

Вавиловское общество генетиков и селекционеров
Научный совет РАН по проблемам генетики и селекции
Южный научный центр РАН
Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН
Институт аридных зон Южного научного центра РАН
Биологический факультет МГУ им. М.В. Ломоносова

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПОДХОДЫ В ТАКСОНОМИИ И ЭКОЛОГИИ

Тезисы докладов научной конференции

25–29 марта 2013 г.
Ростов-на-Дону
Россия



Ростов-на-Дону
Издательство ЮНЦ РАН
2013

МОРФОЛОГИЧЕСКОЕ КАРТИРОВАНИЕ МОЛЕКУЛЯРНЫХ ФИЛОГЕНИЙ: ОЦЕНКА ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОГО СИГНАЛА РАЗНЫХ СИСТЕМ ПРИЗНАКОВ МЕТОДАМИ ГЕОМЕТРИЧЕСКОЙ МОРФОМЕТРИИ

А.Г. Васильев¹, И.А. Васильева¹, Л.А. Войта², Ю.Н. Литвинов³

¹Институт экологии растений и животных Уральского отделения РАН, Екатеринбург, vag@irae.uran.ru

²Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург, desmana.zin@gmail.com

³Институт систематики и экологии животных Сибирского отделения РАН, Новосибирск, litvinov@eco.nsk.ru

Проблема конгруэнтности молекулярной и морфологической филогений и оценки филогенетического сигнала для разных систем признаков становится все более актуальной по мере осознания необходимости верификации филогенетических гипотез, построенных на основе применения различных алгоритмов, а также поиска направлений эволюционно-морфологических преобразований в разных таксономических группах. Для решения этих задач все шире используются технологии морфологического картирования филогенетических деревьев, полученных молекулярно-генетическими методами, а также оценки филогенетического сигнала в разнообразии морфоструктур на основе использования методов геометрической морфометрии – ГМ (Clabaut et al., 2007; Klingenberg, Gidaszewski, 2010). Цель работы заключалась в оценке степени согласованности морфологических и молекулярных филогений для разных систем морфологических признаков (краниометрических, одонтометрических, неметрических) на примере нескольких таксономических групп грызунов сем. Cricetidae и Muridae. Использовали методы ГМ при оценках уровня филогенетического сигнала для традиционно используемых систематиками и палеонтологами щечных зубов m1 и M3, а также для дискретных гомологичных фенотипических признаков осевого черепа и нижней челюсти (Васильев, Васильева, 2009). Филогенетический сигнал, содержащийся в разных морфоструктурах, оценивали как на основе уже опубликованных молекулярных филогений, так и вновь построенных филогенетических деревьев по нуклеотидным последовательностям митохондриального гена *cyt b* из GenBank. При морфокартировании применяли алгоритм квадратированной парсимонии (Maddison, 1991), а при тестировании филогенетического сигнала – перестановочный (permutation) тест (Klingenberg, Gidaszewski, 2010), реализованные в программе MorphoJ (Klingenberg, 2011). Морфологическое картирование молекулярной филогении по разным признакам позволило установить, что в разных надвидовых таксонах одни и те же морфоструктуры могут проявлять себя по-разному: у одних таксономических групп их разнообразие дает высокий филогенетический сигнал (значения *CI* – consistency index и *RI* – retention index близки к 1), у других, напротив, имеют низкие значения. Показано, что композиции гомологичных фенотипических признаков черепа (фенограммы) проявляют высокий и статистически значимый филогенетический сигнал у разных таксономических групп.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 11-04-00720 и проекта программы фундаментальных исследований Президиума УрО № 12-С-4-1031.