

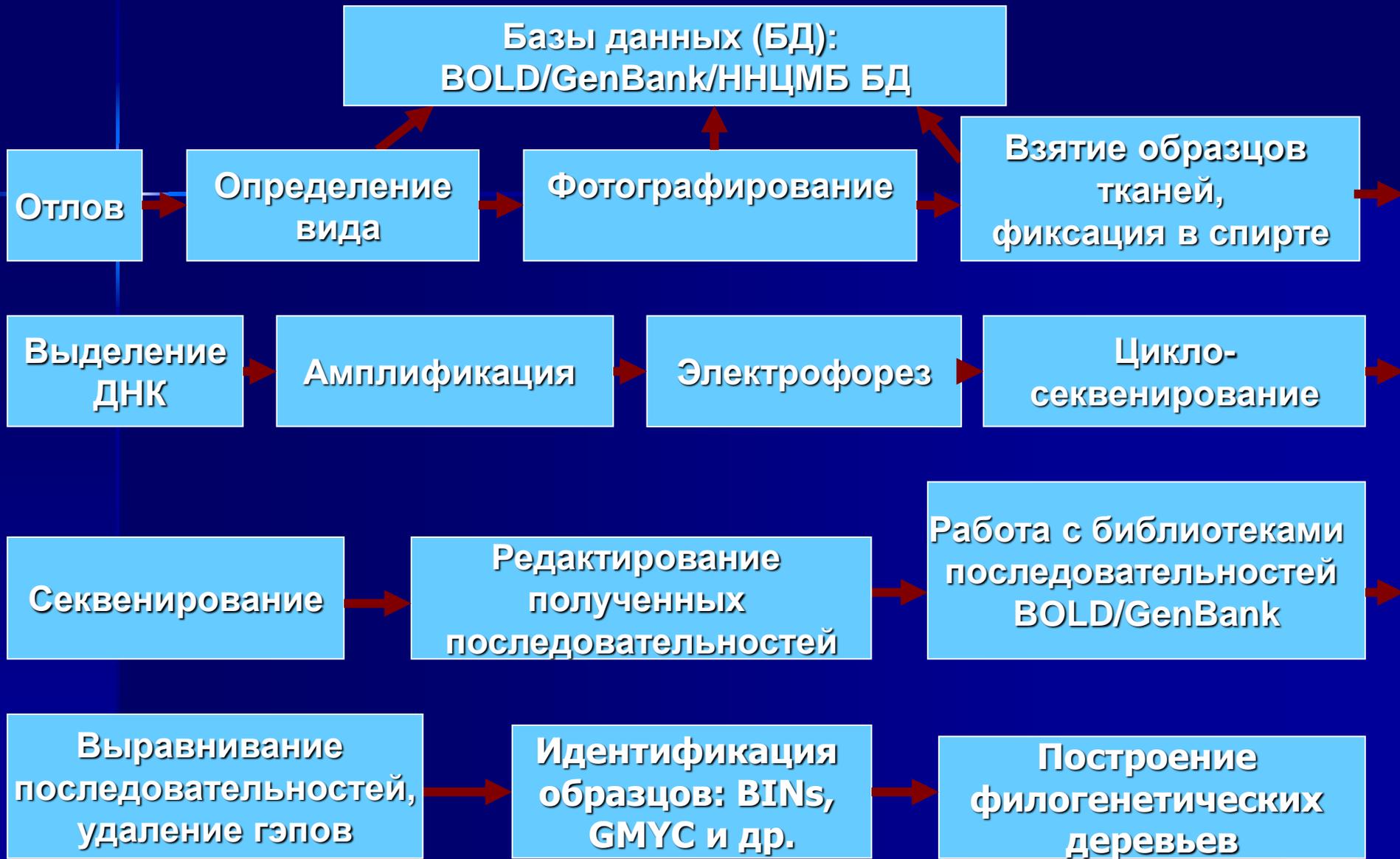


## **ОСНОВНЫЕ ВОПРОСЫ:**

- 1. Молекулярная филогенетика и ДНК-штрихкодирование видов.**
- 2. О состоянии дел и о VII конференции iBOL (Skukuza, South Africa).**

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

# Схема работы:



## **2. О СОСТОЯНИИ ДЕЛ И О VII КОНФЕРЕНЦИИ iVOL (South Africa)**

## Важнейшие результаты в 2016-2018 гг.

В рамках глобального проекта по описанию биоразнообразия ([www.ibol.org](http://www.ibol.org)), при поддержке РФФ+РФФИ и с использованием молекулярных маркеров (ММ) 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 мировых и собственных баз данных, способствующих более качественной работе систематиков, музейных работников и представителей рыбной промышленности. С помощью ММ доказано наличие фальсификаций рыбной продукции, представленной в торговой сети.

**Публикации: Более 20 статей по этой и близкой тематике.**

Картавец Ю.Ф., Туранов С.В., Чичвархин А.Ю., Золотова А.О., Чичвархина О.В., Звягинцев А.Ю. и др. ШЕН, ННЦМБ ДВО РАН; совместно с МГУ им. М.В. Ломоносова, Екимова И.А. и ТИНРО-центром, Катугин О.Н.

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

<http://dx.doi.org/10.3109/24701394.2016.1149822>.

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>.

# «ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЕ ВИДОВ И БИОИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ БАЗ ДАННЫХ ПО ИССЛЕДОВАНИЮ БИОРАЗНООБРАЗИЯ РФ» (КПФИ12-06-002)

The screenshot shows the Microsoft Access interface for a database named 'frm\_Examles'. The main form is titled 'Ammodytes hexapterus'. It contains several data entry fields:

- data:** 29.04.2006
- vauchNum:** IMB10&#1040;
- Identifier:** Sokolovskii A.S.
- Collector:** Kartavtsev Y.Ph.
- Donor:** (empty)
- geo:** Залив Восток
- Latitude:** 45,5
- Longitude:** 132,4499969
- Elevation:** (empty)

There are also fields for 'genKodCYB' (empty), 'genKodCO\_1' (containing DNA sequence: GTGCTTSASCCGAKGAATGTGTAWAGG, TGTGACWGCNTCTAAGCCTGCTCATCC, TGAGCAGAACTTAGCCAAACCCGGCC), and 'file\_name:'. A photo of a fish is displayed with a date stamp '23/03/2009'. Below the form is a table with columns 'data' and 'geo':

data	geo
15.08.2008	Берингово
15.08.2008	Берингово
29.04.2006	Залив Восток

At the bottom, there is a status bar showing 'Запись: 1 из 4', 'Нет фильтра', and 'Поиск'.

С помощью программных средств для ПК создана проблемно-ориентировочная пополняемая база данных по рыбам и другим организмам для использования ее биологическими музеями РФ. База данных представляет собой информацию, размещенную на ПК, и состоящую из 3-х основных компонентов. В нее внесена информация о 500 ваучерных экземплярах рыб и других гидробионтов.

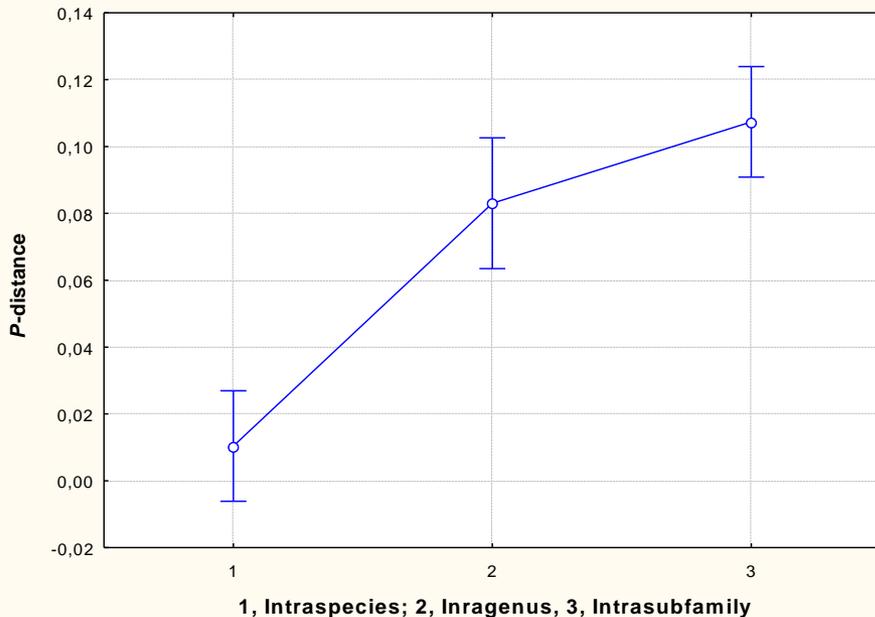


# СРАВНЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РАССТОЯНИЙ

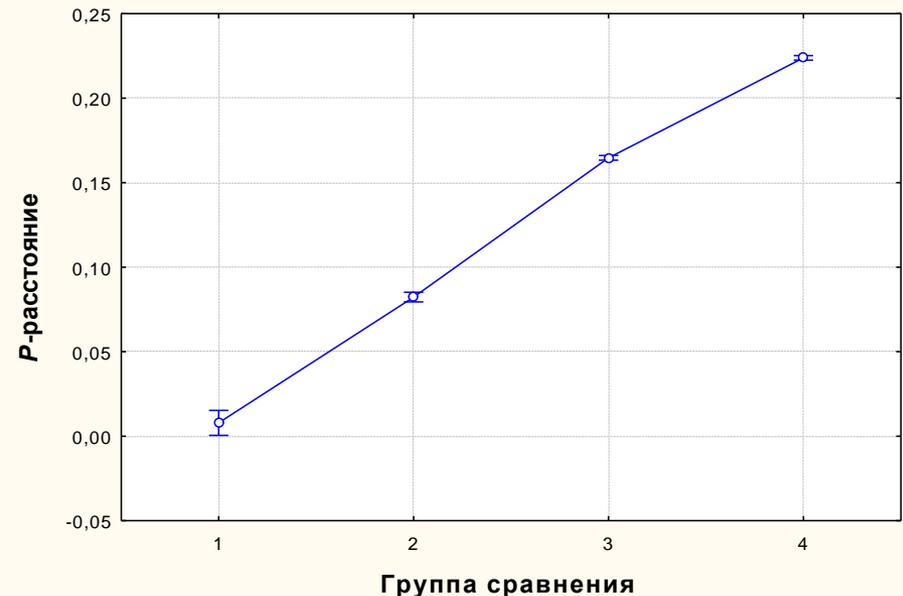
Изменчивость средних значений  $P$ -расстояний ( $P$ -distance, ANOVA) по 13 белок-кодирующим генам митохондриального генома в трех сравниваемых группах ельцовых рыб (Leuciscinae, Cyprinidae: 1-3) и близких видов, показывающие успешность применения ММ и методологии ДНК-штрихкодирования на основе широкого спектра маркеров.

**Рис. 2.** На графиках даны арифметические средние  $p$ -расстояний (Ось Y;  $P$ -distance) для групп сравнения: 1. Внутри видов; 2. Внутри родов; 3. Внутри подсемейств-семейств и 4. Внутри отрядов (Ось X). Статистическая значимость изменчивости показана сверху. Линии в точках средних обозначают доверительные интервалы (95%) (Kartavtsev et al., 2017; Картавец, Редин, 2019).

ANOVA:  $F = 41,192$ ,  $d.f. = 2;6$ ,  $P < 0.00001$



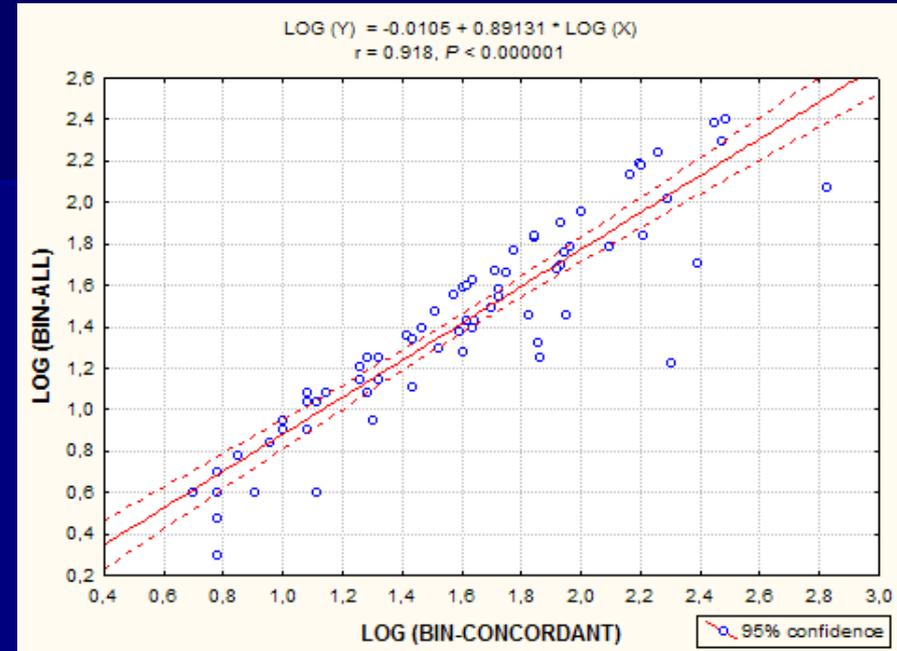
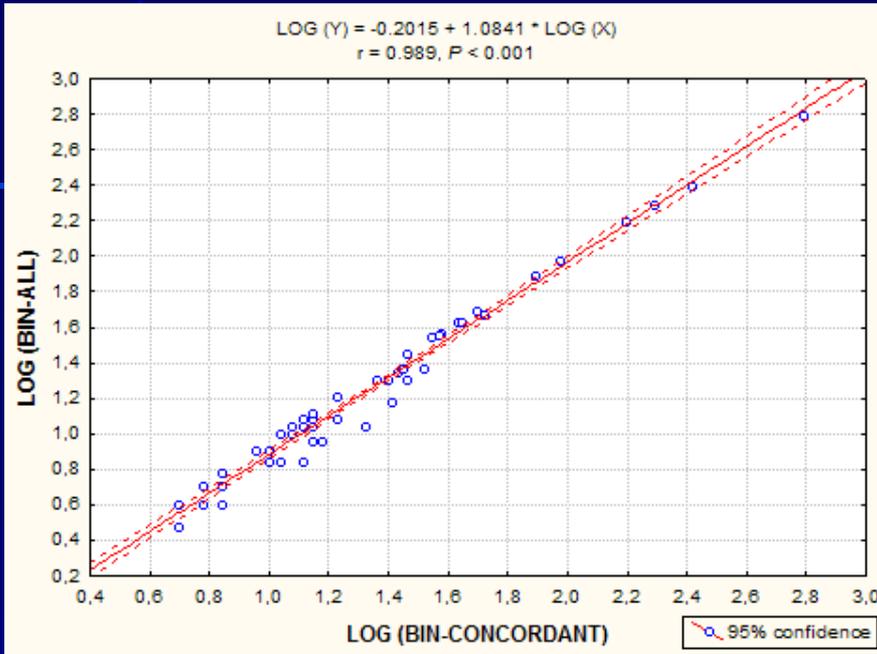
Эффект:  $F = 3685.2$ ,  $d.f. = 3; 7455$ ,  $P < 0.0001$   
Вертикальные линии - 95% доверительный интервал



# СРАВНЕНИЕ ГЕННЫХ ДЕРЕВЬЕВ

Наши и литер. данные: FERU/TZFPС

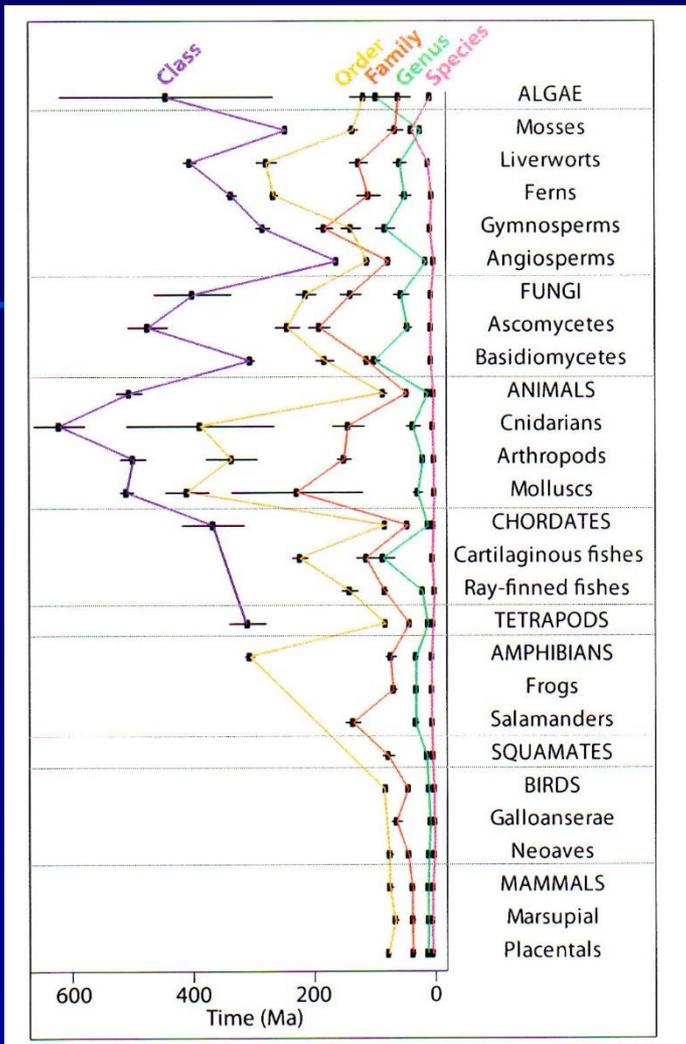
Проект BOLD: SCFAA



**Рис. 3. Регрессионный анализ распределения значений BIN, размещенных в базе данных BOLD для трех проектов исследования рыб, FERU/TZFPС и SCFAA (По Kartavtsev, 2018).**

Значения по Y-оси, LOG (BIN-ALL) (переменная, представляющая значения зоологически определяемых образцов для трех категорий, обозначенных в BOLD: внутри видов, внутри родов и внутри семейств) в сопоставлении со значениями по X-оси, LOG (BIN-CONCORDANT) (Согласующиеся OTU-кластеры для Co-1 мтДНК ДНК-штрихкодов или образцов последовательностей для тех же трех выше описанных категорий). Изменчивость показывает статистически значимую положительную линейную зависимость двух переменных X и Y для проанализированных проектов FERU/TZFPС (слева) и SCFAA (справа; McCusker et al. 2012). Суммарная ковариация двух переменных на основе значений BIN в проектах составила:  $R^2 = 98\%$  и  $R^2 = 84\%$ , соответственно для двух графиков. Подробности представлены в статье (Kartavtsev, 2017; Supplement, DATA1, DATA2, DATA3 spreadsheets).

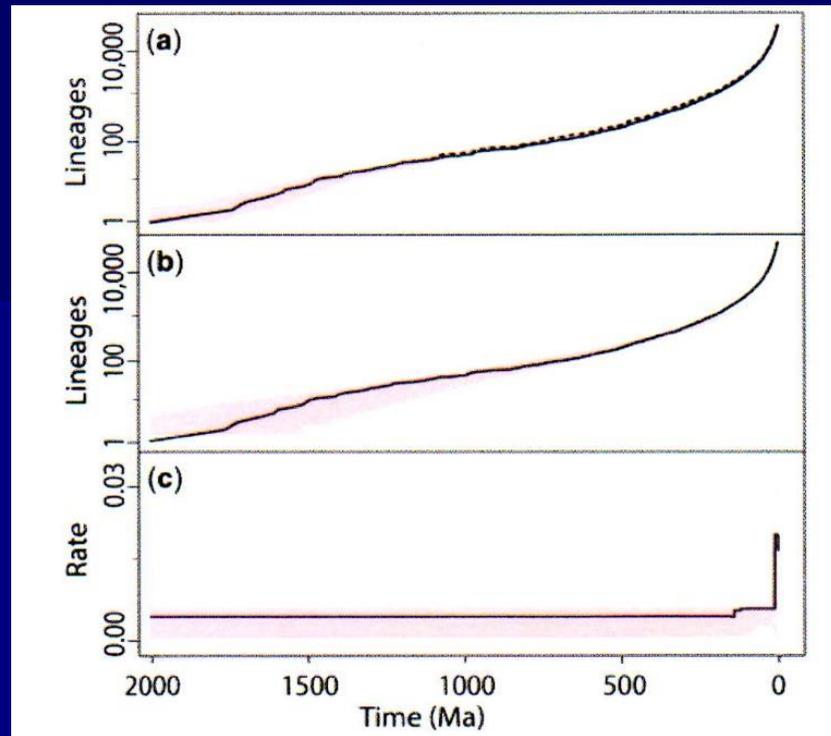
# ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РАССТОЯНИЯ И ВИДООБРАЗОВАНИЕ



**Рис. 4.** Временная взаимосвязь рангов таксонов для эукариот, с представлением 95% доверительных интервалов.

Масштабирование во временную шкалу проведено по MM

(По Hedges et al. 2015).



**Рис. 5.** Паттерны диверсификации филетических линий. (a) Кумулятивная кривая линии-дивергенция-время эукариот (LTT) (50 455 видов). Черным показано число линий во времени (несглаженные - пунктирные, сглаженные - основные) и дисперсии (красный, 500 реплик). (b) Такая же кривая LTT (черная линия), но сопоставленная с модельной кривой постоянной экспансии LTT ((скорости видообразования) = 0.073 и (скорости вымирания) = 0.070) показанная с 99% доверительными интервалами (красный). (c) График скорости диверсификации по тому же набору данных, показывающий только существенные изменения скорости на основе максимально-правдоподобных тестов (красный, 500 реплик) с 99% интервалами (По Hedges et al. 2015).

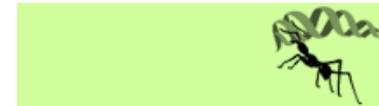
# ТЕКУЩИЙ ПРОГРЕС, КАМПАНИИ iBOL и др. (iBOL Current Progress, Campaigns etc.)

**Число видов:** > 500 000 (животных: 279 679)  
**Число последовательностей:** 6 016 392 (8 452 436)  
**Штрихкодов:** 5 219 015 (6 108 027)

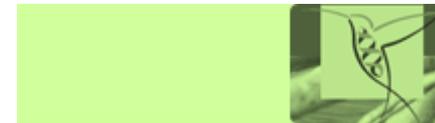


Желтым: данные на 21.06.2018

The [Formicidae Barcode of Life](#) campaign



The [All Birds Barcoding Initiative](#)

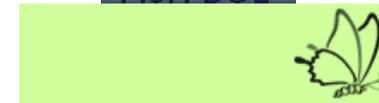


[Trichoptera Barcode of Life](#)

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



The [Lepidoptera Barcode of Life](#) campaign

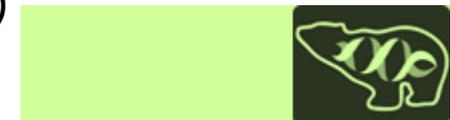


[The Mammal Barcode of Life](#)

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:

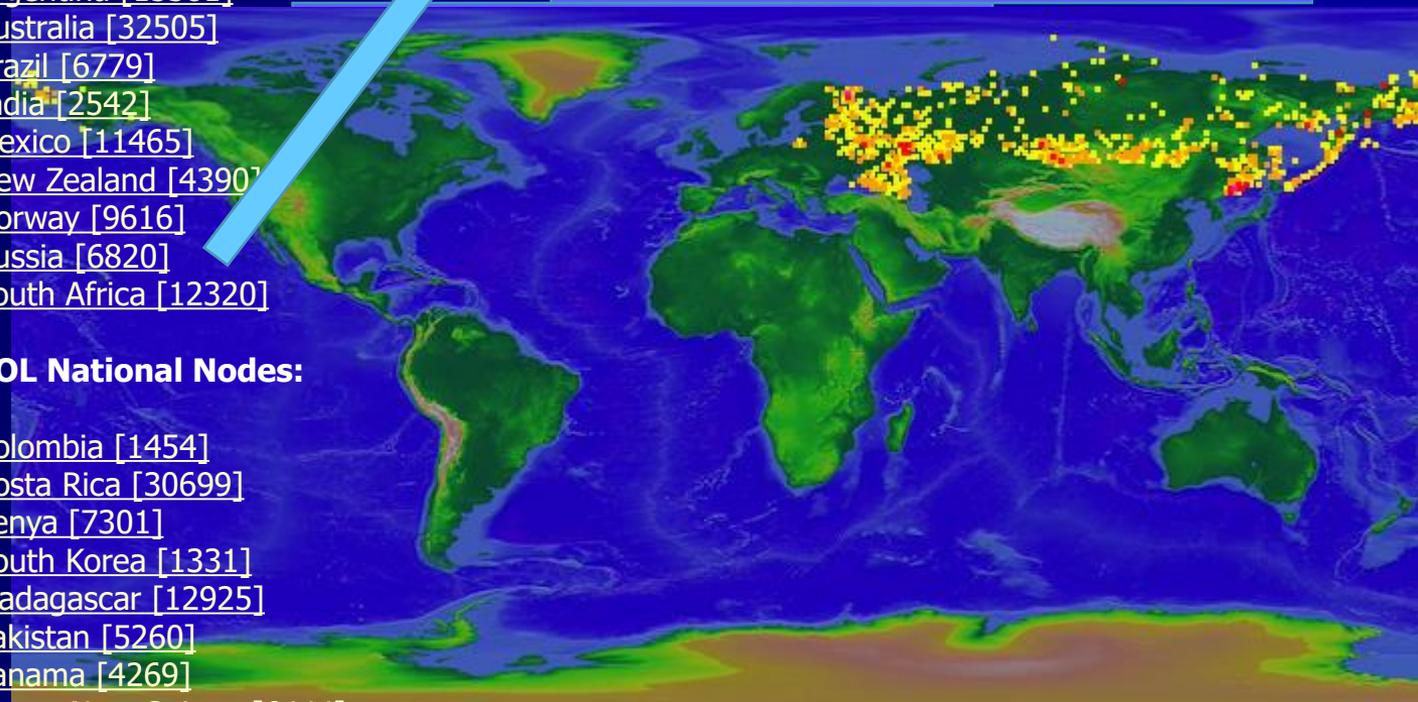
- [Argentina](#) [15381]
- [Australia](#) [32505]
- [Brazil](#) [6779]
- [India](#) [2542]
- [Mexico](#) [11465]
- [New Zealand](#) [4390]
- [Norway](#) [9616]
- [Russia](#) [6820]
- [South Africa](#) [12320]

## iBOL National Nodes:

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

Изучено 30634 (**32177**) образцов, формирующих 6820 (**7097**) кластеров (виды и др. таксоны),  
**ННЦМБ+ДВФУ → 1000.**

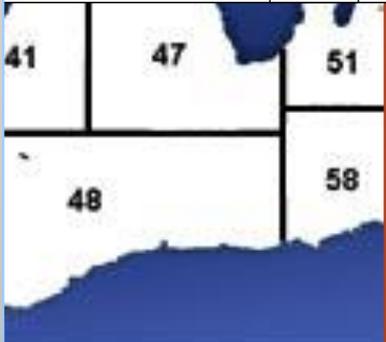
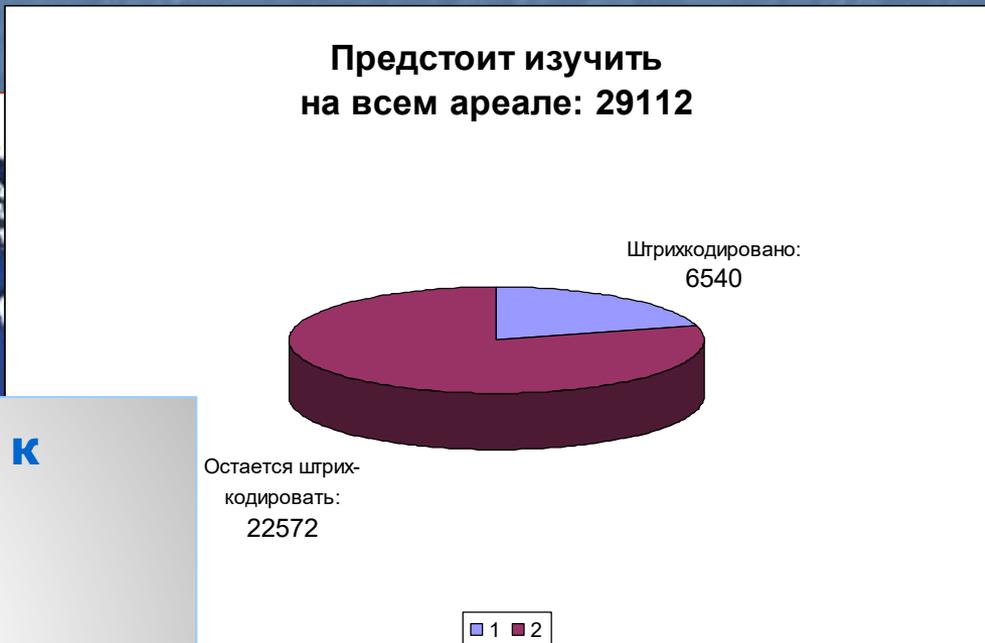
Образцы отнесены к 3448 (**4438**) видам. РФ по этой тематике осуществляет сотрудничество с США, Канадой, Японией, республикой Корея и другими странами.



# МЕЖДУНАРОДНЫЙ ПРОЕКТ ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЯ ВИДОВ ЖИВЫХ ОРГАНИЗМОВ



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



# О VII конференции iBOL (Skukuza, South Africa) и другие активности



1. Международная конференция *iBOL-2017* (Скукуза, ЮАР). RUS-BOL - 4 участника.
2. Международная конференция: Научно-технологические разработки в области изучения и мониторинга морских биологических ресурсов. Scientific and Technological Developments of Research and Monitoring of Marine Biological Resources (Владивосток, РФ).
3. Международный симпозиум *MAPEEG-2017* (Владивосток, РФ).
4. Международная конференция *GSA-2018* (Мэдисон, Висконсин, США).
5. Международная конференция *MolPhy-2018* (Москва, РФ).
6. Международный ихтиологический конгресс *HedromediT-2018* (Волос, Греция).

INTERNATIONAL SYMPOSIUM

# MAPEEG-2017

PROGRAM &  
ABSTRACTS

MAPEEG-2015  
MAPEEG-2013  
MODERN ACHIEVEMENTS IN  
POPULATION, EVOLUTIONARY AND  
ECOLOGICAL GENETICS

MAPEEG-2011

MAPEEG-2009

Convener: Dr. Yuri Kartavtsev

MAPEEG-2007

MAPEEG-2005

VLADIVOSTOK & VOSTOK MBS

MAPEEG-1998

MAPEEG-1995



<http://www.mapeeg.ru/2017>

# ЕЩЕ ОБ УСПЕХАХ. И ГЛАВНОЕ – О ПЛАНАХ

- Важным достижением за прошедший период можно считать подборку статей в Успехах современной биологии (№ 6, 2018 и №1, 2019). К сожалению, отдельного номера не получилось, но это не главное. Три статьи по тематике ДНК-штрихкодирования – это очень хорошо!
- Впереди просматриваются НИР с использованием средовой ДНК и НГС.

## Планы (предлагаем и обсуждаем):

1. Надо все таки нам получать целевую финансируемую программу.
2. Надо обновить руководство и кооптировать еще 1 члена Координационного совета: **Макеева** Елена Николаевна, доцент, Институт генетики и цитологии НАНБ, Руководитель национального центра по вопросам доступа к генетическим ресурсам, Беларусь).



Российский  
научный  
фонд



*THANKS FOR  
ATTENDING!*  
*СПАСИБО ЧТО  
ПРИШЛИ!*



Российский  
научный  
фонд



РФФИ

РОССИЙСКИЙ ФОНД  
ФУНДАМЕНТАЛЬНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ