



УДК 595.2:595.36

<https://doi.org/10.26516/2073-3372.2023.46.18>

## Варибельность морфологических и генетических признаков *Macrohectopus branickii* (Dyb., 1874)

Ж. В. Петунина<sup>1</sup>, Н. В. Ваврищук<sup>2</sup>, Ю. С. Букин<sup>1,2</sup>, Е. В. Романова<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Лимнологический институт СО РАН, г. Иркутск, Россия

<sup>2</sup>Иркутский государственный университет, г. Иркутск, Россия

E-mail: [petuninajmk@mail.ru](mailto:petuninajmk@mail.ru)

**Аннотация.** Проведены измерения и сравнения 21 количественного морфологического признака амфиподы *Macrohectopus branickii* – единственного пелагического вида амфипод в оз. Байкал. Предложен список признаков для популяционных исследований этого вида. Для образцов, собранных во всех трёх бассейнах озера, выполнен генетический анализ на основе фрагмента митохондриального гена *Nad5*. Выявлено отсутствие специфической популяционной структуры для этого вида.

**Ключевые слова:** морфометрия, популяционно-генетический анализ, амфиподы, *Macrohectopus branickii*, Байкал.

**Для цитирования:** Варибельность морфологических и генетических признаков *Macrohectopus branickii* (Dyb., 1874) / Ж. В. Петунина, Н. В. Ваврищук, Ю. С. Букин, Е. В. Романова // Известия Иркутского государственного университета. Серия Биология. Экология. 2023. Т. 46. С. 18–28. <https://doi.org/10.26516/2073-3372.2023.46.18>

Research article

## Variability of Morphological and Genetic Characteristics of *Macrohectopus branickii* (Dyb., 1874) (Amphipoda, Macrohectopidae)

J. V. Petunina<sup>1</sup>, N. V. Vavrischuk<sup>2</sup>, Yu. S. Bukin<sup>1,2</sup>, E. V. Romanova<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Limnological Institute SB RAS, Irkutsk, Russian Federation

<sup>2</sup>Irkutsk State University, Irkutsk, Russian Federation

**Abstract.** *Macrohectopus branickii* is the only pelagic amphipod from Lake Baikal. Until now, despite the uniqueness of *M. branickii*, its genetic diversity at the intraspecific level, as well as its intraspecific morphological diversity, have not been studied. In this work, we present the result of a morphological analysis of intrapopulation variability of the species *M. branickii* from the northern basin of Lake Baikal, as well as the result of a molecular analysis based on the sequence of a fragment of the mitochondrial *Nad5* gene of several individuals of this species from three basins of the lake. The material for the study was collected using a plankton net and trawl from all basins and shores of Lake Baikal at depths of 100–300 m. We measured 21 morphological characters according to the scheme previously proposed in Tikhonova's work for sexually mature females of *M. branickii* living on different shores of the northern basin of Lake Baikal. The coefficient of variation of the values of all characteristics was determined. Morphological analysis revealed different degrees of variability in

the studied characters for *M. branickii*. The most variable characters are: the length of 1 segment of the peduncle of the upper antennae; length of 4 and 5 segments of the stalk of the lower antennae; length of gnathopod propodites 2 pairs; width and length of basipodites of the third pair of pereopods; length of the stalk, external and internal branches of the uropods of the third pair; telson width and length. Analysis of the nucleotide sequences of the *Nad5* gene fragment showed their low variability. The haplotype network was reconstructed using the pegas package for the R programming language. *M. branickii* forms a single panmictic population, consistent with the absence of geographic and environmental barriers in the pelagic zone of the lake.

**Keywords:** morphometry, population genetic analysis, amphipods, *Macrohectopus branickii*, Lake Baikal.

---

**For citation:** Petunina J. V., Vavrischuk N. V., Bukin Yu. S., Romanova E. V. Variability of Morphological and Genetic Characteristics of *Macrohectopus branickii* (Dyb., 1874) (Amphipoda, Macrohectopidae). *The Bulletin of Irkutsk State University. Series Biology. Ecology*, 2023, vol. 46, pp. 18–28. <https://doi.org/10.26516/2073-3372.2023.46.18> (in Russian)

---

### **Введение**

Пелагические амфиподы – большая группа ракообразных животных, распространённых по всему миру, насчитывающая более 70 видов, принадлежащих к подрядам Amphilochidea, Hyperiidea и Senticaudata [Sanvicente-Añorve, Ramírez-Velázquez, Hermoso-Salazar, 2023]. Таксономическое разнообразие пелагических видов порядка амфипод значительно ниже по сравнению с бентосными видами. Всего несколько видов пелагических амфипод обитают в пресных водоёмах. Среди них, например, североамериканский вид *Hyalella montezuma*, обитающий в Колодце Монтесума [Witt, Blinn, Hebert, 2003], *Jesogammarus annandalei* из оз. Бива в Японии [Ishikawa, Urabe, 2002]. Среди разнообразной фауны амфипод оз. Байкал эндемичный вид *M. branickii* (Crustacea: Amphipoda: Gammaridea) является единственным представителем макрозоопланктона и единственным из амфипод, ведущим пелагический образ жизни. Из-за высокой морфологической и экологической специализированности данного вида его относят к отдельному семейству Macrohectopodidae (Sowinsky, 1915).

Ранее было показано, что этот вид населяет всё озеро и преимущественно встречается на глубинах 100–700 м [Bekman, Afanasyeva, 1977]. *M. branickii* является важным компонентом экосистемы Байкала, так как это главный хищник зоопланктона, потребитель фитопланктона и важный компонент питания пелагических рыб [New data regarding ... , 2021]. Чрезвычайная морфологическая и экологическая дивергенция *Macrohectopus* от его близких генетических родственников и, наоборот, большие генетические дистанции среди других морфологически сходных микроуруподид позволяют предполагать факт разобщения морфологической и молекулярной эволюции у байкальских амфипод [Macdonald, Yampolsky, Duffy, 2005].

Митохондриальный геном *M. branickii* является одним из самых длинных среди многоклеточных животных. При этом не ясно, связана ли длина митохондриального генома с образом жизни представителей этого вида. Одним из возможных подходов к изучению такой связи может быть анализ характеристик популяций *M. branickii* в оз. Байкал с использованием митохондриальных белок-кодирующих генов в качестве молекулярных маркеров [The mitochondrial genome ... , 2021]. До сих пор, несмотря на уникальность

*M. branickii*, не было исследовано ни его генетическое разнообразие на внутривидовом уровне, ни его внутривидовое морфологическое разнообразие.

В данной работе мы представляем результат морфологического анализа внутривидовой изменчивости вида *M. branickii* из северной котловины оз. Байкал, а также результат молекулярного анализа на основе последовательности фрагмента митохондриального гена *Nad5* нескольких особей вида из трёх котловин озера.

### **Материалы и методы**

Материал для исследования (рис. 1, А) собран с борта НИС «Титов» и НИС «Г. Ю. Верещагин» с помощью планктонной сети Джеди для пресной воды со стаканом-накопителем и трала со всех котловин и берегов оз. Байкал на глубинах 100–300 м в июне и августе 2022 г. Амфиподы фиксировались 96%-ным этанолом с последующим переносом в 70%-ный. Видовая принадлежность образцов устанавливалась по морфологическим признакам при помощи определителей [Базикалова, 1945, с. 180–182; Тахтеев, 2000, с. 32–33]. А. Я. Базикалова использует следующие ключевые определительные характеристики: придаточный жгутик одночленистый или отсутствует; верхние антенны во много раз толще нитевидных нижних; тело тонкое, слабое, сильно вытянутое; придаточный жгутик отсутствует. В. В. Тахтеев приводит другие признаки: пятый членик стержня антенны 2 на конце не вздут, проксимальная часть жгута не отличается резко от него по толщине; кутикулярные выросты на сегментах метасомы без вторичных шипов либо вообще отсутствуют; срединный ряд возвышений отсутствует или развит слабо – в виде очень низких килей или маленьких бугорков; боковые и краевые ряды возвышений отсутствуют или представлены неясными вздутиями или слабыми бугорками; срединный ряд возвышений отсутствует на всех сегментах; стержни антенн 1 в несколько раз толще стержней антенн 2; последние с очень длинными и тонкими четвёртым и пятым члениками; переоподы 6 и 7 длинные, очень тонкие, нитевидные; придаточный жгутик отсутствует (под микроскопом может быть виден его рудимент); ветви уроподов 1 несут только мелкие шипики, ветви уроподов 2 и 3 – густые перистые щетинки; самцы карликовые. Самцы идентифицированы по наличию половых папилл в основании последней пары переоподов, а также грубых и густых волосков на передних гнатоподах, используемых для передачи сперматофоров в половые отверстия самок.

По схеме, предложенной в работе Е. Н. Тихоновой [2012], выполнены измерения 21 морфологического признака для 12 половозрелых самок *M. branickii* из проб, собранных у западного (район губы Сеногда с глубин 224–277 м) и восточного (зал. Чивыркуйский с глубин 110–158 м) побережий северной котловины оз. Байкал (рис. 1, Б). В число признаков вошли: общая длина тела; длина первого-третьего сегментов стержня антенн I пары; длина четвертого и пятого сегментов стержня антенн II пары; длина и ширина проподитов гнатоподов I и II пар; длина и ширина базиподитов переоподов III, IV и V пар; длина и ширина тельсона; длина уроподов III пары; длина наружной и внутренней ветвей уроподов III пары. Временные препараты го-

товили в воде, для промеров использовали придатки левой стороны тела амфипод. Измерения выполнены под бинокулярным микроскопом МСП-1 В.2 («ЛОМО-Микроанализ», Россия) с применением окулярной линейки (шкала для окуляра WF10<sup>x</sup>).

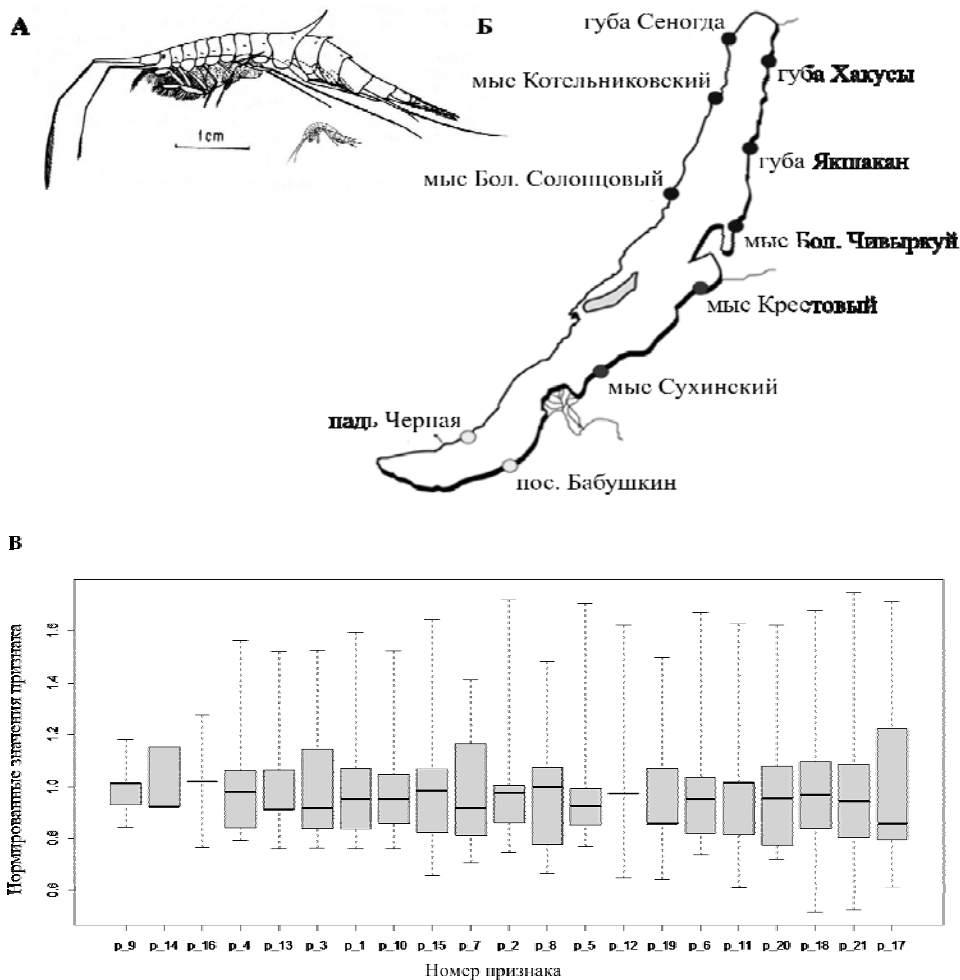


Рис. 1. А – внешний вид *M. branickii* (сверху вниз – самка и самец) [по: Базикалова, 1945]; Б – карта-схема расположения точек сбора образцов *M. branickii*; В – box-plot вариации значений измеренных морфометрических признаков (наименования признаков – см. табл.)

Данные промеров внесены в сводную таблицу, определён коэффициент вариации значений всех признаков. Результаты визуализировались с помощью функции boxplot языка программирования R (рис. 1, В).

В качестве молекулярного маркера в работе применён фрагмент митохондриального гена *Nad5* длиной около 700 п. о. Выделение ДНК производилось по модифицированному методу Дж. Дойла и Э. Диксон [Doyle, Dickson, 1987] из мышц базиподитов третьей-пятой пар переоподов самок *M. branickii*, собранных в районах, показанных на рис. 1, за исключением Чивыркуйского залива. ПЦР-амплификация проводилась на амплификаторах T100 Thermal Cycler (BioRad, США) и БИС М111 (БИС-Н, Россия) с рассчитанной программой с использованием одной пары праймеров для *Nad5*: 1) денатурация ДНК матрицы при 95 °С в течение 5 мин; 2) 32 цикла денатурации при 95 °С в течение 10 с, отжига при 52 °С в течение 30 с и элонгации при 72 °С в течение 1,5 мин; 3) постэлонгация при 72 °С в течение 5 мин. Структура праймеров для гена *Nad5* – Mb18880F GCTACTACTTTCTTCATGTCTAC и Mb19580R TCTTTAGTTGGGGGACAGTAGT. Очищенный ПЦР-продукт с добавлением соответствующего праймера секвенирован методом Сенгера на базе генетического анализатора НАНОФОР 05 («Синтол», Россия) в НПО «Синтол» (г. Москва). Последовательности депонированы в базу данных GenBank под номерами OR592095-OR592103, скорректированы и выровнены в редакторе BioEdit [Hall, 2011, p. 62] (<https://bioedit.software.informer.com/>). Сеть гаплотипов реконструирована с помощью пакета *pegas* для языка программирования R [Paradis, 2010, p. 420]. В нём же на основе полученных нуклеотидных последовательностей рассчитаны параметр генетического разнообразия  $\theta_s$  и статистический тест Tajima's D.

### Результаты и обсуждение

Анализ нуклеотидных последовательностей фрагмента гена *Nad5*, полученных от девяти особей *M. branickii* из всех трёх котловин озера, показал их низкую вариабельность относительно последовательности данного гена в составе полного митохондриального генома из базы данных RefSeq (MT047459). Пять полученных последовательностей были идентичны соответствующему участку референсного митохондриального генома, остальные четыре имели одну замену (С→Т) в положении 19017 относительно референсного митохондриального генома.

Значение популяционного параметра ( $\theta_s$ ) для набора последовательностей составило 0,3679369, что подтверждает низкое генетическое разнообразие. Значение теста Tajima's D (1,401174) позволяет предполагать отклонение от нейтральной молекулярной эволюции. Однако рассчитанное значение P-value (0,1954778) не позволяет с уверенностью утверждать, что причиной низкого генетического разнообразия современной популяции было недавнее снижение численности в эволюционной истории *M. branickii*.

Встречаемость обоих гаплотипов в трёх котловинах озера показывает, что *M. branickii* образует одну панмиктическую популяцию, что согласуется с отсутствием географических и экологических барьеров в пелагиали озера (рис. 2).

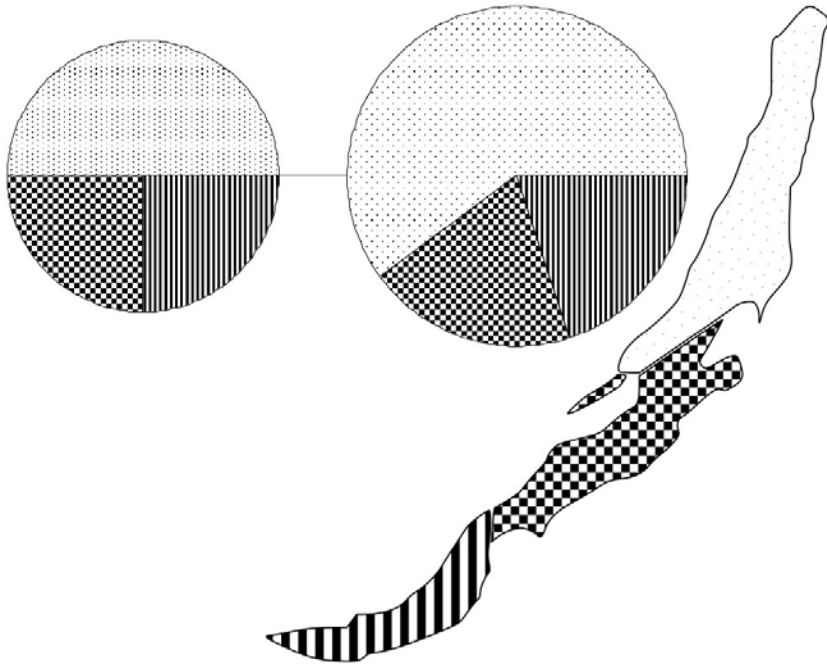


Рис. 2. Сеть гаплотипов *M. branickii* с указанием на их встречаемость по котловинам оз. Байкал: 1 – южная; 2 – северная; 3 – центральная



Митохондриальный ген *Nad5*, фрагмент которого был использован в исследовании в качестве генетического маркера, является одним из самых вариабельных среди генов митохондриального генома как у амфипод [Evolution of mitochondrial ... , 2016], так и у других беспозвоночных. *Nad5* является одним из ключевых генов в процессе дыхательной цепи митохондрий. Он кодирует белок NADH-дегидрогеназы, который является частью комплекса I дыхательной цепи и играет важную роль в производстве энергии в клетках организма.

Низкая генетическая вариабельность по данному молекулярному маркеру показывает низкую эффективную численность популяции данного вида. Одной из причин низкой эффективной численности может быть уменьшение количества самцов в популяции из-за заражения паразитическими микроспоридиями, либо имело место общее снижение численности популяции этого вида в прошлой эволюционной истории. Микроспоридии, как известно, вызывают смещение полов у разных видов членистоногих, в том числе амфипод [Wittner, Weiss, 1999; Widespread vertical transmission ... , 2004]. Исследование байкальского вида *Gmelinoides fasciatus* выявило зараженность микроспоридиями, что могло стать одним из факторов влияния на эффективную численность популяции [Кузьменкова, Щербаков, Смит, 2008].

Расширение набора данных нуклеотидных последовательностей *M. branickii*, как и исследования заражённости микроспоридиями, позволит приблизиться к пониманию механизма наблюдаемого низкого генетического разнообразия этого вида.

Морфологический анализ на основе рассчитанных данных (табл.) позволил выявить разную степень variability исследованных признаков у *M. branickii* (рис. 2).

Уровень фенотипической изменчивости всех морфологических признаков у самок из северной котловины невысок (коэффициент вариации составляет 10,82–32,72 %). Наименее вариабельны общая длина тела, длина второго и третьего члеников стебелька верхних антенн, ширина и длина проподитов гнатоподов первой пары, ширина проподитов гнатоподов второй пары, ширина и длина базиподитов переоподов четвёртой и пятой пар. Наиболее вариабельны длина 1 членика стебельков верхних антенн, длина четвёртого и пятого члеников стебелька нижних антенн, длина проподитов гнатоподов второй пары, ширина и длина базиподитов переоподов третьей пары, длина стебелька и наружной и внутренней ветвей уроподов третьей пары, ширина и длина тельсона. Признаки с высоким значением вариации показывают высокую валентность вида к условиям среды [Intra- and interspecific ... , 2002], а также указывают на интенсивность процессов его микроэволюции [Грант, 1991].

### **Заключение**

Морфологический анализ амфипод *M. branickii*, обитающих в северной котловине оз. Байкал, выявил разную степень variability 21 измеренного признака. Результаты позволяют предположить характер variability изученных признаков для вида в целом, а также предложить в качестве достаточного для популяционных исследований вида сокращённый список признаков: длина первого членика стебелька верхних антенн; длина четвёртого и пятого члеников стебелька нижних антенн; длина проподитов гнатоподов второй пары; ширина и длина базиподитов переоподов третьей пары; длина стебелька, наружной и внутренней ветвей уроподов третьей пары; ширина и длина тельсона.

По фрагменту митохондриального гена *Nad5* этот эндемичный вид, обитающий в пелагиали всех трёх котловин озера, показывает слабую дифференцированность и относительное однообразие, что характерно для монотипических видов. Последнее согласуется с особенностями его биологии и экологии.

Таблица

Набор данных, рассчитанных на основе измерений 21 морфологического признака *M. branickii*

№	$\bar{x}$	$\sigma$	CV	$x/\bar{x}$											
p_1	20,358	4,421	21,717	1,105	0,968	0,982	0,820	1,041	0,919	0,761	0,933	0,835	0,835	1,596	1,203
p_2	1,742	0,419	24,071	0,976	0,976	0,919	0,861	1,033	0,976	0,804	0,861	0,746	0,976	1,772	1,148
p_3	3,275	0,708	21,631	1,008	0,885	0,916	0,794	0,885	0,794	1,069	1,221	0,763	0,916	1,527	1,221
p_4	4,283	0,851	19,875	1,074	0,934	1,027	0,864	1,027	0,794	0,934	1,051	0,817	0,817	1,564	1,097
p_5	3,517	0,865	24,594	0,825	0,995	0,967	0,853	0,938	0,910	0,853	0,995	0,768	0,910	1,706	1,280
p_6	2,992	0,765	25,583	1,070	1,003	1,003	0,802	1,003	0,869	0,769	0,903	0,735	0,836	1,671	1,337
p_7	1,417	0,339	23,909	1,412	1,271	1,059	0,918	1,059	0,918	0,766	0,918	0,706	0,706	1,412	0,847
p_8	1,350	0,325	24,098	1,407	1,037	1,037	0,963	1,111	1,037	0,741	0,963	0,741	0,667	1,481	0,815
p_9	0,592	0,064	10,819	1,014	1,014	1,014	1,014	1,014	0,845	1,014	1,014	0,845	0,845	1,183	1,183
p_10	0,525	0,116	22,165	0,952	0,952	0,762	0,952	1,143	0,952	0,952	0,952	0,762	0,762	1,524	1,333
p_11	0,492	0,132	26,853	1,017	1,017	0,814	1,017	0,814	0,814	0,610	1,017	0,814	1,017	1,627	1,424
p_12	0,308	0,076	24,623	0,973	1,297	0,973	0,973	0,973	0,973	0,649	0,973	0,649	0,973	0,973	1,622
p_13	0,658	0,132	20,054	0,911	1,063	0,911	1,063	0,911	1,063	0,759	0,911	0,759	0,911	1,519	1,215
p_14	0,433	0,047	10,879	1,154	0,923	0,923	0,923	1,154	0,923	0,923	1,154	0,923	0,923	1,154	0,923
p_15	0,608	0,144	23,687	1,151	0,822	0,822	0,658	0,986	0,986	0,986	0,986	0,986	0,822	1,644	1,151
p_16	0,392	0,049	12,587	1,021	1,021	1,021	0,766	1,021	1,021	1,021	1,021	0,766	1,021	1,277	1,021
p_17	0,817	0,267	32,717	1,224	0,857	0,857	0,735	1,224	0,857	0,612	0,980	0,612	0,857	1,714	1,469
p_18	0,775	0,217	27,936	1,032	0,903	1,161	0,774	1,032	0,903	0,516	0,903	0,774	1,032	1,677	1,290
p_19	0,467	0,118	25,254	1,071	0,857	0,857	1,071	0,857	1,071	0,643	0,857	0,857	0,857	1,500	1,500
p_20	2,775	0,748	26,972	0,973	0,937	1,081	0,829	1,081	0,901	0,721	0,973	0,721	0,721	1,622	1,441
p_21	2,858	0,888	31,078	1,120	0,910	1,050	0,910	1,050	0,875	0,700	0,980	0,735	0,525	1,749	1,399

*Примечание.* Наименования морфологических признаков: p\_1 – общая длина тела, p\_2–4 – длина первого-третьего члеников стебелька верхней антенны, p\_5, 6 – длина четвертого-пятого членика стебелька нижней антенны, p\_7, 8 – длина проподитов гнатоподов первой-второй пары, p\_9, 10 – ширина проподитов гнатоподов первой-второй пары, p\_11, 13, 15 – длина базиподитов переоподов третьей-пятой пары, p\_12, 14, 16 – ширина базиподитов переоподов третьей-пятой пары, p\_17, 18 – длина и ширина тельсона, p\_17 – длина стебелька уроподов третьей пары, p\_20, 21 – длина наружной и внутренней ветви уроподов третьей пары.  $x$  – исходное значение признака,  $\bar{x}$  – среднее арифметическое,  $\sigma$  – стандартное отклонение,  $x/\bar{x}$  – коэффициент вариации.



### Список литературы

Базикалова А. Я. Амфиподы озера Байкал. Труды Байкальской лимнологической станции. 1945. Т. 11. С. 1–440.

Грант В. Эволюционный процесс. М.: Мир, 1991. 488 с.

Кузьменкова Ж. В., Щербаков Д. Ю., Смит Д. Э. Разнообразие микроспоридий, паразитирующих на байкальских амфиподах *Gmelinoidea fasciatus* из разных популяций // Известия Иркутского государственного университета. Серия Биология. Экология. 2008. Т. 1, № 2. С. 56–61.

Тахтеев В. В. Очерки о бокоплавах озера Байкал. Иркутск: Изд-во Иркут. гос. ун-та, 2000. 355 с.

Тихонова Е. Н. Изменчивость популяций *Pallasea cancellus* (Pallas, 1772) (Crustacea, Amphipoda) в озере Байкал и реке Ангара: дис. ... канд. биол. наук. Новосибирск, 2012. 152 с.

Bekman M. Y., Afanasyeva E. L. Distribution and production of *Macrohectopus* // Proc. Limnol. Inst. Vol. 19. Biological Productivity of Baikal Pelagic Region and Its Dynamics. Novosibirsk: Nauka, 1977. P. 76–98.

Doyle J. J., Dickson E. E. Preservation of plant samples for DNA restriction endonuclease analysis // Taxon. 1987. Vol. 36, Is. 4. P. 715–722. <https://doi.org/10.2307/1221122>

Evolution of mitochondrial genomes in Baikalian amphipods / E. V. Romanova, V. V. Aleoshin, R. M. Kamaltynov, K. V. Mikhailov, M. D. Logacheva, E. A. Sirotinina, A. Yu. Gornov, A. S. Anikin, D. Yu. Sherbakov // BMC genomics. 2016. Vol. 17, N 14. P. 291–306. <https://doi.org/10.1186/s12864-016-3357-z>

Hall T. BioEdit: An important software for molecular biology // GEF Bull. Biosci. 2011. Vol. 2, Is. 1. P. 60–61

Intra-and interspecific variation in primate gene expression patterns / W. Enard, Ph. Khaitovich, J. Klose, S. Zöllner, F. Heissig, P. Giavalisco, K. Nieselt-Struwe, E. Muchmore, A. Varki, R. Ravid, G. M. Doxiadis, R. E. Bontrop, S. Pääbo // Science. 2002. Vol. 296, Is. 5566. P. 340–343. <https://doi.org/10.1126/science.1068996>

Ishikawa T., Urabe J. Population dynamics and production of *Jesogammarus annandalei*, an endemic amphipod, in Lake Biwa, Japan // Freshw. Biol. 2002. Vol. 47, Is. 10. P. 1935–1943 <https://doi.org/10.1046/j.1365-2427.2002.00942.x>

Macdonald III K. S., Yampolsky L., Duffy J. E. Molecular and morphological evolution of the amphipod radiation of Lake Baikal // Mol. Phylog. Evol. 2005. Vol. 35, N 2. P. 323–343. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2005.01.013>

New data regarding ecology of freshwater pelagic amphipod *Macrohectopus branickii* (Dybowski, 1874) (Amphipoda: Macrohectopodidae) and other crustaceans of plankton from the southern part of Lake Baikal (Russia, Southern Siberia) / D. Y. Karnaukhov, E. M. Dolinskaya, S. A. Biritskaya, M. A. Teplykh, Ya. K. Ermolaeva, V. A. Pushnica, I. V. Kuznetsova, A. I. Okholina, L. B. Bukhaeva, O. O. Rusanovskaya, E. A. Silov // Acta Biologica Sibirica. 2021. Vol. 7. P. 39–48. <https://doi.org/10.3897/abs.7.e65636>

Paradis E. Pegas: an R package for population genetics with an integrated–modular approach // Bioinformatics. 2010. Vol. 26, N 3. P. 419–420. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp696>

Sanvicente-Añorve L., Ramírez-Velázquez B., Hermoso-Salazar M. Pelagic amphipods (Crustacea, Amphipoda, Hyperiidea) from the southern Gulf of Mexico with notes on the distribution of species // Biodiv. Data J. 2023. Vol. 11. e97347. <https://doi.org/10.3897/BDJ.11.e97347>

The mitochondrial genome of a freshwater pelagic amphipod *Macrohectopus branickii* is among the longest in Metazoa / E. V. Romanova, Yu. S. Bukin, K. V. Mikhailov, M. D. Logacheva, V. V. Aleoshin, D. Y. Sherbakov // Genes. 2021. Vol. 12. 2030. <https://doi.org/10.3390/genes12122030>

Widespread vertical transmission and associated host sex-ratio distortion within the eukaryotic phylum Microspora / R. S. Terry, J. E. Smith, R. G. Sharpe, T. Rigaud, D. T. J. Littlewood, D. Ironside, D. Rollinson, C. Bouchon, J. T. A. MacNei, J. E. Dick, A. M. Dunn // Proc. Roy. Soc. London, Ser. B, Biol. Sci. 2004, Vol. 271(1550). P. 1783–1789. <https://doi.org/10.1098/rspb.2004.2793>

Witt J. D., Blinn D. W., Heber, P. D. The recent evolutionary origin of the phenotypically novel amphipod *Hyaella montezuma* offers an ecological explanation for morphological stasis in a closely allied species complex // Mol. Ecol. 2003. Vol. 12, Is. 2. P. 405–413. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.2003.01728.x>

Wittner M., Weiss L. M. The Microsporidia and Microsporidiosis. ASM-Press, 1999. 553 p.

## References

- Bazikalova A.Ya. Amphipody ozera Baikal [Amphipods of Lake Baikal]. *Trudy Baikal'skoi limnologicheskoi stantsii* [Proc. Baikal Limnol. St.], 1945, vol. 11, pp. 1-440. (in Russian)
- Grant V. *Evolutsionnyi protsess* [Evolutionary Process]. Moscow, Mir Publ., 1991, 488 p. (in Russian)
- Kuz'menkova Zh.V., Shcherbakov D.Yu., Smit D.E. Raznoobrazie mikrosporidii, parazitiruyushchikh na baikal'skikh amfipodakh Gmelinoides fasciatus iz raznykh populyatsii [Diversity of microsporidia parasitizing the Baikal amphipod Gmelinoides fasciatus from different populations]. *Bull. Irkutsk St. Univ. Ser Biol. Ecol.*, 2008, vol. 1, no. 2, pp. 56-61. (in Russian)
- Takhteev V.V. *Ocherki o bokoplavakh ozera Baikal* [Essays on the amphipods of Lake Baikal]. Irkutsk, Irkutsk St. Univ. Publ., 2000, 355 p. (in Russian)
- Tikhonova E.N. *Izmenchivost populyatsii Pallasea cancellus (Pallas, 1772) (Crustacea, Amphipoda) v ozere Baikal i reke Angara* [Variability of Pallasea cancellus (Pallas, 1772) (Crustacea, Amphipoda) populations in Lake Baikal and the Angara River]. Cand. sci. diss. abstr. Novosibirsk, 2012, 152 p. (in Russian)
- Bekman M.Y., Afanasyeva E.L. Distribution and production of Macrohectopus. *Proc. Limnol. Inst. Vol. 19. Biological Productivity of Baikal Pelagic Region and Its Dynamics*. Novosibirsk, Nauka Publ., 1977, pp. 76-98.
- Doyle J.J., Dickson E.E. Preservation of plant samples for DNA restriction endonuclease analysis. *Taxon*, 1987, vol. 36, is. 4, pp. 715-722. <https://doi.org/10.2307/1221122>
- Romanova E.V., Aleoshin V.V., Kamaltynov R.M., Mikhailov K.V., Logacheva M.D., Sirotnina E.A., Gornov A.Yu., Anikin A.S., Sherbakov D.Y. Evolution of mitochondrial genomes in Baikalian amphipods. *BMC genomics*, 2016, vol. 17, no. 14, pp. 291-306. <https://doi.org/10.1186/s12864-016-3357-z>
- Hall T. BioEdit: An important software for molecular biology. *GERF Bull. Biosci.*, 2011, vol. 2, is. 1, pp. 60-61.
- Enard W., Khaitovich Ph., Klose J., Zöllner S., Heissig F., Giavalisco P., Nieselt-Struwe K., Muchmore E., Varki A., Ravid R., Doxiadis G.M., Bontrop R.E., Pääbo S. Intra- and interspecific variation in primate gene expression patterns. *Science*, 2002, vol. 296, is. 5566, pp. 340-343. <https://doi.org/10.1126/science.1068996>
- Ishikawa T., Urabe J. Population dynamics and production of Jesogammarus annandalei, an endemic amphipod, in Lake Biwa, Japan. *Freshw. Biol.*, 2002, vol. 47, is. 10, pp. 1935-1943. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2427.2002.00942.x>
- Macdonald III K.S., Yampolsky L., Duffy J.E. Molecular and morphological evolution of the amphipod radiation of Lake Baikal. *Mol. Phylog. Evol.*, 2005, vol. 35, no. 2, pp. 323-343. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2005.01.013>
- Karnaukhov D.Y., Dolinskaya E.M., Biritskaya S.A., Teplykh M.A., Ermolaeva Ya.K., Pushnica V.A., Kuznetsova I.V., Okholina A.I., Bukhaeva L.B., Rusanovskaya O.O., Silov E.A. New data regarding ecology of freshwater pelagic amphipod Macrohectopus branickii (Dybowski, 1874) (Amphipoda: Macrohectopodidae) and other crustaceans of plankton from the southern part of Lake Baikal (Russia, Southern Siberia). *Acta Biologica Sibirica*, 2021, vol. 7, pp. 39-48. <https://doi.org/10.3897/abs.7.e65636>
- Paradis E. Pegas: an R package for population genetics with an integrated-modular approach. *Bioinformatics*, 2010, vol. 26, no. 3, pp. 419-420. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp696>
- Sanvicente-Añorve L., Ramírez-Velázquez B., Hermoso-Salazar M. Pelagic amphipods (Crustacea, Amphipoda, Hyperideida) from the southern Gulf of Mexico with notes on the distribution of species. *Biodiv. Data J.*, 2023, vol. 11, e97347. <https://doi.org/10.3897/BDJ.11.e97347>
- Romanova E.V., Aleoshin V.V., Kamaltynov R.M., Mikhailov K.V., Logacheva M.D., Sirotnina E.A., Sherbakov D.Y. The mitochondrial genome of a freshwater pelagic amphipod Macrohectopus branickii is among the longest in Metazoa. *Genes*, 2021, vol. 12, 2030. <https://doi.org/10.3390/genes12122030>
- Terry R.S., Smith J.E., Sharpe R.G., Rigaud T., Littlewood D.T.J., Ironside D., Rollinson D., Bouchon C., MacNeil J.T.A., Dick J.E., Dunn A.M. Widespread vertical transmission and associated host sex-ratio distortion within the eukaryotic phylum Microspora. *Proc. Roy. Soc. London, Ser. B, Biol. Sci.*, 2004, vol. 271 (1550), pp. 1783-1789. <https://doi.org/10.1098/rspb.2004.2793>

Witt J.D., Blinn D.W., Heber P.D. The recent evolutionary origin of the phenotypically novel amphipod *Hyalella montezuma* offers an ecological explanation for morphological stasis in a closely allied species complex. *Mol. Ecol.*, 2003, vol.12, is. 2, pp. 405-413. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.2003.01728.x>

Wittner M., Weiss L. M. *The Microsporidia and Microsporidiosis*. ASM-Press, 1999, 553 p.

#### Сведения об авторах

**Петунина Жанна Владимировна**

кандидат биологических наук,  
младший научный сотрудник  
Лимнологический институт СО РАН,  
Россия, 664033, Иркутск, ул.  
Улан-Баторская, 3  
e-mail: [petuninajmk@mail.ru](mailto:petuninajmk@mail.ru)

**Ваврищук Николай Владимирович**

магистрант  
Иркутский государственный университет  
Россия, 664003, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 1  
e-mail: [vavrishchuck.nickolaa@yandex.ru](mailto:vavrishchuck.nickolaa@yandex.ru)

**Букин Юрий Сергеевич**

кандидат биологических наук,  
старший научный сотрудник  
Лимнологический институт СО РАН,  
Россия, 664033, Иркутск, ул.  
Улан-Баторская, 3  
доцент  
Иркутский государственный университет  
Россия, 664003, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 1  
e-mail: [bukinyura@mail.ru](mailto:bukinyura@mail.ru)

**Романова Елена Владимировна**

кандидат биологических наук,  
научный сотрудник  
Лимнологический институт СО РАН,  
Россия, 664033, Иркутск, ул.  
Улан-Баторская, 3  
e-mail: [era\\_85@inbox.ru](mailto:era_85@inbox.ru)

#### Information about the authors

**Petunina Zhanna Vladimirovna**

Candidate of Science (Biology),  
Junior Research Scientist  
Limnological Institute SB RAS  
3, Ulaanbaatar st., Irkutsk, 664033,  
Russian Federation  
e-mail: [petuninajmk@mail.ru](mailto:petuninajmk@mail.ru)

**Vavrishchuk Nikolay Vladimirovich**

Undergraduate  
Irkutsk State University  
1, K. Marx st., Irkutsk, 664003,  
Russian Federation  
e-mail: [vavrishchuck.nickolaa@yandex.ru](mailto:vavrishchuck.nickolaa@yandex.ru)

**Bukin Yuri Sergeevich**

Candidate of Science (Biology),  
Senior Research Scientist  
Limnological Institute SB RAS  
3, Ulaanbaatar st., Irkutsk, 664033,  
Russian Federation  
Associate Professor  
Irkutsk State University  
1, K. Marx st., Irkutsk, 664003,  
Russian Federation  
e-mail: [bukinyura@mail.ru](mailto:bukinyura@mail.ru)

**Romanova Elena Vladimirovna**

Candidate of Science (Biology),  
Research Scientist  
Limnological Institute SB RAS  
3, Ulaanbaatar st., Irkutsk, 664033,  
Russian Federation  
e-mail: [era\\_85@inbox.ru](mailto:era_85@inbox.ru)

Статья поступила в редакцию **02.10.2023**; одобрена после рецензирования **25.10.2023**; принята к публикации **10.11.2023**  
Submitted **October, 02, 2023**; approved after reviewing **October, 25, 2023**; accepted for publication **November, 10, 2023**