

О РЕЗУЛЬТАТАХ ДЕЯТЕЛЬНОСТИ КООРДИНАЦИОННОГО СОВЕТА, СОЗДАНИИ IUS-VOL И ПЛАНАХ НА БУДУЩЕЕ iVOL / CBOL / RUS-VOL

Картавец Ю.Ф.

Genetics - Research and Issues Series

GENETIC DIVERSITY

Conner L. Mahoney
Douglas A. Springer
Editors

Genetic Diversity
Mahoney
Springer
NOVA

Available online at www.sciencedirect.com

ScienceDirect

GENE
Elsevier

Complete mitochondrial genome of the bullhead torrent catfish, *Liobagrus obesus* (Siluriformes, Amblycipitidae): Genome description and phylogenetic considerations inferred from the Cyt b and 16S rRNA genes

Yuri P. Kartavtsev^{a,b}, Sang-Oun Jung^a, Young-Mi Lee^a, Hwa-Kun Byeon^a, Jae-Seong Lee^{a,c,*}

Abstract

Mitochondrial DNA (mtDNA) from the bullhead torrent catfish, *Liobagrus obesus*, was isolated by long-polymerase chain reaction (Long-PCR) with universal primers and was fully sequenced by primer walking using Sanger sequencing. The complete mtDNA from *L. obesus* was 16,511 bp in length and contained 13 protein-coding genes, 2 rDNA genes, 22 tRNA genes, and a control region, demonstrating a structure very similar to that of other bony fish. An analysis of the protein-coding genes revealed a statistically substantiated bias in the T + C / A + G content, supporting earlier findings regarding this peculiarity. As indicated by a chi-square test, the observed scores for pyrimidine and purine content were different from those expected assuming a 50:50 ratio. $\chi^2 = 41.63$, $P < 0.00001$. For these categories, including the 16, 2nd, and 3rd codon positions. Further, there was a difference in nucleotide content between ND6 and the other 12 protein-coding genes in *L. obesus*. The values of nucleotide, as summarized for different scales of evolutionary history at the Cyt b gene, revealed a clear pattern of increased nucleotide diversity at five levels: (1) intraspecific, (2) intragenus, (3) interfamily, and (4) interorder. Scores of average π -distances of the four categories in catfish were (1) 1.95e-04, (2) 4.52e-04, (3) 1.07e-03, and (4) 1.93e-03, respectively. These data support the hypothesis that speciation in the order Siluriformes, in most cases, follows a geographic mode through the accumulation of a numerous small genetic changes over a long time period. A phylogenetic tree for the bullhead torrent catfish and several other fish species belonging to the order Siluriformes was developed on the basis of respective Cyt b sequences (118 bp); the analysis revealed a monophyletic origin for the five examined families. A species-specific clustering of sequences from single species was obtained, supporting additionally basic phylogenetic information for the catfish and the breeding variability of Cyt b sequence data. Lastly, one of the well-supported properties of our phylogenetic tree (95% bootstrap level in our analysis) was the monophyletic placement of all catfish (order Siluriformes) among other ray-finned fish of the class Actinopterygii. Also discussed herein are the aspects of phylogeny based on the 16S rRNA gene.

Keywords: Long-polymerase chain reaction; Phylogeny; Sequence divergence

1. Introduction

Mitochondrial DNA (mtDNA) is a circular molecule, 16 to 18 kb in length, located within the cytoplasmic mitochondria. Fish mtDNAs have similar genomic organization (Lee et al., 2001; Kim et al., 2004a,b, 2005; Nigam et al., 2005; Nilsson et al., 2005) and are similar to other vertebrates, including humans (Anderson et al., 1981; Bibb et al., 1981; Wallace,

GENES & GENOMICS 31 (2) : 183-197 (April 2008)

Sequence Diversity at Cytochrome Oxidase 1 (Co-1) Gene among Sculpinfish (Scorpaeniformes, Cottidae) and some other Scorpaeniformes of Russia Far East with Phylogenetic and Taxonomic Insights

Yuri Ph. Kartavtsev^{a,b}, Svetlana N. Shurina^a, Tadashi Goto^c, Andrey A. Balanov^a and Naoto Hanazawa^a

Abstract

Mitochondrial DNA (mtDNA) at *Co-1* gene region was sequenced for 7 sculpin fish species (in total, 30 sequences of at least 552 bp) from the Far East of Russia and compared with 15 other sequences of Scorpaeniformes comprising altogether 28 sculpin fish sequences and two outgroup sequences (Cypriniformes). The analysis of the protein-coding *Co-1* gene revealed statistically substantiated bias in the T + C / A + G content, proving basic findings. The average scores of π -distances for different scales of the evolutionary history at *Co-1* gene revealed a clear pattern of increased nucleotide diversity at four different levels: (1) intraspecific, (2) intragenus, (3) interfamily, and (4) interorder. The scores of average π -distances for the compared fish groups were: (1) 1.00e-04 \pm 0.20%, (2) 3.30e-04 \pm 0.20%, (3) 12.40e-04 \pm 1.20%, and (4) 18.00e-04 \pm 0.38%, respectively (mean \pm SD). These data support the concept that speciation in the order Scorpaeniformes, in most cases, follows a geographic mode through accumulation of numerous small genetic changes over a long period of time. However, intraspecific diversity was surprisingly high among sculpinfish. Phylogenetic trees for 23 sequences of sculpinfish and 2 other fishes belonging to ray-finned fishes (Actinopterygii) were developed using *Co-1* gene and four different analytical approaches: Bayesian (BA), maximum likelihood (ML), neighbour-joining (NJ), and maximum parsimony (MP). The analysis revealed a monophyletic origin for the representatives of Cottidae, which is the principal sculpiniform family investigated (90, 90, 98% support level in our BA, MP, and NJ analyses). The monophyletic origin of up to the three compared sculpin fish genera was supported by molecular phylogenetic data. Species identification on individual basis (fluorescing tagging) was high. A few taxonomic conclusions arose during the analysis and they are discussed here in.

Key words: molecular phylogeny, sequence, π -distance, *Co-1*, taxonomy, sculpiniform.

Молекулярная эволюция и популяционная генетика

Владивосток - 2009

This article was downloaded by
Y. F. Kartavtsev on 17 December 2008
Access details: Access Details
Printer friendly version
Terms and Conditions
41 Mortimer Street, London
W1P 0LP, UK

Молекулярная эволюция и популяционная генетика

Y. F. Kartavtsev

ИТОГИ ДЕЯТЕЛЬНОСТИ КООРДИНАЦИОННОГО СОВЕТА, 2011-2012



ПОВЕСТКА

- П.1. О результатах деятельности Координационного совета, создании RUS-BOL (регионального узла iBOL) и планах на будущее.
- П.2. Прием новых членов Координационного совета.
- П.3. Разное.

КЛЮЧЕВЫЕ ТЕРМИНЫ:

DNA barcoding – ШТРИХКОДИРОВАНИЕ ВИДОВ
НА ОСНОВЕ ДНК ИЛИ ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЕ ВИДОВ.

iBOL, International Barcoding of Life

Project (<http://www.barcodoflife.org>) —
МЕЖДУНАРОДНЫЙ ПРОЕКТ ШТРИХКОДИРОВАНИЯ
ЖИВЫХ ФОРМ.

CBOL, Consortium for Barcoding of

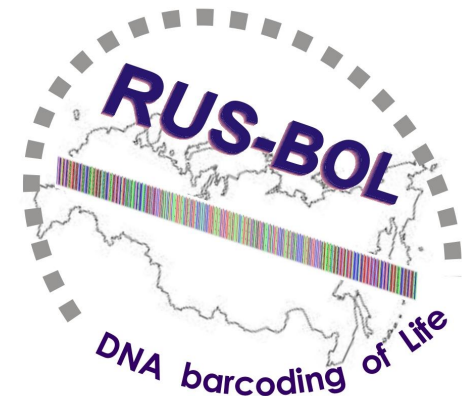
Life (<http://www.barcoding.si.edu>) —
КОНСОРЦИУМ ПО ШТРИХКОДИРОВАНИЮ ЖИВЫХ ФОРМ.

BOLD, Barcode of Life Data Systems

(<http://www.barcoding.si.edu>) —

СИСТЕМЫ ДАННЫХ ПО ШТРИХКОДИРОВАНИЮ ЖИВЫХ
ФОРМ.

ИТОГИ ДЕЯТЕЛЬНОСТИ КООРДИНАЦИОННОГО СОВЕТА, 2011-2012



1. Создан региональный узел RUS-BOL

Основные задачи:

- Переописание биоразнообразия по правилам iBOL/BOLD. Ориентир – 500К видов, 5 лет. Узлы – 4000 образцов в год.
- Идентификация микрообъектов, личинок, молоди. Уточнение продуктивности сообществ.
- Идентификация образцов пищевых продуктов (выявление подделок и подмен: напр., палтус-камбала и т.п.).
- Идентификация образцов фауны и флоры при торговле.
- В целом - контроль импорта-экспорта биопродукции и участие в биомедицине.
- Перечень направлений iBOL достигает нескольких десятков. РФ там тоже записалась на участие (см. Приложение II).

ИТОГИ ДЕЯТЕЛЬНОСТИ КООРДИНАЦИОННОГО СОВЕТА, 2011-2012

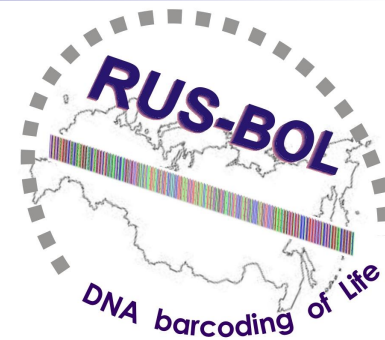


2. Сформирована программа действий: узел RUS-BOL, Приложение II.
3. Сформирован пакет заявок НИР на 2013-2015 гг.
4. Подготовлено 2 заявки на формирование тематики по ФЦП «Приоритетные направления...» Минобрнауки до 2013 г. А - «Штрихкодирование живых форм России на основе ДНК. Проект 1» (Мероприятие Программы 1.5 «Проведение проблемно-ориентированных поисковых исследований и создание научно-технического задела в области рационального природопользования»).
Находится на рассмотрении рабочей группы. Б - «ДНК-штрихкодирование живых форм Дальнего Востока России. Проект 1» (Мероприятие Программы 1.2 «Проведение проблемно-ориентированных поисковых исследований и создание научно-технического задела по технологиям в области живых систем»).
Отказано.
5. Создана интернет-страница на сайте ИБМ ДВО РАН.

ПЛАНЫ ДЕЯТЕЛЬНОСТИ КООРДИНАЦИОННОГО СОВЕТА, 2012-2013



1. Направить в Минобнауки до конца апреля т.г. письмо Фурсенко / Мазуренко о необходимости утверждения тематики и выделения финансирования в объеме 150 млн. руб. на 2013 г.
2. Направить до конца 2012 г. докладную записку в Правительство РФ о необходимости создания межведомственной программы «Штрихкодирование живых форм России на основе ДНК» на 2014-2018 гг. с ежегодным финансированием в размере 150 млн. руб.



П.2. Прием новых членов Координационного совета.

Кандидаты:

чл.-корр. РАН Малахов Владимир Васильевич, зав. кафедрой,
МГУ.

д.б.н. Графодатский Александр Сергеевич, зав. отделом,
заместитель директора, Институт молекулярной и клеточной
биологии СО РАН.

д.б.н. Родионов Александр Викентьевич, зав. лаб., БИН РАН.

д.б.н. Кочиева Елена Зауровна, зав. лаб., Центр биоинженерия
РАН.

д.б.н. Мордвинов Вячеслав Алексеевич, зам директора ИЦиГ
СО РАН.

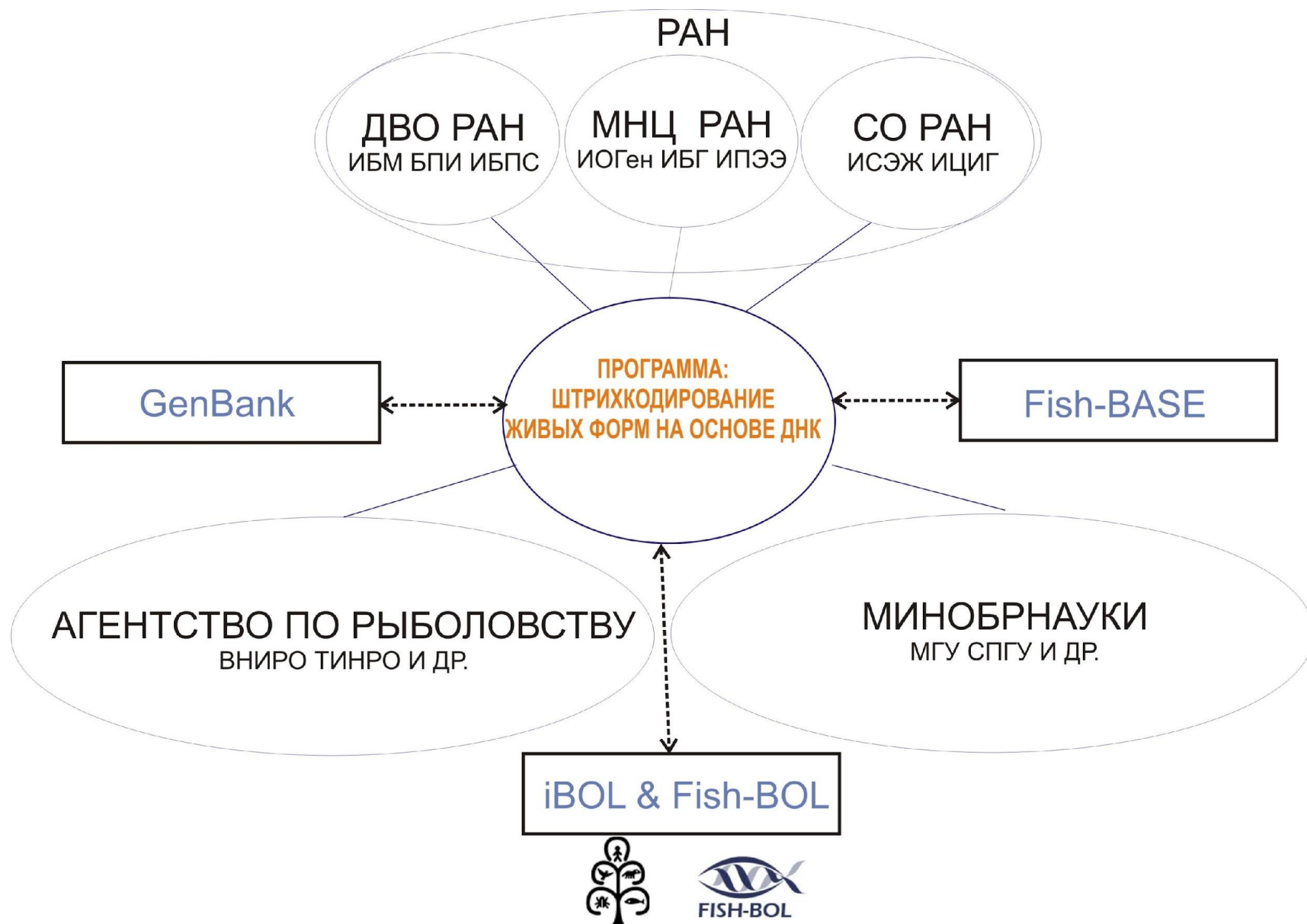
д.б.н. Петров Николай Борисович, зав. лаб. НИИ физико-
химической биологии им. А.Н.Белозерского МГУ.



П.3. Разное.

1. Дополнить название Координационного совета и сформулировать его так: **Координационный совет RUS-BOL Российской программы «Штрихкодирование живых форм на основе ДНК».**
2. Поручить руководству Координационного совета разработать Положение о регламенте работы.
3. Ввести еще одного заместителя председателя – Н.С. Мюге, зав. лаб., ВНИРО.

СХЕМА ПРОГРАММЫ И УЗЛА *RUS-BOL*



СПАСИБО ЗА ВНИМАНИЕ!



Схема работы:

