



## **ОСНОВНЫЕ ВОПРОСЫ:**

- 1. Молекулярная филогенетика и ДНК-штрихкодирование (идентификация) видов (Картавцев Ю.Ф., ЛМС, ННЦМБ ДВО РАН).**
- 2. Десять лет мировому ДНК-штрихкодированию: О Состоянии дел и о VI юбилейной конференции iBOL (BIO, U. Guelph, Canada).**

# **1. МОЛЕКУЛЯРНАЯ ФИЛОГЕНЕТИКА И ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЕ**

## **Формулировка важнейших результатов ЛМС 2016:**

**В рамках глобального проекта по описанию биоразнообразия, с использованием молекулярных маркеров генов и методологии ДНК-штрихкодирования впервые получены оригинальные данные о систематике, распространении и механизмах видообразования нескольких таксонов рыб и беспозвоночных животных дальневосточных морей России совместно с пополнением соответствующих баз данных, способствующих более качественной работе систематиков, музейных работников и представителей рыбной промышленности**

(Картавцев Ю.Ф., Туранов С.В., Чичвархин А.Ю., Золотова А.О., Чичвархина О.В., Звягинцев А.Ю. ННЦМБ ДВО РАН; совместно с МГУ им. М.В. Ломоносова, Екимова И.А. и ТИПРО-центром, Катугин О.Н.).

## ПУБЛИКАЦИИ (1)

- Kartavtsev Yu. Ph., Batishcheva N.M., Bogutskaya N.G., Katugina A.O., Hanzawa N. Molecular Systematics Research, DNA Barcoding of Altai Osman, *Oreoleuciscus* (Pisces, Cyprinidae, Leuciscinae), and Nearest Relatives, Inferred from Sequences of Cytochrome *b* (*Cyt-b*), Cytochrome Oxidase *c* (*Co-1*), and Complete Mitochondrial Genome // MITOCHONDRIAL DNA PART A, 2016. E-publication. <http://dx.doi.org/10.3109/24701394.2016.1149822>. WoS IF = 1.76.
- Turanov S.V., Kartavtsev Yu. Ph., Lee Y.-H., Jeong D. Molecular-phylogenetic reconstruction and taxonomic investigation of eelpouts (Cottoidei: Zoarcales) based on *Co-1* and *Cyt-b* mitochondrial genes // MITOCHONDRIAL DNA PART A, 2016. E-publication <http://dx.doi.org/10.3109/24701394.2016.1155117>. WoS IF = 1.76.
- Katugin O.N., Chichvarkhina O.V., Zolotova A.O., Chichvarkhin A. DNA barcoding for squids of the family Gonatidae (Cephalopoda: Teuthida) from the boreal North Pacific // Mitochondrial DNA PART A, 2015. <http://dx.doi.org/10.3109/19401736.2015.1110792>; WoS IF =1.76.

## ПУБЛИКАЦИИ (2)

- Звягинцев А.Ю., Санамян К.Э., Туранов С.В., Картавцев Ю.Ф. Колониальная асцидия *Didemnum vexillum* Kott, 2002 – чужеродный вид в заливе Петра Великого (Японское море) // Российский Журнал Биологических Инвазий, 2016. № 2. С. 49-59. РИНЦ IF = 0.6 (<http://link.springer.com/article/10.1134/S2075111716030140> ).
- Чичвархин А.Ю., Чичвархина О.В., Картавцев Ю.Ф. *Janolus fuscus* O'donoghue, 1924 (GASTROPODA: PROSTONOTIDAE) – представитель нового для морей России семейства голожаберных моллюсков // Биология моря, 2016. том 42. № 6. с. 13-18. WoS IF = 0.6.
- Чичвархин А.Ю., Екимова И.А., Чичвархина О.В., Егорова Е.Л. Видовая принадлежность ассоциированного с раками-отшельниками голожаберного моллюска рода *Cuthona* Alder et Hancock, 1855 (Gastropoda: Tergipedidae) из Японского моря // Биология моря. 2016 (принята в печать). WoS IF = 0.6.

# АННОТАЦИЯ (1)

На основе молекулярных маркеров (ММ) генов проведена идентификация более 500 представителей ряда таксонов рыб и беспозвоночных животных дальневосточных морей РФ. Выполненная работа существенно улучшила понимание системы этих таксонов и идентификацию особей, в том числе объектов промысла, имея, соответственно, как фундаментальное значение, так и практическую ценность.

**Впервые для РФ реализован комплексный подход, который включает:**

- 1) квалифицированное определение видовой принадлежности отловленных гидробионтов специалистами по группам,
- 2) систематический сбор и хранение образцов тканей и выделение ДНК,
- 3) стандартизацию препаратов ДНК и экспресс-анализ последовательностей ДНК (секвенирование),
- 4) создание и поддержание собственных баз данных (БД), представляющих собой: а) крио-коллекции образцов тканей, б) ДНК-коллекции и в) компьютерные базы данных первичных нуклеотидных последовательностей, зарегистрированных в глобальных базах данных (GenBank/BOLD), в основном по *Co-1*, а также по *Cyt-b* и другим молекулярным маркерам (ММ), г) музейные коллекции.
- 5) содержательный биоинформационный анализ вновь полученных данных с использованием новейших подходов.

## АННОТАЦИЯ (2)

### **Подходы, используемые при конструировании и сопоставлении данных, полученных по молекулярным маркерам (ММ):**

- 1) конструирование генных деревьев по ММ;
- 2) оценка состоятельности топологий генных деревьев на основе нескольких подходов – ML, MP, BI, NJ, а также поиск консенсусного и видового дерева;
- 3) поиск, классификация образцов и идентификация таксонов с использованием коалесцентных подходов: PTP (Poisson Tree Processes), GMYC (Generalized Mixed Yule Coalescent) и др.;
- 4) поиск разрывов или хиатусов в массивах данных ММ на основе не древо-подобных алгоритмов – ABGD (Automatic Barcoding Gap Discovery) и др.;
- 5) эмпирическая оценка точности идентификации по ДНК БД BOLD (BIN) и независимой ваучерной БД (музейные коллекции).

# АННОТАЦИЯ (3)

**Выполнена комплексная работа по 6 разделам, включающая оригинальные исследования, организованные по единой признанной международным сообществом методологии:**

1. Молекулярная таксономия, ДНК-штрихкодирование алтайских османов, *Oreoleuciscus* (Pisces, Cyprinidae, Leuciscinae) и близких родственников на основе последовательностей цитохрома *b* (*Cyt-b*), цитохромоксидазы *c* (*Co-1*) и полного митохондриального генома;
2. Молекулярно-филогенетическая реконструкция и таксономическое исследование бельдюговидных рыб (Cottoidei: Zoarcales) на основе митохондриальных генов *Co-1* и *Cyt-b*;
3. ДНК-штрихкодирование кальмаров семейства Gonatidae (Cephalopoda: Teuthida) из Бореальной зоны северной Пацифики;
4. ДНК-идентификация колониальной асцидии *Didemnum vexillum* Kott, 2002 – чужеродного вида в заливе Петра Великого (Японское море);
5. Комплексное исследование *Janolus fuscus* O'donoghue, 1924 (GASTROPODA: PROSTONOTIDAE) – представителя нового для морей России семейства голожаберных моллюсков;
6. ММ и определение видовой принадлежности голожаберного моллюска рода *Cuthona* Alder et Hancock, 1855 (Gastropoda: Tergipedidae), ассоциированного с раками-отшельниками из Японского моря.

Раздел 1. Молекулярная таксономия, ДНК-штрихкодирование алтайских османов, *Oreoleuciscus* (Pisces, Cyprinidae, Leuciscinae) и близких родственников на основе последовательностей цитохрома *b* (*Cyt-b*), цитохромоксидазы *c* (*Co-1*) и полного митохондриального генома.

Kartavtsev Yu. Ph., Batishcheva N.M., Bogutskaya N.G., Katugina A.O., Hanzawa N. MITOCHONDRIAL DNA PART A, 2016. E-publication.

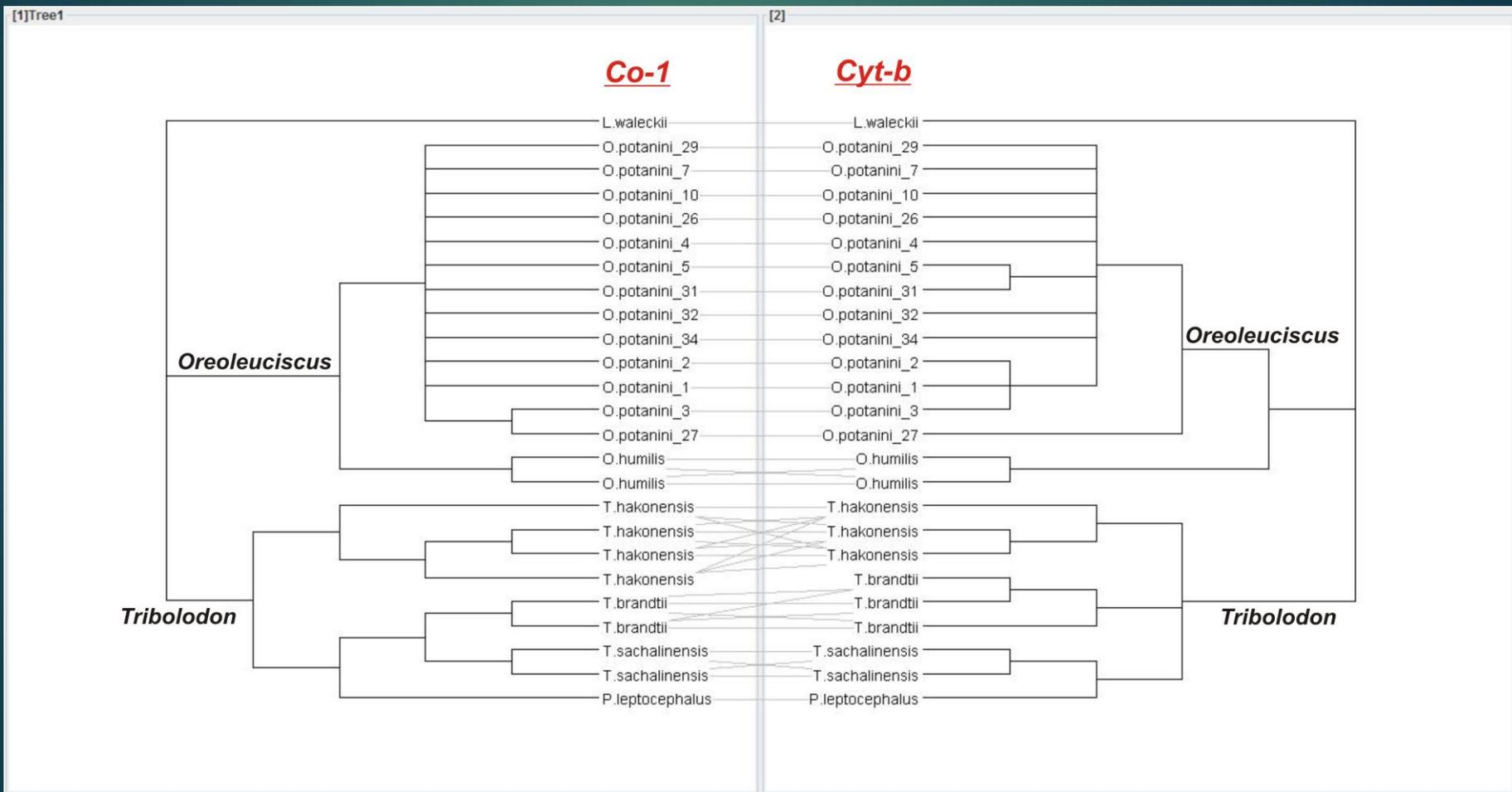
**Сущность результатов:** Выполнено молекулярно-генетическое исследование карповых рыб рода Алтайских османов.

**Новизна:** На основе анализа последовательностей нуклеотидов двух генов (*Co-1* и *Cyt-b*) доказан видовой ранг двух форм Алтайских османов (*Oreoleuciscus*). Впервые оценен уровень эволюционной дивергенции по комплексу белковых генов мтДНК в таксонах карповых рыб.

**Значимость:** По данным для двух отмеченных генов, а также полного митохондриального генома выяснены молекулярно-филогенетические взаимосвязи ельцов (Pisces, Cyprinidae, Leuciscinae), представляющих семейство карповых рыб, одной из важнейших групп мировой и российской фауны, и доказано существование самостоятельной дальневосточной ветви ельцовых рыб. Полученные данные о дивергенции генов полного митогенома в иерархии таксонов подтверждают преобладание градуальной молекулярной эволюции, доказанное ранее для отдельных генов (Картавцев, 2013), поддерживая Неодарвинизм как основную парадигму эволюции и видообразования, в частности.

Рис. 1.3. Тандельграмма деревьев генов *Co-1* и *Cyt-b*, построенных по 25 последовательностям *Leuciscinae* из данной работы и GenBank.

Консенсусные деревья построены на основе ВА-алгоритма. Показаны реконструированные генные деревья *Co-1* и *Cyt-b*. Тонкие линии на концах ветвей обозначают степень совпадения топологий двух деревьев и рассчитаны с использованием эвристического подхода, реализованного в программе Dendroscope (Huson, 2010).



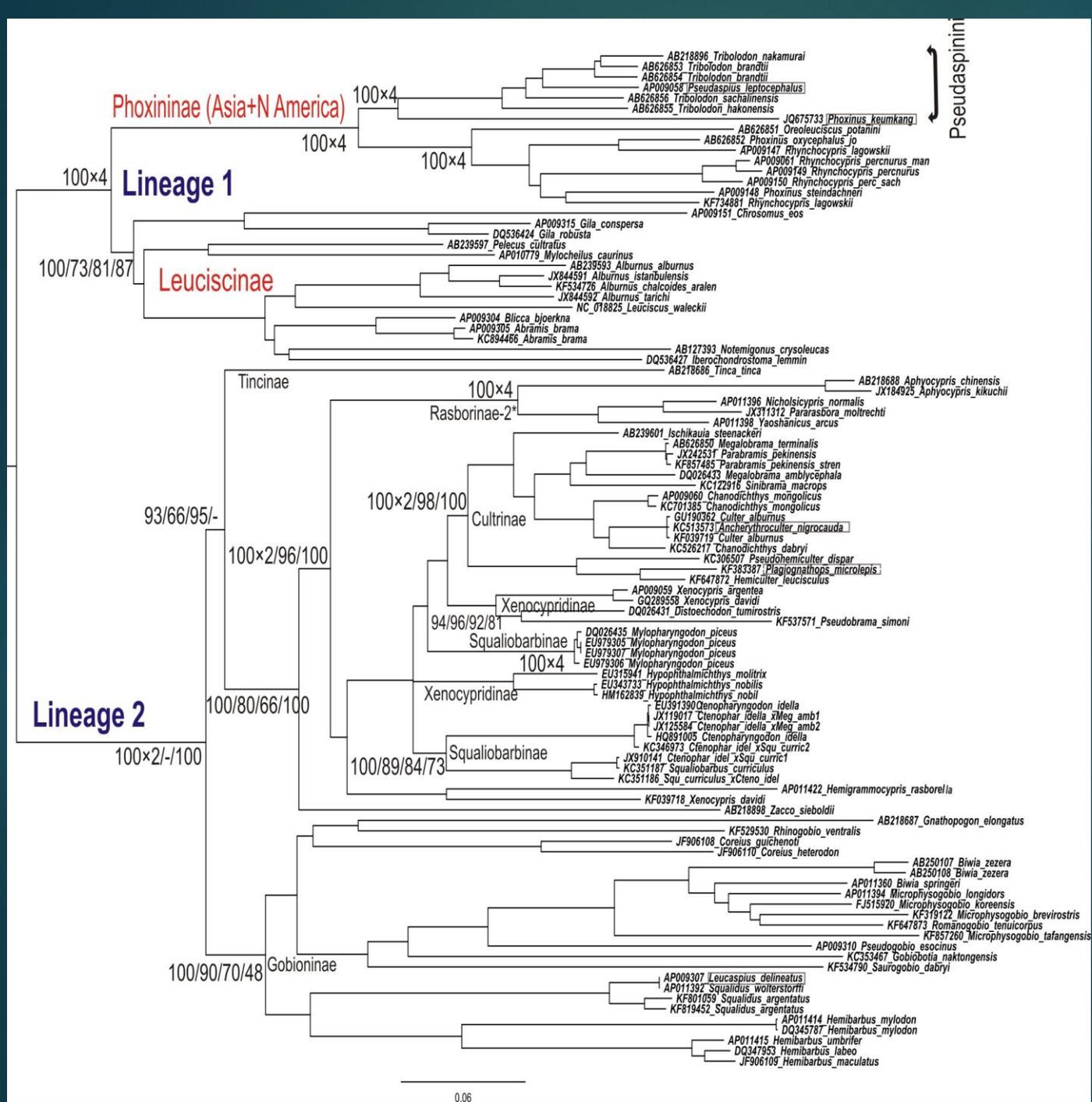


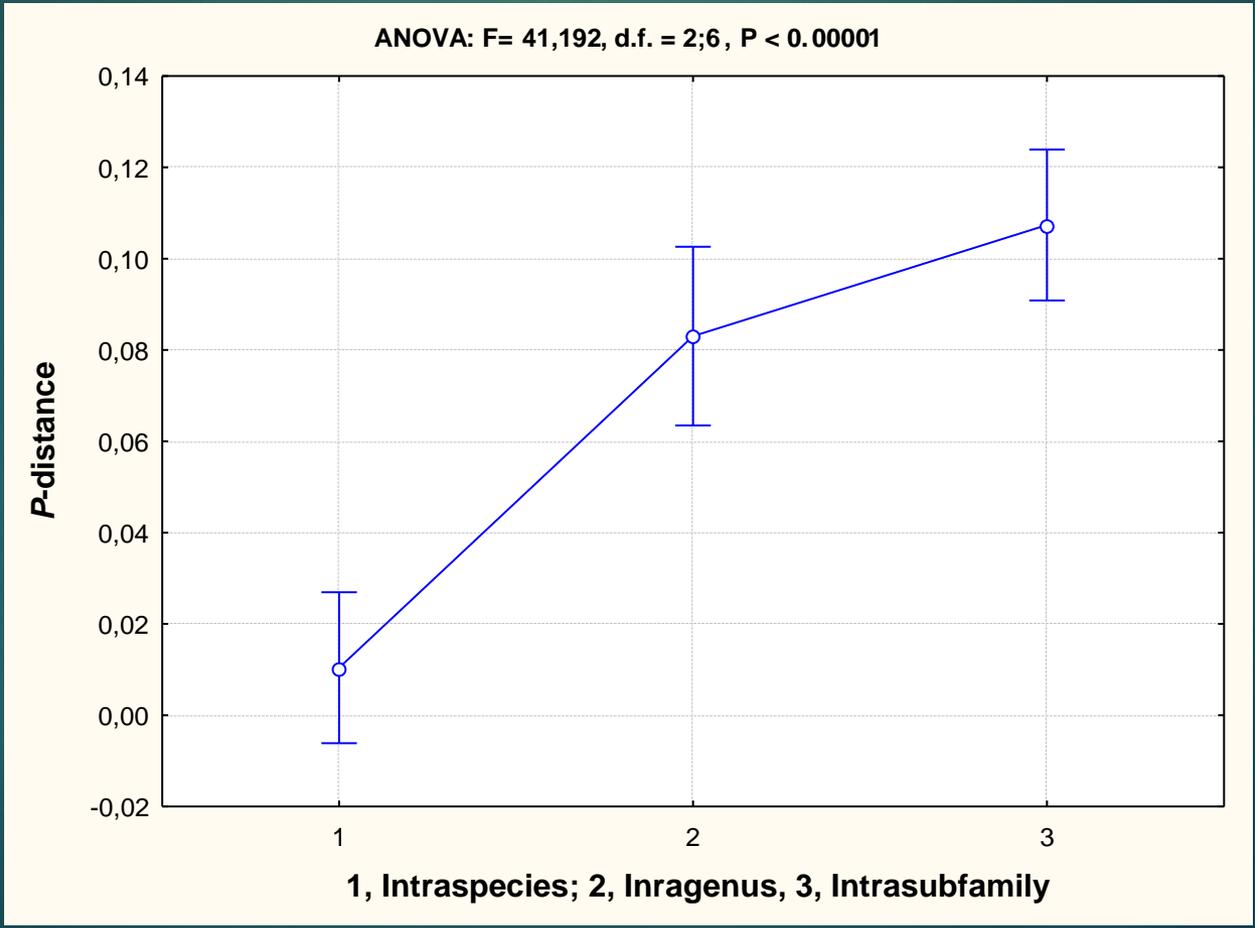
Рис. 1.4. Консенсусное байесовское дерево (BA) с 50%-ным порогом коллапсирования узлов, построенное по изученным нуклеотидным последовательностям 13 генов митогенома для 1М модельных генераций.

Состоятельность BA-дерева определяется постериорными вероятностями (%), показанными рядом с узлами. Консенсусное дерево включало  $k = 634$  сгенерированных деревьев в 50% доверительном наборе общего числа, равного 5838. Рядом через косую линию показаны также поддержки для других использованных методов конструирования деревьев, ML, MP и NJ. Порядок поддержек ветвей: BA/ML/MP/NJ. Для ML, MP, и NJ, бутстреп-поддержки получены при генетировании  $k = 1000$  реплик. Наименования изученных таксонов, показанных в рамках, требуют уточнения вследствие возможных ошибок, размещенных в GenBank образцов неясной морфологии или по другим причинам. Например, *Leucaspis delineatus* является очевидной ошибкой, поскольку образец классифицируется по молекулярным маркерам с родом *Squalidus*.



Рис. 1.5. Результирующий график однофакторного дисперсионного анализа (ANOVA), показывающий вариацию средних значений  $p$ -расстояний по 13 белок-кодирующим генам митогенома в трех сравниваемых группах ельцов *Leuciscinae* и близких видов.

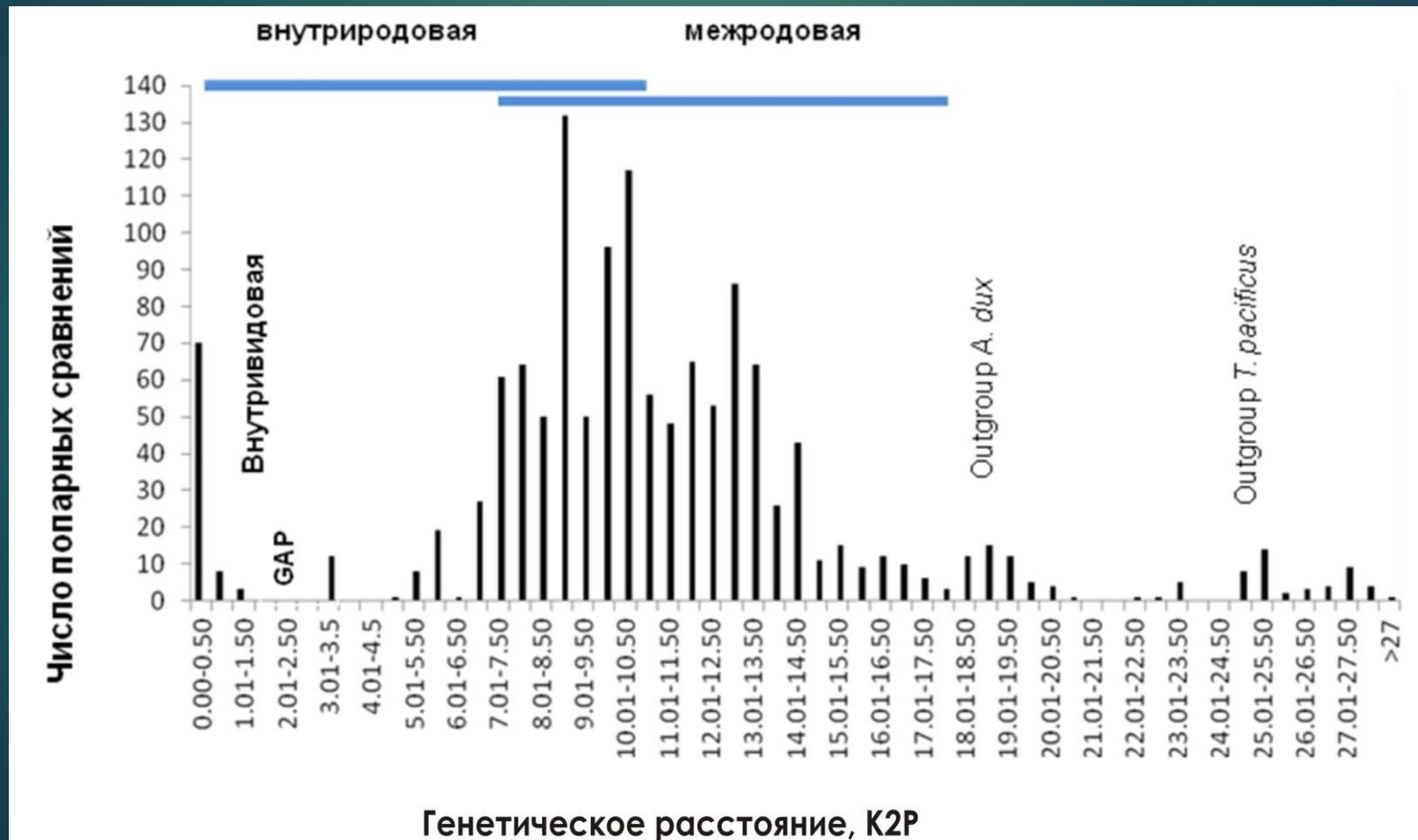
На графике показаны арифметические средние  $p$ -расстояний: 1. Внутри видов; 2. Внутри родов; 3. Внутри подсемейства. Статистическая значимость изменчивости показана сверху. Линии в точках средних показывают доверительные интервалы (95%).



### Раздел 3. ДНК-штрихкодирование кальмаров семейства Gonatidae (Cephalopoda: Teuthida) из Бореальной зоны северной Пацифики

Katugin O.N., Chichvarkhina O.V., Zolotova A.O., Chichvarkhin A. DNA barcoding for squids of the family Gonatidae (Cephalopoda: Teuthida) from the boreal North Pacific. Mitochondrial DNA PART A, 2015. E-publication.

Рис. 3.1. Диаграмма распределения значений генетической дивергенции среди кальмаров семейства Gonatidae и двух видов внешних групп. Иллюстрация на основе применения ABGD-подхода.





## Заключение

Также, для делимитации видов в разделе 6 [Чичвархин и др., 2016] был задействован метод Poisson Tree Processes (PTP) [Zhang et al. 2013], включая визуализацию методом Principal Coordinates Analysis (PCoA) [Zhang et al. 2011].

Этот метод использует допущения филогенетической концепции вида, рассчитывая вероятности происхождения каждого узла филогенетического дерева от одного предка.

В ближайшей перспективе использования - ставший в последнее время популярным близкий к PTP метод GMYC (Generalized Mixed Yule Coalescent) [Fujisawa, Barraclough, 2013].

В планах использование также близкого к GMYC по идеологии  $K/\theta$ -подхода, но обладающего ясной статистической базой [Birky, 2013 и др.].

INTERNATIONAL SYMPOSIUM

# MAPEEG-2015

PROGRAM &  
ABSTRACTS

MAPEEG-2013

MAPEEG-2011

MODERN ACHIEVEMENTS IN

POPULATION, EVOLUTIONARY AND

ECOLOGICAL GENETICS

MAPEEG-2009

MAPEEG-2007

MAPEEG-2005

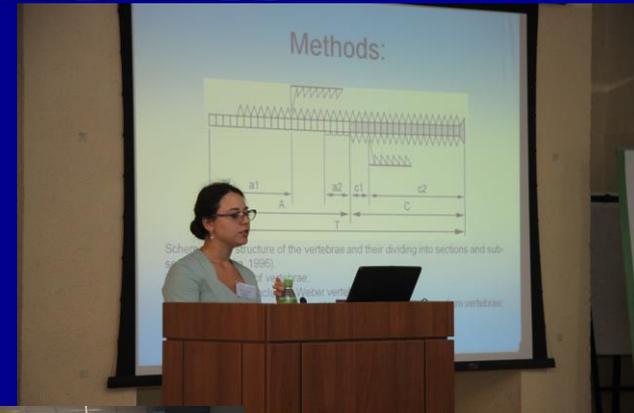
Convener: Dr. Yuri Kartavtsev

MAPEEG-1998

VLADIVOSTOK & VOSTOK MBS

MAPEEG-1995

<http://www.mapeeg.ru/2015>



**2. ДЕСЯТЬ ЛЕТ МИРОВОМУ ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЮ:  
О СОСТОЯНИИ ДЕЛ И О VI ЮБИЛЕЙНОЙ КОНФЕРЕНЦИИ IBOL (BIO,  
U. GUELF, CANADA)**

# ТЕКУЩИЙ ПРОГРЕС, КАМПАНИИ iBOL и др. (iBOL Current Progress, Campaigns etc.)

**Barcode clusters for animals (BINs): 482,051**

**All Sequences: 6,016,392**

**Barcode Sequences: 5,219,015**



The [Formicidae Barcode of Life](#) campaign



The [All Birds Barcoding Initiative](#)



[Trichoptera Barcode of Life](#)

The [Fish Barcode of Life Initiative](#) (FISH-BOL)



The [Lepidoptera Barcode of Life](#) campaign



[The Mammal Barcode of Life](#)

The Mosquito Barcoding Initiative

The [Marine Barcode of Life](#) campaign (MarBOL)

The [Polar Barcode of Life campaign](#) etc.



# BOLD DataBase: BIN records

## Animals: 406436 Public BINs

- [Acanthocephala](#) [58]
- [Annelida](#) [5960]
- [Arthropoda](#) [351782]
- [Brachiopoda](#) [35]
- [Bryozoa](#) [286]
- [Chaetognatha](#) [66]
- [Chordata](#) [28705]
- [Cnidaria](#) [905]
- [Cycliophora](#) [0]
- [Echinodermata](#) [1722]
- [Echiura](#) [15]
- [Gnathostomulida](#) [8]
- [Hemichordata](#) [2]
- [Mollusca](#) [13863]
- [Nematoda](#) [634]
- [Nemertea](#) [242]
- [Onychophora](#) [128]
- [Platyhelminthes](#) [617]
- [Porifera](#) [463]
- [Priapulida](#) [2]
- [Rotifera](#) [681]
- [Sipuncula](#) [108]
- [Tardigrada](#) [153]
- [Xenoturbellida](#) [1]

## Other Life: 3108 Public BINs

- [Heterokontophyta](#) [373]
- [Rhodophyta](#) [2735]

## iBOL Central Nodes:

- [Canada](#) [72025]
- [China](#) [10754]
- [Europe](#) [45813]
  - [France](#) [6183]
  - [Finland](#) [10951]
  - [Germany](#) [19327]
  - [Netherlands](#) [1409]
  - [Portugal](#) [1370]
  - [Spain](#) [4156]
  - [United Kingdom](#) [2417]
- [United States](#) [48417]

## iBOL Regional Nodes:

- [Argentina](#) [15381]
- [Australia](#) [32505]
- [Brazil](#) [6779]
- [India](#) [2542]
- [Mexico](#) [11465]
- [New Zealand](#) [4390]
- [Norway](#) [9616]
- [Russia](#) [6820]
- [South Africa](#) [12320]

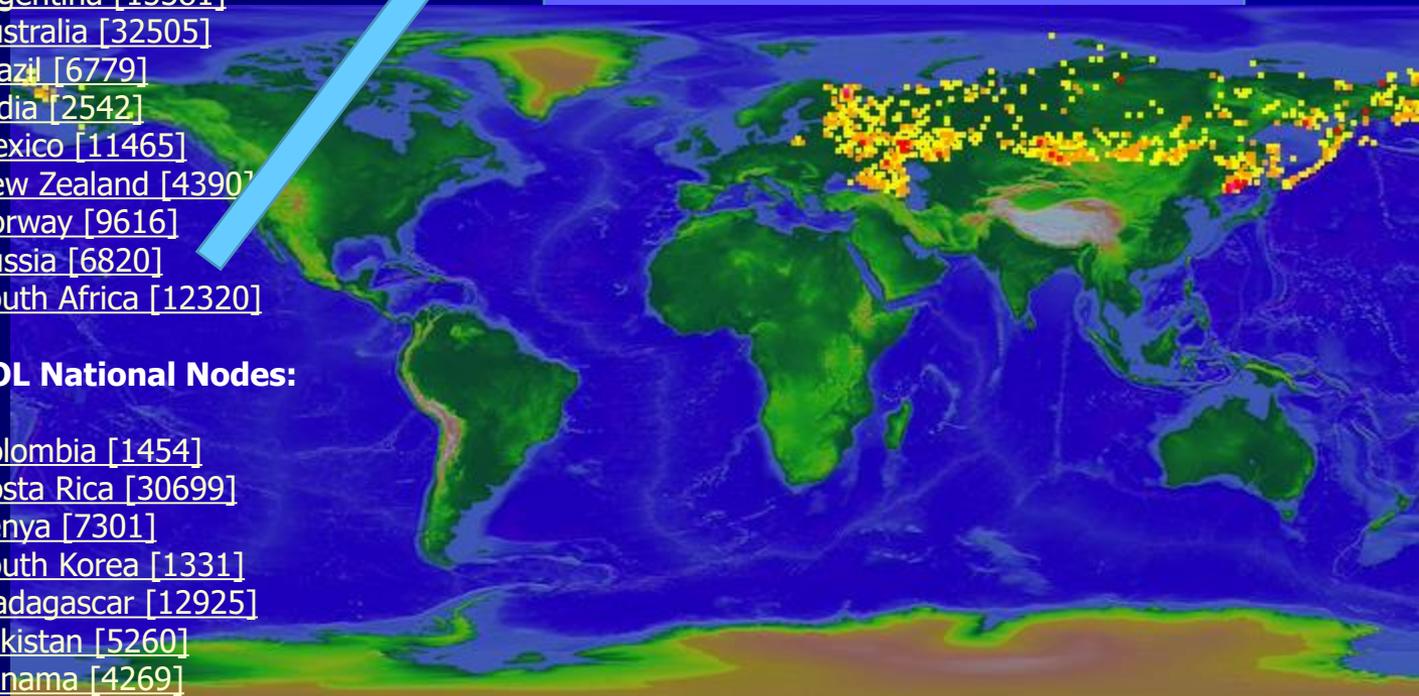
## iBOL National Nodes:

- [Colombia](#) [1454]
- [Costa Rica](#) [30699]
- [Kenya](#) [7301]
- [South Korea](#) [1331]
- [Madagascar](#) [12925]
- [Pakistan](#) [5260]
- [Panama](#) [4269]

Found 30634 published records, forming 6820 BINs (clusters), with specimens from 1 country, deposited in 232 institutions.

Of these records, 12421 have species names, and represent 3448 species.

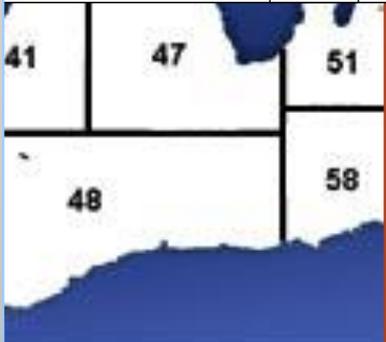
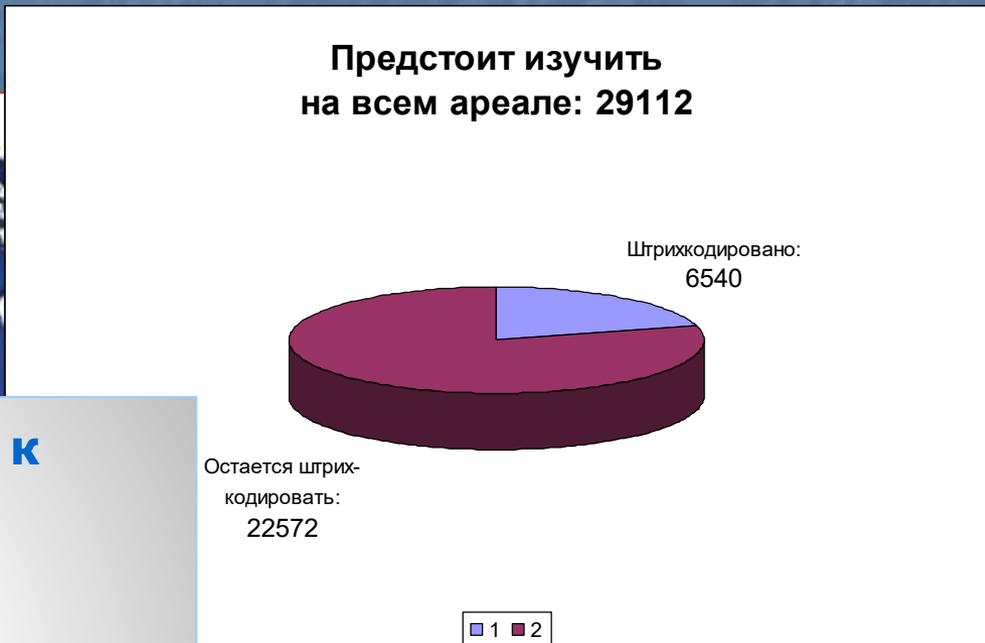
Specimen distribution:



# МЕЖДУНАРОДНЫЙ ПРОЕКТ ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЯ ВИДОВ ЖИВЫХ ОРГАНИЗМОВ



Co-Chair: C. Oliveira, M. Vardes  
Coordinator: R. Hanner





<http://dnabarcodes2015.org/>

### Invited Speakers:

### Program

The 6<sup>th</sup> International Barcode of Life Conference featured an exciting mixture of invited plenary presentations, contributed sessions, discussion panels, and social events. The Program at a Glance provides an overview of the program and schedule.



**Paul Hebert**, Director of the Biodiversity Institute of Ontario (BIO) and Scientific Director of the International Barcode of Life Project.



**Yves Basset** Smithsonian Tropical Research Institute in Panama (<http://stri.si.edu/sites/basset/>).



**Louis Bernatchez**, is an evolutionary biologist, Laval University, Québec



**Rosemary Gillespie** is a Professor at the University of California



**Daniel Janzen** is Professor of Conservation Biology at the University of Pennsylvania



**Sujeevan Ratnasingham** (left) is Informatics Director at BIO, BOLD Creator

**David Posada** (right) is Professor of Genetics at the University of Vigo

## Parallel Session Schedule

**Session Themes:** Analytics & Techniques; Barcoding; Biomes; Ecology; Evolutionary Biology; Socio-Economic Applications; Taxonomy

**Tuesday** Aug 18, 2015

**Session 1** 2:00 – 3:30

Biosurveillance 1; Barcoding Medicinal Plants 1; **Fish Barcode of Life 1**; Detection of eDNA 1; Biodiversity and Turnover in Hotspots; Trophic Ecology of Mammals; Diversity and Systematics of Bees

**Session 2** 4:00 – 5:30

Biosurveillance 2; Barcoding Medicinal Plants 2; Fish Barcode of Life 2; Food Webs and Communities; Marine Biodiversity and Systematics; Barcoding Type Specimens; Phylogeography and Geographic Patterns of Speciation

.....

**Thursday** Aug 20

**Session 5** 4:00 – 5:30

Plant Barcoding 2; Food Authenticity and Safety 2; Freshwater Biodiversity; Next Generation Platforms and Analysis Pipelines 1; Large-Scale Understanding of Terrestrial Biodiversity; Species Concepts, Boundaries, and Origins

.....

**Friday** Aug 21

**Session 6** 2:00 – 3:30

Responses of Biodiversity to Environmental Change; Advancing Knowledge of Terrestrial Biodiversity; Supporting Laws to Protect Threatened Species ext; Generation Platforms and Analysis Pipelines 2; Molecular Evolution; Ethics, Policy, and Society Education and Barcoding

# Committiees

## Conference Operating Committee

**Sarah Adamowicz**, Assistant Professor, U. Guelph  
**Mehrdad Hajibabaei**, Assistant Professor, U. Guelph  
**Robert Hanner**, Associate Professor, U. Guelph  
**Paul Hebert**, Professor, Canada Research Chair, Tier 1, U. Guelph



## Scientific Organizing Committee

**Paul Hebert, Filipe Costa, Manuel Elías Gutiérrez, Scott Miller, Cláudio Oliveira**  
... **Total 20 persons**

## Local Support Committee

**Alex Borisenko, Meg Fritzsche, Dirk Steinke, Evgeny Zakharov, Sujeevan Ratnasingham, etc.**

## Poster Session. Closing Ceremony



## Closing Remarks by P. Hebert



## Group Photo – by Drone!





# *THANKS FOR ATTENTION*

# *СПАСИБО ЗА ВНИМАНИЕ*

Grant awards: RSF 14-50-00034; RFBR 14-04-00758 and 15-29-02456

