms of the Lake Baikal was for the first time studied from the moment of its origin till present. We have received data on time and mode of drastic changes of two oligochaete populations. The Southern Baikal population is of a moderate size and has a negative growth rate. The oligochaete population from strait Olkhon Gates is 4.6 times higher reveals a significant positive growth trend at present.

Key words: Molecular Ecology, Effective Population Size, Oligochaeta, Lake Baikal.

Кайгородова Ирина Александровна Лимнологический институт СО РАН 664033, г. Иркутск, ул. Улан-Баторская, 3, а/я 278 кандидат биологических наук старший научный сотрудник лаборатории геносистематики тел. (395 2) 42–29–23, факс (395 2) 42–54–05 E-mail: irina@lin.irk.ru

Букин Юрий Сергеевич
Лимнологический институт СО РАН
664033, г. Иркутск, ул. Улан-Баторская, 3, а/я 278
кандидат биологических наук
старший научный сотрудник
лаборатории геносистематики
тел. (395 2) 42–29–23, факс (395 2) 42–54–05
E-mail: bukinyura@mail.ru

Kaygorodova Irina Aleksandrovna Institute of Limnology SB RAS 664033, Irkutsk, 3, Ulan-Batorskaya St. Ph. D. in Biology, senior research scientist Laboratory of Gene Systematics phone:395 2) 49-29-23, fax: (395 2) 42-54-05 E-mail: irina@lin.irk.ru

Bukin Yuri Sergeevitch
Institute of Limnology SB RAS
664033, Irkutsk, 3, Ulan-Batorskaya St.
Ph. D. in Biology, senior research scientist
Laboratory of Gene Systematics
phone: (395 2) 49-29-23, fax: (395 2) 42-54-05
E-mail: bukinyura@mail.ru