

МОЛЕКУЛЯРНО-ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ РОДОВ *Diacyclops* И *Acanthocyclops* (Copepoda: Cyclopoida) ИЗ ОЗЕРА БАЙКАЛ

© 2017 г. Т. Ю. Майор¹, *, Ю. А. Галимова², Н. Г. Шевелева¹, Л. В. Суханова¹, С. В. Кирильчик¹

¹Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук, Иркутск 664033

²Институт молекулярной и клеточной биологии Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск 630090

*e-mail: tatyanaabfo@mail.ru

Поступила в редакцию 26.10.2015 г.

Окончательный вариант получен 05.07.2016 г.

Проведен молекулярно-филогенетический анализ представителей группы *Diacyclops/Acanthocyclops*, обитающих в Байкале. В качестве эволюционного маркера использовали фрагмент гена первой субъединицы цитохромоксидазы митохондриальной ДНК (*COI*). В ходе исследования показана эффективность использования фрагмента гена *COI* (ок. 1000 пн) для сравнения байкальских циклопов в рамках одного рода. Молекулярные данные отразили трудности таксономического определения эндемичных байкальских циклопов родов *Diacyclops* и *Acanthocyclops*. Выявлены две филогенетические группы, по морфологическим признакам сходные с тремя эндемичными байкальскими видами – *D. versutus*, *D. improcerus* и *D. galbinus*. Молекулярные данные показали, что род *Acanthocyclops* является полифилетическим. Эндемичные байкальские представители рода *Acanthocyclops* формируют отдельный кластер.

Ключевые слова: митохондриальная ДНК, молекулярная филогения, циклопы, Crustacea, полифилия.

DOI: 10.7868/S0016675817020047

Циклопы в озере Байкал представляют собой многочисленную по видовому составу и высокоэндемичную группу организмов. По последним данным в Байкале насчитывают 46 видов и подвидов циклопов, относящихся к 11 родам [1], из них 64% являются эндемиками. Одну треть этого списка занимают представители рода *Diacyclops* Kiefer, 1927, которые все являются эндемиками, за исключением видов *D. bisetosus* (Rehberg, 1880) и *D. bicuspidatus* (Claus), 1857. Последним из описанных видов этого рода в Байкале является *D. zhimulevi* Sheveleva, Timoshkin, 2010. Этот вид наряду с *D. eulitoralalis* Alekseev, Arov, 1986 относится к самым мелким из описанных циклопов в озере. Размеры половозрелой самки составляют в среднем 0.32 мм без фуркальных щетинок. Н.Г. Шевелева с соавторами отмечают, что в литорали Южного Байкала обитает целая группа неописанных мелких псаммофильных циклопов с длиной тела не более 0.5 мм и *D. zhimulevi* является только первым описанным членом этой группы [2].

Г.Ф. Мазепова, описывая 16 новых видов и подвидов байкальских циклопов, отнесла их к роду *Acanthocyclops* Kiefer, 1927, указывая на наличие признаков переходного характера между двумя родами (*Acanthocyclops/Diacyclops*) [3]. В современной систематике [4] родовое название для большинства этих видов указано как *Diacyclops*.

Морфологическое сходство *Diacyclops/Acanthocyclops*, их нечеткое обособление и недостаточное стандартное описание большинства видов приводит к тому, что таксоны из одного рода переносятся в другой [5]. Сложность комплекса *Acanthocyclops/Diacyclops* обусловлена также их относительно древним возрастом и богатым видовым составом. Род *Diacyclops* включает более чем 100 видов и является самым многочисленным и разнообразным родом среди всех циклопообразных [6, 7]. Ряд ученых предполагают, что оба рода являются пара- или полифилитическими родами [7, 8].

Как отмечает Н.Г. Шевелева, большинство работ по байкальским циклопам посвящены описанию новых видов и лишь немногие посвящены их экологии [1]. В последнее время появились работы по изучению байкальских циклопов с помощью молекулярных методов. Часть из них посвящена оценке размеров геномов и проблеме диминуции хроматина у Cyclopoida, другая часть – филогенетическим исследованиям [9–11]. Но в то же время самая многочисленная группа циклопов *Acanthocyclops/Diacyclops* в Байкале остается малоизученной.

Данная работа является продолжением молекулярно-филогенетического анализа циклопов из озера Байкал, первые результаты которого опубликованы ранее [11]. Мы увеличили размер

анализируемого фрагмента митохондриального гена первой субъединицы цитохромоксидазы (COI) и расширили количество исследуемых видов.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Пробы отбирали в озере Байкал с глубин до 40 м в 2009–2011 гг. в районах поселков Большие Коты (51°54'25" с.ш. 105°04'14" в.д.) и Листвянка (51°51'11" с.ш. 104°52'55" в.д.). Часть проб была собрана аквалангистами, в остальных случаях орудием лова служили сеть Джеди и сачок Апштейна. Пробы с живыми рачками разбирали в лабораторных условиях, самок циклопов с яйцевыми мешками фиксировали в 96%-ном этаноле. Суммарную ДНК для молекулярного анализа выделяли из яйцевых мешков, что позволило сохранить самих особей в коллекции. При таксономическом определении циклопов использовали ключ для определения по Мазеповой [3], ключ для определения циклопов из группы *Acanthocyclops robustus-vernalis-americanus*, предложенный в статье Миракле с соавт. [12], и мировой каталог по веслоногим ракообразным (Crustacea: Copepoda) внутренних вод [4].

Выделение суммарной ДНК проводили согласно протоколу, описанному ранее [11].

Для амплификации фрагмента митохондриального гена COI использовали праймеры LCO-1490, HCO-2198 [13]; L1384, H2612 [14] и LCO-142, HCO-1156. Праймеры LCO-142 (5'-CCGG-GATCTCTAATAGGGGACGACC-3') и HCO-1156 (5'-AGCGAACACCGCCCTATTCT-3') впервые сконструированы на основе анализа нуклеотидных последовательностей, полученных с помощью праймеров L1384, H2612.

ПЦР проводили с использованием наборов для ПЦР ООО "НТИ-Байкал". Реакция проходила в присутствии 5 мкМ каждого праймера, 1.5 мМ MgCl₂, 0.2 мМ каждого дНТФ и 0.5 ед. Taq-ДНК-полимеразы, 1 мкл экстракта ДНК. Программа амплификации состояла из следующих стадий: 94°C 4 мин, 94°C – 30 с, 46–50°C или 58°C (для праймеров LCO-142, HCO-1156) 30 с, 72°C – 70 с, 30–40 циклов, 72°C – 10 мин. Температура плавления праймеров указана в диапазоне 46–50°C, так как для разных видов это значение подбирали экспериментально. Разделение и выделение ампликонов для секвенирования из агарозного геля проводили так же, как и в предыдущей работе [11].

Секвенирование фрагментов проводили в капиллярном секвенаторе ABI 3130XL Genetic Analyser, Applied Biosystems в Центре коллективного пользования "Геномика" СО РАН. Нуклеотидные последовательности выравнивали, используя программу CLC Sequence Viewer (версия 7.5) [15]. Полимофизм ДНК оценивали в программе

DnaSP 5.10.01 [16]. Генетические расстояния рассчитывали модифицированным методом Нея и Годжобори (Nei–Gojobori) с учетом несинонимичных замен. Филогенетические схемы строили с помощью программ MEGA 6 и MrBayes 3.1.2 [17, 18]. В анализе использовали только 1-ю и 2-ю-позиции кодона, несинонимичные замены кодонов и аминокислотные последовательности. Филогенетические схемы были построены методами объединения ближайших соседей (NJ), максимальной парсимонии и максимального правдоподобия (ML). Оценку достоверности узлов проводили бутстреп-анализом с 1000 повторов и с использованием апостериорного критерия (программа MrBayes). В набор анализируемых данных включены также последовательности из банка данных GenBank некоторых представителей Cyclopoidea (рис. 1, 2).

РЕЗУЛЬТАТЫ

Полученные нами нуклеотидные последовательности ДНК были помещены в банк данных GenBank (KT075049–KT075074; KT075076–KT075079). В ходе исследования получены 13 нуклеотидных последовательностей ДНК (584–1168 пн) для трех видов и одного подвида рода *Acanthocyclops* и 18 нуклеотидных последовательностей ДНК (718–1067 пн) для рода *Diacyclops*. Из них 10 нуклеотидных последовательностей ДНК принадлежат особям пяти видов, а восемь других – особям, таксономически не идентифицированным до вида (таблица; рис. 1, 2). Установлена принадлежность этих особей к группе из трех видов *D. versutus* Maz., 1962, *D. improcerus* Maz., 1950 и *D. galbinus* Maz., 1962 и условно обозначенной – VIG. Все анализируемые виды являются эндемиками озера Байкал, за исключением одного вида *A. americanus*. Для каждого вида определены нуклеотидные последовательности для 2–6 особей. При выравнивании последовательностей общий фрагмент, исключая недостающие данные, для представителей рода *Acanthocyclops* составил 579 оснований, для представителей рода *Diacyclops* – 886 оснований. Анализ этого фрагмента показал наличие 168 варибельных позиций, из которых 163 являются филогенетически информативными для представителей рода *Acanthocyclops*, и 270 варибельных позиций, из которых 265 являются филогенетически информативными для представителей рода *Diacyclops*. Внутри видов дивергенция последовательностей варьировала в пределах 0.000–0.006; между видами внутри одного рода 0.007–0.053, самое высокое значение соответствует дивергенции последовательностей *A. americanus* с остальными представителями рода *Acanthocyclops*; между родами – 0.039.

Отсутствие различий между последовательностями ДНК некоторых особей, относящихся к разным видам, повлекло их повторное более подробное таксономическое определение. В резуль-

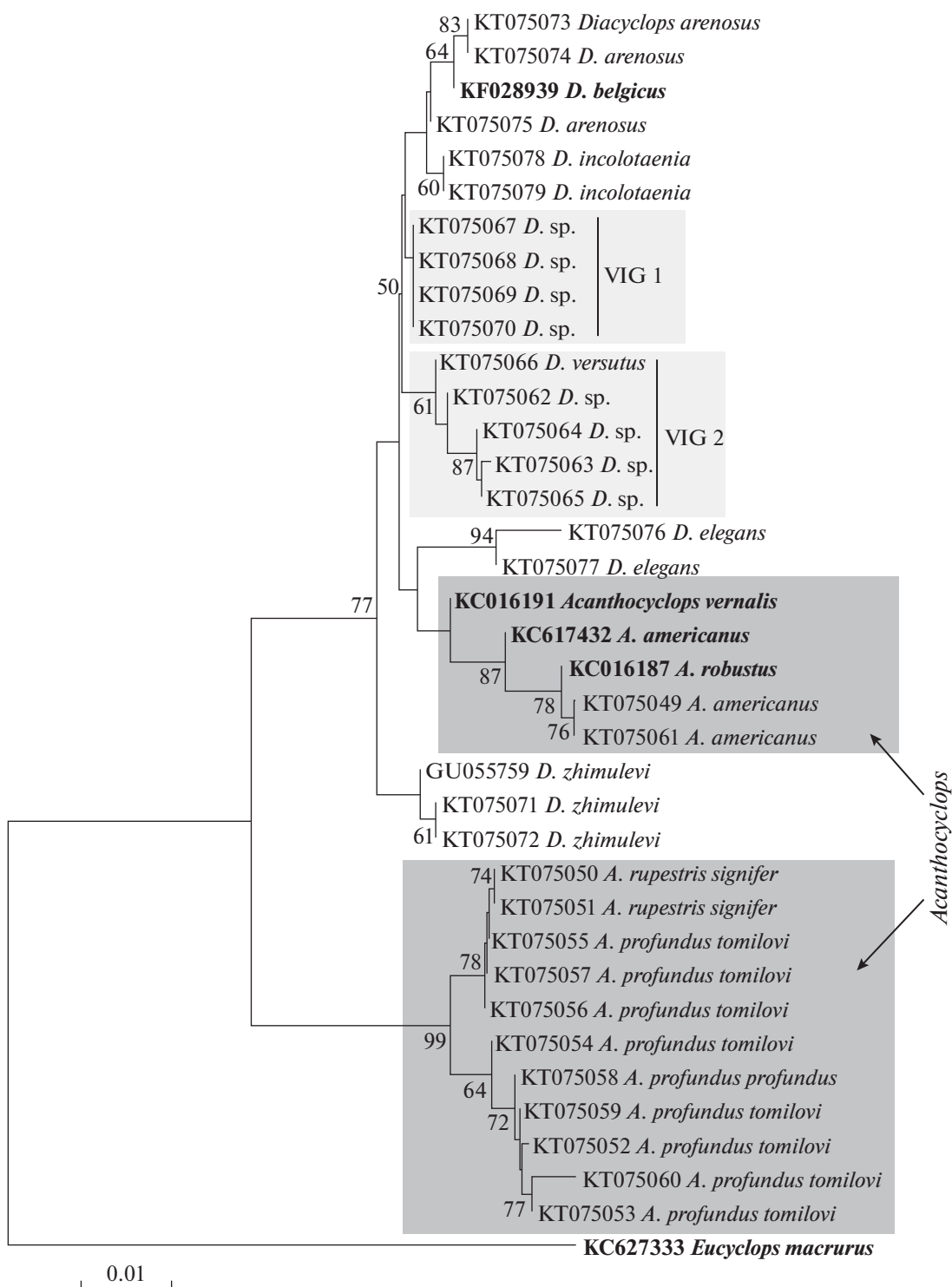


Рис. 1. Филогенетическое древо (NJ), построенное на основе аминокислотных последовательностей COI. Числа в узлах – значение бутстреп-поддержки узлов ветвления. Числа перед видовым названием – номер в GenBank. Жирным шрифтом выделены нуклеотидные последовательности, позаимствованные из банка данных GenBank.

тате 8 из 9 особей не было возможным достоверно определить до вида, они были в дальнейшем обозначены как *Diacyclops* sp. и составили группы VIG1 и VIG2 (таблица). Нуклеотидная последовательность под номером KT075066 вошла в группу

VIG2, но из-за отсутствия особи повторное таксономическое определение ее не проводилось.

Топологии древ, полученные на основе нуклеотидных последовательностей с помощью методов NJ, MP, ML, были идентичны для всех статистиче-

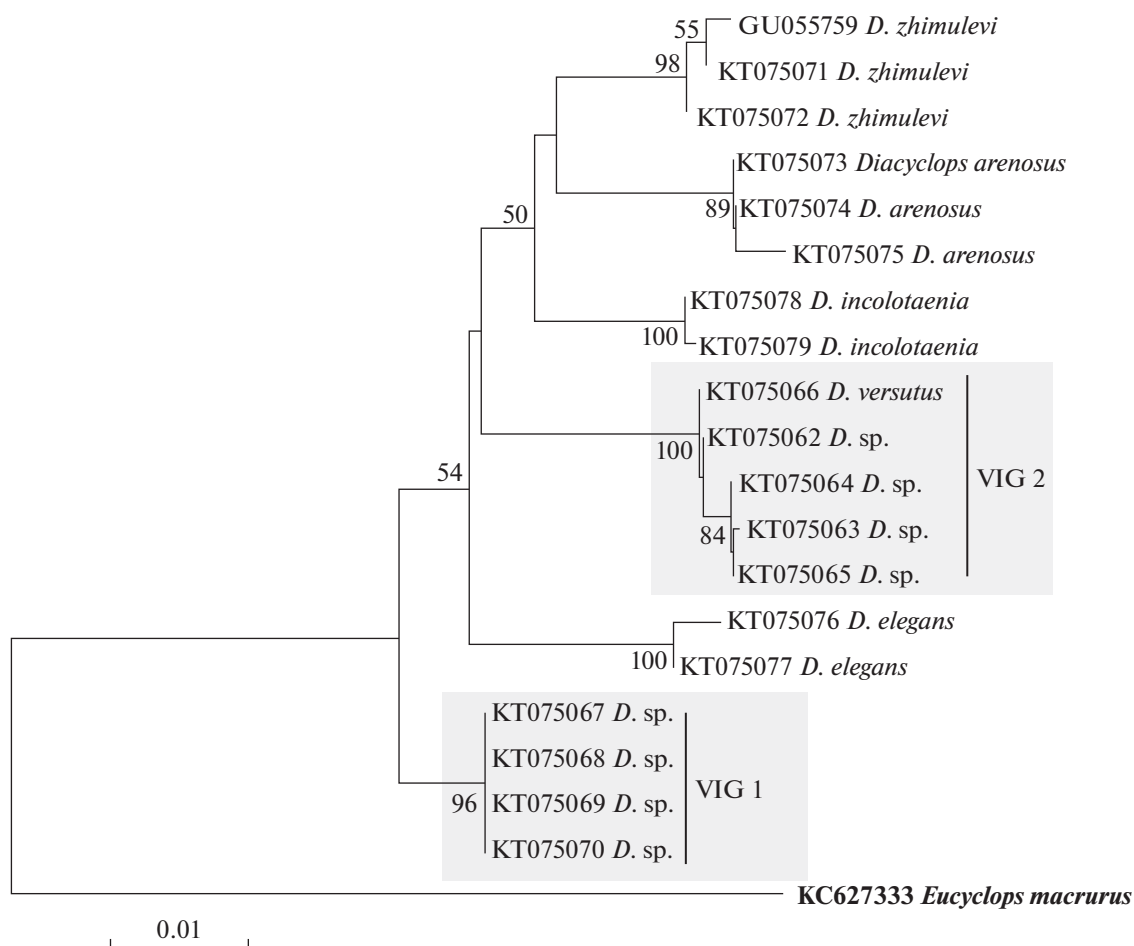


Рис. 2. Филогенетическое дерево (NJ), построенное на основе 1-й, 2-й позиций кодона нуклеотидных последовательностей COI для представителей рода *Diacyclops*. Числа в узлах – значение бутстреп-поддержки узлов ветвления. Числа перед видовым названием – номер в GenBank. Жирным шрифтом выделены нуклеотидные последовательности, позаимствованные из GenBank.

ски достоверных узлов. На рис. 1 приведено филогенетическое дерево для всех полученных нуклеотидных последовательностей двух родов *Diacyclops* и *Acanthocyclops*. Эндемичные байкальские представители рода *Acanthocyclops* формируют отдельный кластер. Представители рода *Diacyclops* и

три близких вида рода *Acanthocyclops* образуют монофилетичную группу. При построении филогенетических деревьев отдельно для каждого рода устойчивость основных ветвей, рассчитанная для NJ/MP-анализов методом бутстрепа, была выше (рис. 2, 3).

Таксономическое определение циклопов на разных этапах исследования

Номер нуклеотидной последовательности в банке данных GenBank	Таксономическое определение циклопов	
	до молекулярного анализа	после молекулярного анализа
KT075078	<i>D. jasnitskii</i> Maz., 1950	<i>D. incolotaenia</i> Maz., 1950
KT075067	<i>D. versutus</i>	<i>Diacyclops</i> sp. (VIG 1)*
KT075068	<i>D. galbinus</i>	<i>Diacyclops</i> sp. (VIG 1)
KT075069	<i>D. versutus</i>	<i>Diacyclops</i> sp. (VIG 1)
KT075070	<i>D. improcerus</i>	<i>Diacyclops</i> sp. (VIG 1)
KT075062	<i>D. galbinus</i>	<i>Diacyclops</i> sp. (VIG 2)
KT075064	<i>D. improcerus</i>	<i>Diacyclops</i> sp. (VIG 2)
KT075063	<i>D. improcerus</i>	<i>Diacyclops</i> sp. (VIG 2)
KT075065	<i>D. improcerus</i>	<i>Diacyclops</i> sp. (VIG 2)

* VIG – группа особей, морфологически близких к трем видам: *D. versutus*, *D. improcerus*, *D. galbinus*.

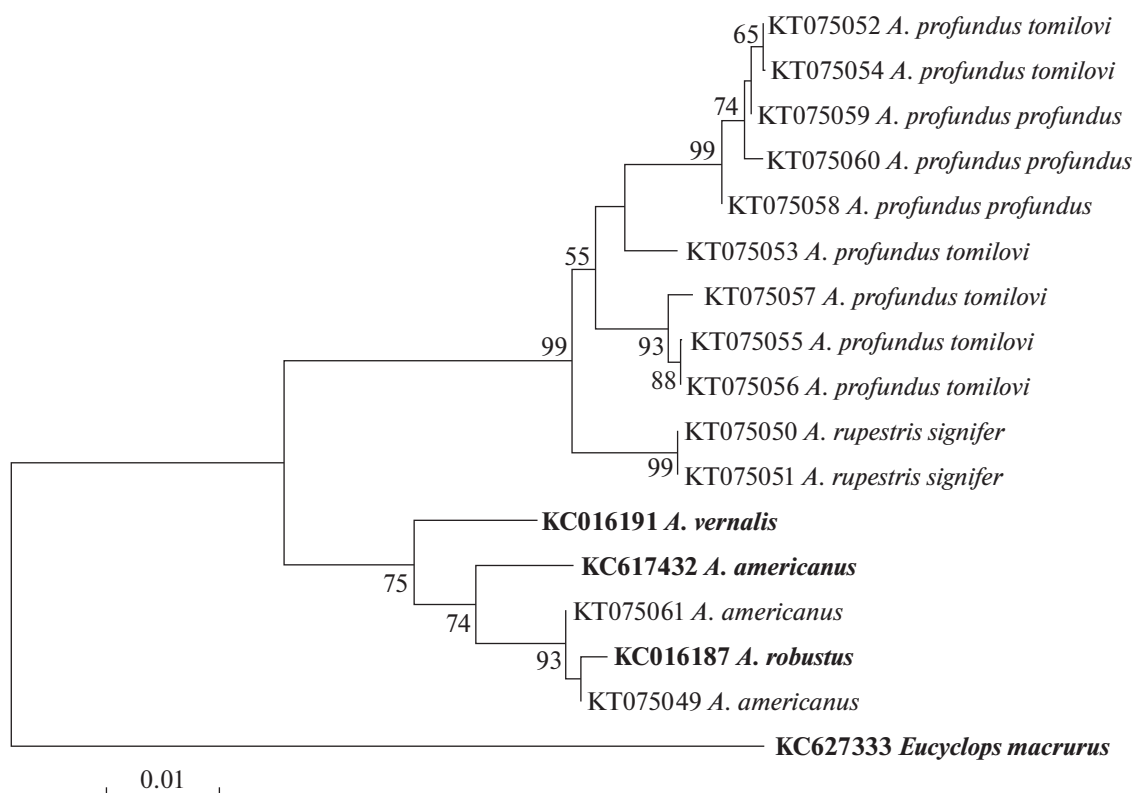


Рис. 3. Филогенетическое древо (NJ), построенное на основе 1, 2 позиций кодона нуклеотидных последовательностей COI для представителей рода *Acanthocyclops*. Числа в узлах – значение бутстреп-поддержки узлов ветвления. Числа перед видовым названием – номер в GenBank. Жирным шрифтом выделены нуклеотидные последовательности, позаимствованные из GenBank.

Нуклеотидные последовательности особей, относящихся к группе VIG, образуют два кластера. Виды *Acanthocyclops rupestris signifer* Maz., 1950 и *A. profundus* Maz., 1950 достоверно сестринские в данной выборке, а два подвида последнего вида не монофилетичны (рис. 3). Нуклеотидные последовательности двух представителей *A. americanus* с высокой степенью бутстреп-поддержки (93%) объединились с таковой *A. robustus* (Sars, 1892), взятой из GenBank (KC016187). Генетическая дивергенция, посчитанная с помощью двухпараметрической модели Кимуры (К2Р), составила 16% между полученной нами последовательностью *A. americanus* и взятой из банка данных GenBank *A. americanus* (KC617432), и 0% при том же сравнении с позаимствованной последовательностью *A. robustus* (KC016187).

ОБСУЖДЕНИЕ

Увеличение длины анализируемого фрагмента COI в среднем до 900 пн показало его эффективность для разрешения филогенетических отношений между последовательностями представителей байкальских видов в рамках одного рода. С другой стороны, снижение бутстреп-поддержек в общем филогенетическом дереве при срав-

нении представителей двух родов *Acanthocyclops*/*Diacyclops* ограничивает использование COI (рис. 1). Исследования митохондриальных геномов веслоногих ракообразных, в частности свободноживущего циклопа *Paracyclopsina nana* Smirnov, 1935, показали, что ген *COI* и митохондриальный ген цитохрома b (*Cytb*) являются одними из самых консервативных участков [19]. Возможно, параллельный анализ гена *Cytb* и полного гена COI позволит с большей степенью достоверности построить филогенетические схемы для эндемичных байкальских циклопов.

Разделение представителей рода *Acanthocyclops* и объединение последовательностей части видов этого рода с последовательностями рода *Diacyclops* на филогенетическом древе (рис. 1) свидетельствует о полифилетичности рода *Acanthocyclops*. Как отмечалось выше, на основе морфологических данных уже было сделано предположение о пара- или полифилитичности обоих родов [7, 8]. Комплекс близких видов *A. vernalis*, *A. robustus*, *A. americanus* необходимо исследовать далее с привлечением морфологических и молекулярных методов.

Появление филогенетических групп с неясным видовым статусом (VIG1, VIG2) отчасти вызвано недостаточно полным описанием байкальских циклопов. Кроме того, как отмечает Г.Ф. Мазепова, виды

D. versutus, *D. improcerus*, *D. galbinus* характеризуются значительной индивидуальной изменчивостью и в то же время морфологическим сходством между собой [3]. Разделение последовательностей этих видов на два кластера может свидетельствовать о наличии криптических или псевдокриптических видов, так как первоначально часть особей из разных кластеров VIG1, VIG2 определяли как один вид (таблица).

Тум и Харрисон [20] в своем исследовании *Skistodiptomus* отмечают, что у веслоногих ракообразных видообразование часто приводит к появлению новых форм — морфологически идентичных или с небольшими морфологическими отличиями. Этот феномен отражен и во многих других исследованиях по биоразнообразию копепод [21, 22]. С другой стороны, некоторые особи, вошедшие в один кластер VIG1 или VIG2, настолько отличались друг от друга, что были отнесены к разным видам: *D. versutus*/*D. improcerus*/*D. galbinus*. Возможно, таксономические признаки, применяемые для разделения этих видов, являются слишком вариабельными на популяционном уровне и, таким образом, малоинформативными. Выявленный случай также можно объяснить наличием митохондриальной интрогрессии в группе видов *D. versutus*/*D. improcerus*/*D. galbinus*, описываемой и у других групп организмов [23–25].

Последовательности вида *A. profundus* на древе достоверно разделились на две группы, однако это разделение не соответствует двум подвидам — *A. profundus profundus* и *A. profundus tomilovi*. Более запутанная ситуация отражена на том же филогенетическом древе с последовательностями группы *americanus-robustus-vernalis*. Полученные нами две нуклеотидные последовательности вида, ранее определяемого как *A. vernalis* (Fischer, 1853), на древе объединяются с высокой степенью поддержки (93%) с последовательностью ДНК *A. robustus*, полученной Майракл с соавт. [12]. Морфологические признаки двух исследованных нами особей (закругленный и в верхней части генитальный сегмент) и биометрические измерения (фуркальный индекс 5; латеральная щетинка почти в 2 раза короче внешней апикальной щетинки — 37.5 : 72.5 мкм соответственно); удлиненный (длина 220 мкм, ширина 200 мкм) генитальный сегмент; внутренний апикальный шип endP4 длиннее внешнего апикального (77.5 и 72.5 мкм соответственно) позволяют отнести этот вид к *A. americanus* (Marsh, 1892).

Генетическая дивергенция, посчитанная методом K2P, составила 16% между полученными нами последовательностями *A. americanus* и взятой из банка данных GenBank *A. americanus* (KC617432), и 0% при том же сравнении с позаимствованной последовательностью *A. robustus* (KC016187). Точно такие же значения генетической дивергенции в работе Майракл с соавторами

посчитаны между последовательностями *A. americanus* и *A. robustus*. Соответственно, основываясь на молекулярных данных, анализируемые особи в нашей работе (KT075049, KT075061) можно было бы отнести к *A. robustus*. Для разрешения неопределенной ситуации с таксономическим определением байкальских циклопов группы *americanus-robustus-vernalis* требуется дальнейшее изучение этой группы.

На основе полученных данных можно сделать следующие выводы.

1. Молекулярно-филогенетические данные, полученные для вида *A. profundus*, не согласуются с современной систематикой и его разделением на два подвида — *A. profundus tomilovi*, *A. profundus profundus*.

2. Выявлены две филогенетические группы, по морфологическим признакам сходные с тремя эндемичными байкальскими видами *D. versutus*, *D. improcerus* и *D. galbinus*.

3. Молекулярные данные показали, что род *Acanthocyclops* является полифилетическим.

Работа выполнена в рамках проектов: “Парадокс размера геномов: изучение роли избыточной генетической информации” (интеграционный СО РАН № 45); “Динамичность молекулярной организации хроматина в специфических домейнах геномов эукариот” (интеграционный СО РАН № 51); “Молекулярная экология и эволюция живых систем Центральной Азии на примере рыб, губок и ассоциированной с ними микрофлоры” (VI.50.1.4 № 0345–2014–0002).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Шевелева Н.Г., Мирабдуллаев И.М., Иванкина Е.А., Кирильчик С.В. Видовой состав и экология циклопов в оз. Байкал // Сб. лекций и докладов международной школы-конференции “Актуальные проблемы изучения ракообразных континентальных вод”. Кострома, 2012. С. 319–322.
2. Sheveleva N.G., Timoshkin O.A., Aleksandrov V.N., Tereza E.P. A new psammophilic species of the genus *Diacyclops* (Crustacea: Cyclopoida) from the littoral zone of Lake Baikal (East Siberia) // *Invertebrate Zool.* 2010. V. 7. № 1. P. 47–54.
3. Мазенова Г.Ф. Циклопы озера Байкал // Тр. Лимнологич. ин-та. Новосибирск: Наука, 1978. 139 с.
4. Dussart B., Deffae D. World directory of Crustacea Copepoda of inland waters II. Cyclopiformes. Leiden: Backuys Publ., 2006. 354 p.
5. Gallassi D.M.P., De Laurentiis P. Little-known cyclopoids from groundwater in Italy: re-validation of *Acanthocyclops agamus* and redescription of *Speocyclops italicus* (Crustacea, Copepoda, Cyclopoida) // *Vie et milieu.* 2004. V. 54. № 4. P. 203–222.
6. Монченко В.И. Свободноживущие циклопообразные копеподы Понто-Каспийского бассейна. Киев: Наук. думка, 2003. 350 с.
7. Stoch F. How many species of *Diacyclops*? New taxonomic characters and species richness in a freshwater

- cyclopid genus (Copepoda, Cyclopoida) // *Hydrobiologia*. 2001. V. 453/454. P. 525–531.
8. *Holynska M.* Latitudinal gradients in diversity of the freshwater copepod family Cyclopidae (Copepoda, Cyclopoida) // *Studies on Freshwater Copepoda*. Leiden: Koninklijke Brill NV, 2011. P. 245–269.
 9. *Иванкина Е.А., Алексеева А.Л., Семешин В.Ф. и др.* Цитофотометрическое определение размера генома в онтогенезе двух циклопов озера Байкал (Crustacea: Copepoda: Cyclopoida) // *Цитология*. 2013. Т. 55 № 1. С. 52–59.
 10. *Семешин В.Ф., Омельянчук Л.В., Алексеева А.Л. и др.* Содержание ДНК в ядрах *Cyclops kolensis* и *C. insignis* (Crustacea, Copepoda) // *Цитология*. 2011. Т. 53. № 3. С. 285–289.
 11. *Майор Т.Ю., Шевелева Н.Г., Суханова Л.В. и др.* Молекулярно-филогенетический анализ циклопов (Сорепода: Cyclopoida) из озера Байкал и его водосборного бассейна // *Генетика*. 2010. Т. 46. № 11. С. 1556–1564.
 12. *Miracle M.R., Alekseev V.R., Monchenko V.I. et al.* Molecular-genetic-based contribution to the taxonomy of the *Acanthocyclops robustus* group // *J. Natural History*. 2013. V. 47. № 5–12. P. 863–888. doi 10.1080/00222933.2012.744432
 13. *Folmer O., Black M., Hoen W. et al.* DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates // *Mol. Mar. Biotechnol.* 1994. V. 3. P. 294–299.
 14. *Machida R.J., Miya M.U., Nishida M., Nishida S.* Large-scale gene arrangements in the mitochondrial genomes of two calanoid copepods *Eucalanus bungii* and *Neocalanus cristatus* (Crustacea), with notes on new versatile primers for the srRNA and COI genes // *Gene*. 2004. V. 332. P. 71–78.
 15. CLC, CLC Genomics Workbench Manual—Trimming using the Trim tool. http://www.clcsupport.com/clcgenomicsworkbench/800/index.php?manual=Trimming_using_Trim_tool.html. 2015.
 16. *Rozas J., Sanches-DelBarrio J.C., Messeguer X., Rozas R.* DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods // *Bioinformatics*. 2003. V. 19. № 18. P. 2496–2497.
 17. *Tamura K., Stecher G., Peterson D. et al.* MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0 // *Mol. Biol. and Evol.* 2013. V. 30. P. 2725–2729.
 18. *Ronquist F., Huelsenbeck J.P.* MRBAYES 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models // *Bioinformatics*. 2003. V. 19. P. 1572–1574.
 19. *Ki J.-S., Park H.G., Lee J.-S.* The complete mitochondrial genome of the cyclopid copepod *Paracyclops nana*: a highly divergent genome with novel gene order and atypical gene numbers // *Gene*. 2009. V. 435. P. 13–22.
 20. *Thum R.A., Harrison R.G.* Deep genetic divergences among morphologically similar and parapatric *Skistodiaptomus* (Copepoda: Calanoida: Diaptomidae) challenge the hypothesis of Pleistocene speciation // *Biol. J. Linnean Soc.* 2009. V. 96. P. 150–165.
 21. *Lee C.E.* Global phylogeography of a cryptic copepod species complex and reproductive isolation between genetically proximate “populations” // *Evolution*. 2000. V. 54. P. 2014–2027.
 22. *Goetze E.* Cryptic speciation on the high seas; global phylogenetics of the copepod family Eucalanidae // *Proc. R. Soc. Lond.* 2003. V. 270. P. 2321–2331.
 23. *McGuire J.A., Linkem C.W., Koo M.S. et al.* Mitochondrial introgression and incomplete lineage sorting through space and time: phylogenetics of crotaphytid lizards // *Evolution*. 2007. V. 61. № 12. P. 2879–2897.
 24. *Husley C.D., Gaecia-de-Leon F.J.* Introgressive hybridization in a trophically polymorphic cichlid // *Ecol. and Evol.* 2013. V. 3. № 13. P. 4536–5447. doi 10.1002/ece3.841
 25. *Darras H., Aron S.* Introgression of mitochondrial DNA among lineages in a hybridogenetic ant // *Biol. Letters*. 2015. V. 11. № 2. P. 20140971. doi 10.1098/rsbl.2014.0971

Molecular Phylogenetic Analysis of *Diacyclops* and *Acanthocyclops* (Copepoda: Cyclopoida) from Lake Baikal

T. Yu. Mayor^{a*}, Yu. A. Galimova^b, N. G. Sheveleva^a, L. V. Sukhanova^a, and S. V. Kirilchik^a

^a*Limnological Institute, Siberian Branch, Russian Academy of Sciences, Irkutsk, 664033 Russia*

^b*Institute of Molecular and Cellular Biology, Siberian Branch, Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, 630090 Russia*

*e-mail: tatyanaabfo@mail.ru

Lake Baikal is inhabited by a relatively large number of cyclopid species, many of which are endemics. Two genera, *Diacyclops* Kiefer, 1927 and *Acanthocyclops* Kiefer, 1927, are the most specious in the lake. Taxonomic discrimination of the majority of representatives of these genera is difficult owing to their high morphological similarities and poor standard description. In this study, a molecular phylogenetic analysis of Lake Baikal members of the *Diacyclops/Acanthocyclops* group is performed on the basis of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene. It is shown that a fragment of COI 1000 bp long is sufficient for intragenus discrimination of the cyclopid of Lake Baikal. The issues of *Diacyclops/Acanthocyclops* taxonomy are reflected in the obtained molecular data. Two distinct phylogenetic groups of *Diacyclops* genus with uncertain taxonomic status are revealed. English translation of the paper published in Russian Journal of Genetics, 2017, Vol. 53, No. 2, is available ONLINE by subscription from: <http://www.springer.com/>, <http://link.springer.com/journal/11177>

Keywords: mitochondrial DNA, molecular phylogeny, Crustacea, polyphyly.