

Доклад: Секвенирование полных митохондриальных геномов гольцов рода *Salvelinus*: расширение генетических ресурсов для идентификации видов и мониторинга биоразнообразия.

Митогеномика или изучение полных последовательностей митохондриальных геномов была предложена в качестве полезного инструмента для филогенетического анализа многих видов организмов. Важность митогеномной базы данных продолжает расти быстрыми темпами, поскольку с появлением новых технологий секвенирования генерируются огромные объемы данных (Miya, Nishida, 2013; Schroeter et al., 2020). Серьезное узкое место, которое отмечают многие исследователи, это ограниченность информации о митохондриальных геномах редких, узкоареальных или труднодоступных видов. Притом, что расширение представленности видов по митохондриальным геномам поможет перейти от методов метабаркодинга одного гена к метагеномике в оценке биоразнообразия, и предоставит ценный ресурс для молекулярной экологии и филогенетики. Данное направление стало активно развиваться, в том числе и для группы гольцов рода *Salvelinus*.

В последние годы были получены новые данные, представляющие существенный вклад в базы митохондриальных геномов гольцов. Большим успехом можно считать депонирование митохондриальных геномов эндемичных гольцов: из озера Начикинского (Камчатка) *Salvelinus* sp. 4 (согласно: Богуцкая, Насека, 2004), из озера Эльгыгытгын (Чукотка) малоротую палию *S. elgyticus*, боганидскую палию *S. boganidae*, длинноперую палию Световидова *Salvethymus svetovidovi*, гольца Леванидова *S. levanidovi*, сведения о которых отсутствовали в международных базах данных NCBI/GenBank. Каждый из этих таксонов по-своему уникален и интересен, со специфическим набором морфологических признаков. В результате проведенных исследований, был сделан важный вывод, что филогенетические исследования узкоареальных, эндемичных и спорных таксонов гольцов значительно выигрывают от секвенирования митохондриальных геномов (Oleinik et al., 2022). Идентификация на основе митогеномов дополняет традиционные методы анализа, и обеспечивает более точное разрешение филогенетических отношений внутри рода. Полученные результаты важны для оценки и мониторинга биологического разнообразия, а также природоохранных мер в условиях усиливающегося антропогенного воздействия на популяционные системы промысловых рыб, к которым относятся гольцы.

По сравнению с филогенетическими деревьями в предыдущих исследованиях гольцов рода *Salvelinus*, филогенетическое дерево, основанное на полных митохондриальных геномах, стало более устойчивым и надежным. Ранее было показано, что длинные последовательности мтДНК надежно поддерживают монофилетические группы и дивергенцию ветвей дендрограмм на высших иерархических уровнях у рыб (Miya, Nishida, 2015). Наше исследование подтвердило, что полные митохондриальные геномы могут обеспечить адекватное разрешение противоречивых филогенетических взаимоотношений близкородственных видов гольцов. Наличие реперных митохондриальных геномов позволяет не только идентифицировать узкоареальные, эндемичные таксоны и эволюционно значимые внутривидовые группировки гольцов, но и в дальнейшем поможет тестировать случаи интрогрессивной гибридизации между ледниковыми филогенетическими линиями.

Полученные результаты полностью оригинальны, соответствуют мировому уровню и отражают современные тенденции научных исследований в области филогенетики и филогеографии.