

See discussions, stats, and author profiles for this publication at: <https://www.researchgate.net/publication/280153031>

Изменчивость локуса гена *cyt b* мтДНК у хариуса (*Thymalus* sp.: Thymalidae, Pisces...

Article in Russian Journal of Genetics · July 2014

DOI: 10.7868/S0016675815060144

CITATIONS

0

READS

34

3 authors, including:



[Yu V Slynko](#)

Russian Academy of Sciences

39 PUBLICATIONS 88 CITATIONS

[SEE PROFILE](#)



[Bud Mendsaikhan](#)

4 PUBLICATIONS 0 CITATIONS

[SEE PROFILE](#)

УДК 575.22:597.554.3

ИЗМЕНЧИВОСТЬ ЛОКУСА ГЕНА *cyt b* мтДНК У ХАРИУСА (*Thymalus* sp.: Thymalidae, Pisces), ИНТРОДУЦИРОВАННОГО В р. БАЙДРАГ ГОЛ БАССЕЙНА ДОЛИНЫ ОЗЕР (МОНГОЛИЯ)

© 2015 г. Ю. В. Слынько¹, В. В. Столбунова¹, Б. Мэндсайхан²

¹Институт биологии внутренних вод им. И.Д. Папанина Российской академии наук, Борок 152742, Ярославская область

e-mail: syv@ibiw.yaroslavl.ru

²Институт геоэкологии Академии наук Монголии, Улан Батор 844818, Монголия

e-mail: bmendee@yahoo.com

Поступила в редакцию 21.07.2014 г.

На основании изменчивости фрагмента гена *cyt b* мтДНК исследован хариус, интродуцированный из Ледовитоморского бассейна (бассейн р. Селенга) в одну из рек Центрально-Азиатского бессточного бассейна (р. Байдраг Гол, бассейн Долины Озер). Проведена морфологическая и молекулярно-генетическая идентификация и установлено, что был вселен байкальский хариус. Обсуждаются вопросы о родственных отношениях видов центрально-азиатских хариусов.

DOI: 10.7868/S0016675815060144

При интродукции видов на новые местообитания, как правило, отмечаются быстрые фенотипические изменения адаптивного характера и нередко наблюдаются весьма существенные изменения генетической структуры популяций [1, 2]. Согласно общепринятым представлениям, в большинстве случаев происходит обеднение генетического разнообразия [3], однако известны и примеры, когда в результате множественности интродукций данный эффект нивелируется [4]. Молекулярно-генетические исследования последствий череды вселений позволяют утверждать, что множественность вселений оказывает определенное влияние на успешную адаптацию видов на новых местообитаниях [5, 6]. Есть доказательства, что интродукции могут быть вполне конструктивными и ведут к активизации мутаций оригинальных генотипов вселенцев, что влечет за собой достижение эволюционной и экологической новизны [7, 8].

В 2003–2005 гг. на территории Хангайского горного массива в оз. Биндэргья Хух-Нур, расположенного на р. Заг Гол, притока р. Байдраг Гол (Баянхонгорский аймак), была осуществлена местными жителями (Баатар и Алтанхуяг Сандагсурэн) бракеражная (по терминологии [9]) интродукция хариуса и ленка [10]. Посадочный материал отбирался из естественной популяции хариуса р. Чулут Гол, притока р. Идэр Гол бассейна р. Селенга (Архангайский аймак). По устным сообщениям местных жителей (Д. Талхаа, Д. Тайванжаргал, Г. Бат-Эрдэнэ), в 2010 г. наблюдались мальки ленка и хариуса в малых пойменных водоемах р. Байдраг Гол в районе сомона Жаргалант. По со-

временным представлениям южная граница семейства Thymallidae на территории Хангайского горного массива не простирается далее бассейна р. Селенга. В той части Центрально-Азиатского бессточного бассейна, которая включает водоемы Долины Озер, в настоящее время хариусы отсутствуют. Согласно палеонтологическим предположениям [11, 12] и данным молекулярно-филогенетических реконструкций [13–15], куст азиатских хариусов сформировался в миоцене, ареал их обитания охватывал всю территорию нынешней Центральной Азии, включая современную Долину Озер. Исчезновение хариусов из состава ихтиофауны Долины Озер, вероятно, объясняется интенсивным орогенезом и прогрессивным похолоданием на этих территориях на рубеже плиоцена и плейстоцена [16]. Вместе с тем современные абиотические характеристики и экологические условия рек бассейна Долины Озер, берущих начало в Хангае, весьма сходны с таковыми в реках бассейна Селенги и Большого Алтайского хребта [17, 18], особенно в отношении условий, являющихся привычными для хариусов. Вероятно, эти обстоятельства способствовали успешной интродукции хариуса в один из водоемов бассейна Долины Озер – р. Байдраг Гол. Вплоть до недавнего времени полагалось, что водоемы верховьев бассейна р. Селенга населены сибирским хариусом (*Thymallus arcticus*) [19, 20]. Сибирского хариуса в бассейнах оз. Байкал и р. Селенга описывали в статусе подвидов – *Th. a. baicalensis* и *Th. a. brevipinnis* [21, 22]. Впоследствии были предприняты попытки придать обоим этим под-

видам статус валидных видов [23]. Уточнение таксономического статуса было осуществлено с применением молекулярно-генетических методов, основанных на анализе фрагментов генов ядерного и митохондриального геномов. В результате был подтвержден видовой статус *Th. baicalensis*, обитающего в бассейнах р. Селенга и оз. Байкал [13, 15, 24]. Однако при этом не исключалась возможность симпатрического обитания сибирского и байкальского хариусов в бассейне р. Селенга. Вероятней всего, эти представления основаны на значительном морфологическом сходстве байкальского и сибирского хариусов и перекрывании значений большинства диагностических признаков [13]. Возможно поэтому при обследовании в 2012 г. верховьев р. Заг Гол и оз. Биндэръя Хух-Нур сотрудники экспедиции Института геоэкологии АНМ идентифицировали по морфологическим признакам обнаруженного в значительных количествах интродуцированного хариуса как сибирского — *Th. arcticus* [10].

Основной целью настоящего исследования было установление видовой принадлежности хариуса, интродуцированного в р. Байдраг Гол бассейна Долины Озер, по данным анализа одного из наиболее применяемых филогенетических и таксономических маркеров — локуса цитохрома *b* (*cyt b*) митохондриальной ДНК.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В работе исследовали выборку из популяции хариуса *Thymallus* sp., отловленного в 2013 г. в р. Байдраг Гол на территории Баянхонгорского аймака (46°18' N, 99°20' E). Непосредственно по-

сле вылова был осуществлен морфологический анализ 21 экземпляра хариуса по совокупности диагностических признаков (10 пластическим и 6 меристическим), используемых в таксономической диагностике хариусов [13]. Сопоставление значений признаков у хариуса из популяции р. Байдраг Гол проводилось по голотипам байкальского, сибирского, монгольского и европейского хариусов. В выборке были представлены как половозрелые, так и ювенильные особи хариуса. Меристические признаки: число прободенных чешуй в боковой линии (*l*), число ветвящихся лучей в спинном (*D*), в анальном (*A*), грудных (*P*) и брюшных (*V*) плавниках, число тычинок на первой жаберной дуге (*spb*). Пластические признаки: высота тела (*H*), длина рыла (*r*), длина верхней (*l_{mx}*) и нижней (*l_{md}*) челюстей, длина головы (*c*), антедорсальное расстояние (*aD*), длина основания (*lD*) и наибольшая высота в задней части (*hD*) спинного плавника, длина брюшного (*lV*) и грудного (*lP*) плавников. Значения пластических признаков приводили в процентах от длины тела (*Ls*).

Пробы мышечной ткани у пяти экземпляров хариуса были фиксированы в 96%-ном этаноле для анализа фрагмента гена *cyt b* мтДНК. Тотальную клеточную ДНК выделяли с помощью набора реагентов Diatom™DNA Prep100 (ООО “Лаборатория ИзоГен”, Москва). Для молекулярно-генетического анализа амплифицировали участок гена цитохрома *b* (*cyt b*) митохондриальной ДНК (мтДНК) длиной 1141 пн. Синтез фрагмента гена *cyt b* мтДНК проводили с использованием праймеров:



Смесь для полимеразной цепной реакции (ПЦР) содержала десятикратный буфер для амплификации “Fermentas”, Литва (10 ммоль Трис-HCl (pH 8.8), 50 ммоль KCl, 2.5 ммоль MgCl₂, 0.8% Nonidet P40); по 200 нмоль каждого из четырех dNTP; по 3.2 пмоль каждого из двух праймеров; 0.9 ед. *Taq*-полимеразы (“Бионем”, Москва) и 100 нг тотальной клеточной ДНК. Амплификацию вели в объеме 25 мкл, для предотвращения испарения в ходе ПЦР на реакционную смесь наслаивали минеральное масло. Программа амплификации включала в себя этап первоначальной денатурации ДНК: 95°C, 5 мин — 1 цикл; 30 циклов синтеза фрагмента: 95°C, 1 мин; 58°C, 1 мин; 72°C 1 мин 30 с, и этап окончательной элонгации цепи: 72°C 5 мин — 1 цикл.

Полученные ПЦР-продукты секвенировали на базе “Евроген Ру” (Москва) в прямом и обрат-

ном направлениях с использованием вышеуказанных праймеров.

Выравнивание и анализ полиморфизма нуклеотидных последовательностей, расчет генетических дистанций и индексов проводили в программных пакетах BioEdit v. 5.0.9.1 [25], MEGA 4.0 [26]. Филогенетическое древо с расчетом бутстреп-поддержек узлов ветвления (500 репликаций) строили в программе MEGA 4.0 с применением метода ближайшего соседа (Neighbor Joining, NJ). Медианную сеть (Median Joining Network, MJN) выявленных в ходе анализа вариантов первичных последовательностей строили в программе Network 4.2.0.1. [27]. Оценку времени расхождения видов осуществляли в программе MEGA 4.0 с учетом рассчитанной ранее для филетических линий семейства Salmonidae скорости дивергенции локусов мтДНК 0.44×10^{-8} замен на

Значения диагностических морфологических признаков у 21 экз. хариуса р. Байдраг Гол в сравнении с таковыми у байкальского, сибирского, монгольского и европейского хариусов (по Книжину [13])

Признак	Хариус				
	сибирский <i>Th. arcticus</i>	байкальский <i>Th. baicalensis</i>	европейский <i>Th. thymallus</i>	монгольский <i>Th. brevirostris</i>	р. Байдраг Гол
<i>ll</i>	74–103 (87)	80–110 (97)	76–101 (84–92)	73–88 (80)	89–97 (93)
<i>D</i>	10–16 (13)	10–15 (12)	11–17	10–14	13–15 (13)
<i>A</i>	7–12 (9)	7–11 (9)	8–11 (10)	7–10 (9)	9–13 (9)
<i>V</i>	13–17 (15)	13–17 (15)	11–16 (14)	13–16 (14)	12–15 (13)
<i>P</i>	8–11 (9)	8–11 (10)	8–11 (9–10)	8–10 (9)	9–10 (9)
<i>spb</i>	15–22 (19)	14–23 (20)	18–29 (23)	15–22 (19)	16–18 (17)
<i>r</i>	4.4–6.9	4.7–7.5	5.9–8.6	5.0–8.3	3.6–4.9
<i>lmx</i>	4.5–7.3	4.4–7.0	4.0–6.1	4.7–8.3	5.4–7.5
<i>lmd</i>	6–10.5	9–11.3	4–9.7	9.2–14.3	6–9.0
<i>c</i>	16.9–21.0	16.8–21.9	17.4–21.4	30.6–37.1	17.5–19.3
<i>aD</i>	28.2–34.3	32.0–39.0	30.6–37.1	30.6–37.1	26.9–34.2
<i>H</i>	16.7–24	16.3–25.0	18.9–26.8	16.4–23.5	12.7–21.5
<i>lD</i>	19.4–29.8	15.8–25.5	18.3–26.9	15.9–22.5	18.2–22.4
<i>hD</i>	9.2–37.0	5.7–22.9	8.1–23.1	6.1–10.6	13.0–18.2
<i>lP</i>	13.6–19.6	12.8–17.9	12.0–17.3	12.5–16.3	13.3–16.8
<i>lV</i>	13.3–30.4	10.2–18.3	11.8–17.5	11.9–16.4	10.3–15.5

Примечание. В скобках даны наиболее часто встречающиеся значения признака (только для счетных признаков).

сайт в год на линию [15]. Два новых выявленных гаплотипа хариуса из р. Байдраг Гол депонированы в GenBank (NCBI) под номерами KJ652459 (BG1) и KJ652460 (BG2). При проведении кластерного анализа и построении медианной сети в качестве материала для сравнения использованы варианты нуклеотидных последовательностей цитохрома *b* мтДНК длиной 857 пн, взятые из GenBank, NCBI [28] европейского хариуса – *Th. thymalus* (JX960869 – TT), сибирского хариуса – *Th. arcticus* (GQ452036 – TA1, JX960862 – TA2, JX960861 – TA3), байкальского хариуса – *Th. baicalensis* (JX960863 – TB), амурского хариуса – *Th. grubii flavomaculatus* (JX960867 – TG) и монгольского хариуса – *Th. brevirostris* (JX960864 – TBR1, JX960865 – TBR2), в качестве внешней группы использованы данные по *Coregonus peled* (JX960789) (CP).

РЕЗУЛЬТАТЫ

Значения основных диагностических морфологических признаков хариусов из р. Байдраг Гол перекрываются у всех использованных для сравнения видов – сибирского, байкальского, монгольского и европейского хариусов (таблица). Анализ формы и окраски спинного плавника у хариуса р. Байдраг Гол также не позволяет надежно определить его видовую принадлежность (рис. 1).

Согласно идентификационной схеме формы и окраски спинного плавника, предложенной И.Б. Книжиным [13], хариус из р. Байдраг Гол в равной степени может быть отнесен как к сибирскому, так и к монгольскому, байкальскому и даже европейскому хариусам.

Анализ последовательности фрагмента гена *b* мтДНК размером 857 пн у пяти особей хариуса из популяции р. Байдраг Гол свидетельствует, что все они (бутстреп-поддержка – 100) относятся к кластеру, основанному на гаплотипе байкальского хариуса *Th. baicalensis* (рис. 2). Из пяти особей хариуса р. Байдраг Гол три имели основной гаплотип, идентичный опубликованному в NCBI – JX960863 (TB1) как гаплотип байкальского хариуса, а две – BG1 (KJ652459) и BG2 (KJ652460) имели ряд однонуклеотидных замен. Гаплотип BG1 представлен тремя простыми заменами (транзиция пуринов) в позициях 284, 615, 629, в гаплотипе BG2 имеет место одна замена в 491-й позиции (А на G), которая присутствует у всех использованных в анализе видов хариуса, кроме европейского, и у пеляди. Все обнаруженные замены индивидуальны, т.е. характерны только для одной особи из выборки. Гаплотипы всех использованных в анализе хариусов, как из собственных сборов, так и взятых из NCBI, значимо кластеризуются по видовой принадлежности (рис. 2).

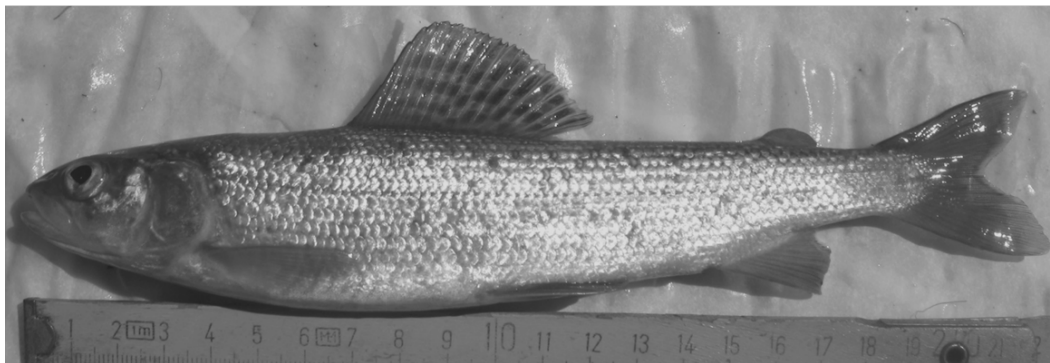


Рис. 1. Хариус р. Байдраг Гол.

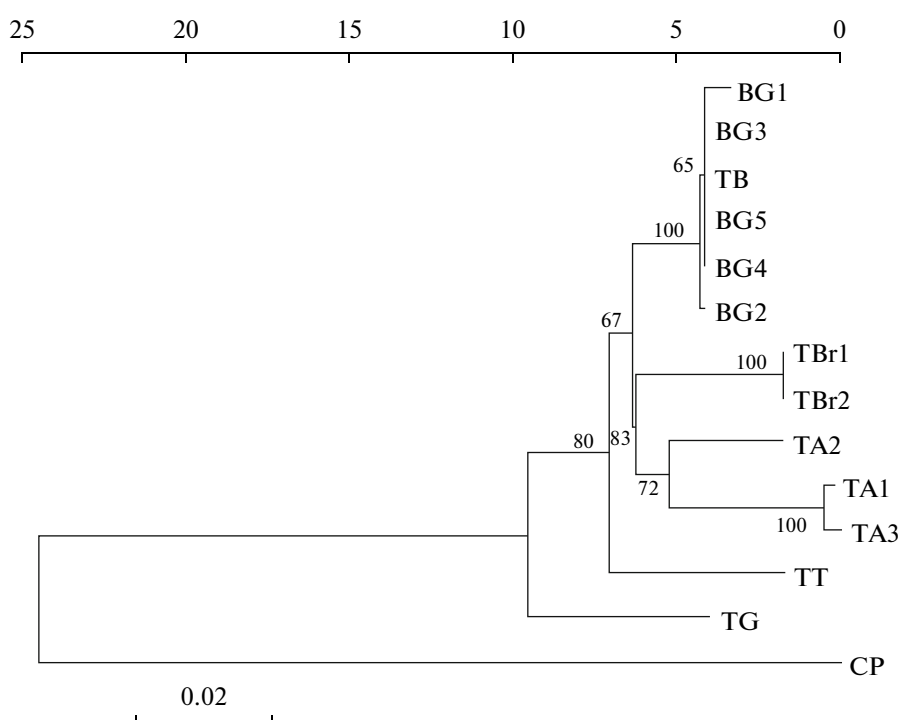


Рис. 2. Филогенетическое древо взаимоотношений между выявленными вариантами нуклеотидной последовательности (гаплотипами) гена цитохрома *b* хариусов, построенное с применением метода NJ. ТВ – байкальский хариус (оз. Байкал) из NCBI, BG1–BG5 – гаплотипы байкальского хариуса из р. Байдраг Гол, TBr1, TBr2 – монгольский хариус, TA1, TA2, TA3 – сибирский хариус, TT – европейский хариус, TG – амурский хариус, CP – пелядь. В узлах ветвления указаны бутстреп-поддержки. Вверху рисунка шкалы, отражающая абсолютное время (млн лет). Внизу указана единица измерения длин ветвей – 0.02 нуклеотида.

Расчеты по калиброванным скоростям времени дивергенции гаплотипов *cyt b* свидетельствуют, что амурский и европейский хариусы дивергировали порядка 6 млн лет назад, что соответствует ранее установленному времени обособления митохондриальных филогенетических линий *Thymallidae* и *Coregonidae* [15], а три вида – байкальский, монгольский и сибирский хариусы сформировались приблизительно в одно время, порядка 4 млн лет назад. В результате сравнительного анализа замен у байкальского, монгольского и сибирского

хариусов был отмечен различный характер их накопления. За предположительно одинаковый промежуток времени после расхождения монгольский и сибирский хариусы приобрели по 12 видоспецифических замен, в то время как байкальский хариус всего три – 230 (A), 434 (T), 584 (A). Всего у монгольского хариуса *Th. brevirostris* отмечено 28 замен (6 трансверсий, 8 замен пиримидиновых оснований и 14 замен пуриновых оснований), у сибирского хариуса *Th. arcticus* – 48 замен (11 трансверсий, 22 замены пиримиди-

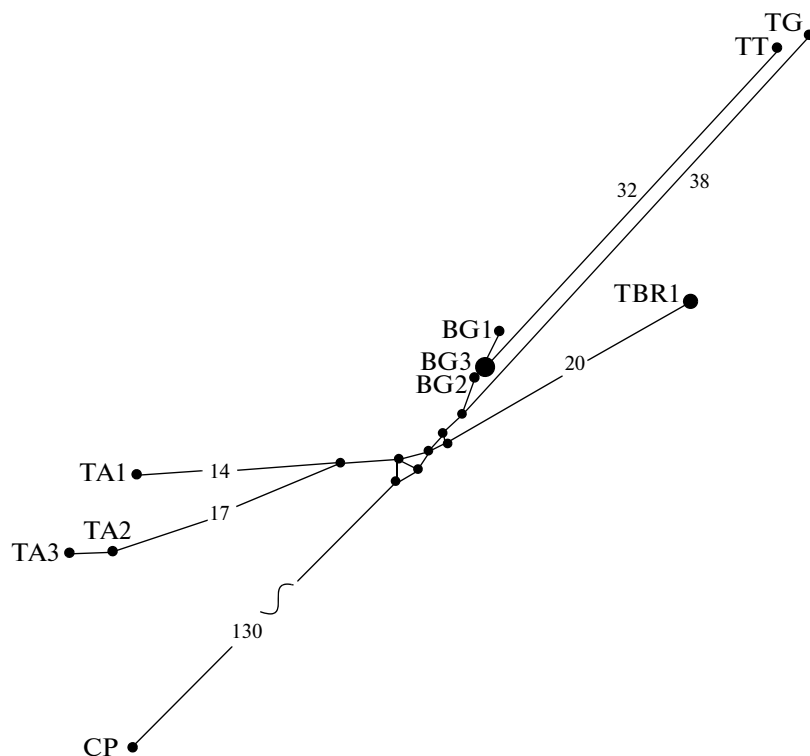


Рис. 3. Медианная сеть гаплотипов, выявленных в популяциях хариусов. Диаметр круга соответствует количеству особей, использованных в анализе. Рядом с отрезками, соединяющими гаплотипы, указано число нуклеотидных замен. Обозначения – BG3 включает гаплотипы BG4, BG5 – байкальского хариуса р. Байдраг Гол и ТВ – байкальского хариуса; BG1, BG2 – новые гаплотипы байкальского хариуса (KJ652459, KJ652460 соответственно); TBR1 (включает TBR2) – монгольский хариус; TA1, TA2, TA3 – сибирский хариус; TT – европейский хариус; TG – амурский хариус; CP – пелядь.

новых оснований и 15 замен пуриновых оснований), 10 из них являются общими, присущими обоим видам. У байкальского хариуса выявлено всего 7 замен, только одна из которых (у одной особи из пяти проанализированных) имеет общую замену с другими видами хариусов. На основании полученных данных можно предположить, что байкальским хариусом после дивергенции была избрана несколько иная стратегия развития последовательности гена цитохрома *b* в отличие от монгольского и сибирского хариуса, что подчеркивает его своеобразие.

Подтверждение установленных филогенетических связей и надежности таксономической кластеризации было получено при построении медианной сети гаплотипов (рис. 3). Гаплотипы монгольского, байкальского, сибирского и амурского хариусов формируют независимые векторы общего происхождения. Наиболее дистанцирован амурский хариус, а наиболее близок к группе гипотетических гаплотипов байкальский хариус. Собственно группа гипотетических гаплотипов, вероятно, соответствует первичной дифференциации филогенетических линий сиговых и хариусовых. Европейский хариус генеалогически связан непосредственно с байкальским хариусом.

ОБСУЖДЕНИЕ

Полученные молекулярно-генетические данные непосредственно указывают, что интродуцированный в р. Байдраг Гол хариус относится к виду “байкальский хариус” (*Th. baicalensis*). Морфологические данные не противоречат генетическим, поскольку практически для всех известных видов хариусов большинство диагностических морфологических признаков не имеют выраженных хиатусов. Детальный анализ характера и качества нуклеотидных замен в используемом филогенетическом маркере подчеркивает надежность видовой дифференциации использованных в анализе видов. При этом четыре вида – амурский, сибирский, байкальский и монгольский – характеризуются несомненной общностью происхождения от единого предка. Европейский хариус является дериватом байкальского хариуса. Полученные результаты по генеалогическим отношениям хариусов согласуются с представлениями о том, что байкальский хариус наиболее древний вид в группе центрально-азиатских хариусов [13, 24]. Пространственное расположение медианных векторов свидетельствует о большем родстве байкальского хариуса с монгольским хариусом, чем с сибирским [14, 15]. Европейский и амурский виды

хариусов оказались более родственными байкальскому, чем сибирскому. Несмотря на то, что отделение от общего предка трех видов — монгольского, сибирского и байкальского видов хариуса произошло почти одновременно, около 4 млн лет назад в плиоцене, вероятно, дальнейшая реструктуризация гаплотипов происходила у рассмотренных видов хариусов разными путями. И если монгольский и сибирский хариусы демонстрируют сходную тенденцию при накоплении замен (по количеству общих и видоспецифических замен), во многом общую для преобразований митогенома при разделении сиговых и хариусовых линий и при обособлении европейского и амурского хариусов, то для последовательности цитохрома *b* байкальского хариуса характерен консерватизм. Байкальский хариус характеризуется также самым низким числом видоспецифических замен, что еще больше подчеркивает его близость с предполагаемым предком и некоторую филогенетическую первичность среди рассматриваемых видов. Несомненная близость гаплотипов байкальского хариуса к группе гипотетических предковых (mv) для всей группы гаплотипов евро-сибирских хариусов позволяет предполагать, что данный вид наиболее родственен вероятному предку, обитавшему по всему Центрально-Азиатскому региону, включая бассейн Долины Озер, что вероятно могло способствовать столь успешной натурализации именно этого вида в современном водоеме бассейна Долины Озер.

Работа выполнена при финансовой поддержке Программы Президиума РАН “Живая природа”, подпрограмма “Динамика и сохранение генофондов”.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Пианка Э.* Эволюционная экология. М.: Мир, 1981. 400 с.
2. *Алтухов Ю.П.* Генетические процессы в популяциях. М.: ИКЦ “Академкнига”, 2003. 431 с.
3. *Wares J.P., Hughes A.R., Grosberg R.K.* Mechanisms that drive evolutionary change // In *Species Invasions: Insights into Ecology, Evolution, and Biogeography* / Eds Sax D.F., Stachowicz J.J., Gaines S.D. Sunderland, MA: Sinauer Press, 2005. P. 229–257.
4. *Слынько Ю.В., Столбунова В.В., Чеботарь С.В. и др.* Разнообразие гаплотипов по локусу *cyt b* мтДНК бычка-кругляка (*Neogobius melanostomus* (Pallas)) из северо-западной части Черноморского бассейна // *Генетика*. 2014. Т. 50. № 3. С. 314–320.
5. *Kolbe J.J., Glor R.E., Schettino L.R.G. et al.* Genetic variation increases during biological invasion by a Cuban lizard // *Nature*. 2004. V. 431. P. 177–181.
6. *Roman J., Darling J.A.* Paradox lost: Genetic diversity and the success of aquatic invasions // *Trends Ecol. Evol.* 2007. V. 22. P. 454–464.
7. *Vellend M., Harmon L.J., Lockwood J.L. et al.* Effects of exotic species on evolutionary diversification // *Trends Ecol. Evol.* 2007. V. 22. P. 481–488.
8. *Sarda V., David P.* High genetic variance in life-history. Strategies within invasive populations by way of multiple introductions // *Current Biology*. 2008. V. 18. P. 363–367.
9. *Карневич А.Ф.* Избранные труды: В 2-х т. Т. 2. Акклиматизация гидробионтов и научные основы аквакультуры. М.: ВНИРО, 1998. 870 с.
10. *Мэндсайхан Б., Даш Д., Жавзан Ч. и др.* Баянхонгор аймгийн Биндэръяа хөх нуурт явуулсан судалгааны дүнгээс // *Труды Института геоэкологии: К вопросу геоэкологии Монголии*. Улан-Батор. 2012. № 09. С. 126–132. (На монгол. яз.)
11. *Яковлев В.Н.* Распространение пресноводных рыб неогена Голарктики и зоогеографическое районирование // *Вопр. ихтиологии*. 1961. Т. 1. Вып. 2. С. 209–220.
12. *Сычевская Е.К.* Пресноводная ихтиофауна неогена Монголии // *Совместная Советско-Монгольская палеонтологическая экспедиция: Труды*. Вып. 39. М.: Наука, 1989. 144 с.
13. *Книжин И.Б.* Хариусы (*Thymallus* Cuvier, 1829) Голарктики (Систематика, филогеография, особенности экологии): Автореф. дис. док. биол. наук. М.: ИПЭЭ РАН, 2009. 52 с.
14. *Crête-Lafrenière A., Weir L.K., Bernatchez L.* Framing the Salmonidae family phylogenetic portrait: A more complete picture from increased taxon sampling // *PLoS One*. 2012. V. 7. Iss. 10. P. 1–19.
15. *Шедько С.В., Мирошниченко И.Л., Немкова Г.А.* Филогения лососевых рыб (Salmoniformes: Salmonidae) и ее молекулярная датировка: анализ мтДНК-данных // *Генетика*. 2013. Т. 49. № 6. С. 718–734.
16. *Маринов Н.А.* Древнее оледенение Монголии // *Изв. АН СССР. Сер. географ.* 1954. № 6. С. 28–40.
17. *Баасанжав Г., Дзебуадзе Ю.Ю., Демин А.Н. и др.* Рыбы Монгольской Народной Республики. Экология и хозяйственное значение рыб МНР. М.: Наука, 1985. С. 9–174.
18. *Мэндсайхан Б.* Рыбное население Центрально-Азиатского Бессточного бассейна (Монголия): Дис. канд. биол. наук. М.: ИПЭЭ РАН, 2010. 121 с.
19. *Баасанжав Г., Дзебуадзе Ю.Ю., Демин А.Н. и др.* Обзор видов ихтиофауны МНР. Рыбы Монгольской Народной Республики. М.: Наука, 1983. С. 102–224.
20. *Баасанжав Г., Цэнд-Аюуш Я.* Рыбы Монголии. Улан-Батор: Адмон, 2001. 180 с. (На монгол. яз.)
21. *Световидов А.Н.* Материалы по систематике и биологии хариусов озера Байкал. Тр. Байкал. лимнол. станции. Т. 1. М.; Л.: Изд-во АН СССР, 1931. С. 19–199.
22. *Тугарина П.Я.* Хариусы Байкала. Новосибирск: Наука, 1981. 287 с.
23. *Богуцкая Н.Г., Насека А.М.* Каталог бесчелюстных и рыб пресных и солоноватых вод России с номенклатурными и таксономическими комментариями. М.: КМК, 2004. 389 с.

24. *Froufe E., Knizhin I., Weiss S.* Phylogenetic analysis of the genus *Thymallus* (grayling) based on mtDNA control region and ATPase 6 genes, with inferences on control region constraints and broad-scale Eurasian phylogeography // *Mol. Phylogenet. and Evol.* 2005. V. 34. P. 106–115.
25. *Hall T. A.* BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows95/98/NT // *Nucl. Acids. Symp.* 1999. Ser. 41. P. 95–98.
26. *Tamura K., Dudley J., Nei M. et al.* MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0 // *Mol. Biol. Evol.* 2007. 10. 1093 /molbev/msm092.
27. *Bandelt H.-J., Forster P., Ruhl A.* Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies // *Mol. Biol. Evol.* 1999. V. 16. P. 37–48.
28. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

**Genetic Variation of the mtDNA *cyt b* Locus in Graylings (*Thymalus* sp.:
Thymalidae, Pisces) Introduced into the Baydrag Gol River
of the Valley of Lakes Basin (Mongolia)**

Yu. V. Slynko^a, V. V. Stolbunova^a, and B. Mendsaykhan^b

^a*Papanin Institute for Biology of Inland Waters, Russian Academy of Sciences, Borok, 152742 Yaroslavl oblast, Russia*
e-mail: syv@ibiw.yaroslavl.ru

^b*GeoEcology Institute, Mongolian Academy of Sciences, Ulaanbaatar, 844818 Mongolia*
e-mail: bmendee@yahoo.com

Based on sequence variation of the mtDNA *cyt b* gene, an analysis of graylings introduced from the Arctic Ocean basin (Selenga River basin) into one of the rivers of Central Asian inland basin (Baydrag Goal River of the Valley of Lakes basin) was carried out. Morphological and molecular genetic identification was performed, and it was established that the introduced species corresponded to the Baikal grayling. The relationships among Central Asian grayling species are discussed.

English translation of the paper is published in “Russian J. Genetics” (2015, vol. 51, no. 6), www.maik.ru.