

КРАТКИЕ
СООБЩЕНИЯ

УДК 597.553.2.: 575.86

АНАЛИЗ мтДНК ВЕРХНЕЕНИСЕЙСКОГО
(*Thymallus svetovidovi*) И МОНГОЛЬСКОГО (*Thymallus brevirostris*) ХАРИУСОВ,
УТОЧНЕНИЕ ИХ АРЕАЛОВ¹

© 2022 г. Е. В. Пономарева*, @, А. А. Волков**, М. В. Пономарева*, Е. А. Шубина***

*Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, 119991 Россия

**ВНИИ рыбного хозяйства и океанографии, Окружной проезд, 19, Москва, 105187 Россия

***НИИ физико-химической биологии им. А.Н. Белозерского МГУ, Москва, 119991 Россия

@E-mail: kponom@mail.ru

Поступила в редакцию 04.03.2021 г.

После доработки 12.04.2022 г.

Принята к публикации 05.05.2022 г.

Проанализированы выборки хариусов из притоков Большого Енисея, Черного Иртыша и проведение их сравнение с монгольским хариусом *T. brevirostris* из реки Кобдо на основе двух фрагментов мтДНК (*COI* и *CR*). Показано, что гаплотипы хариусов из Черного Иртыша относятся к монгольскому хариусу. На основе проведенного анализа сделан вывод, что в притоках Большого Енисея обитает верхнеенисейский хариус *T. svetovidovi*, обладающий низким генетическим разнообразием по сравнению с монгольским хариусом.

Ключевые слова: верхнеенисейский хариус, *T. svetovidovi*, монгольский хариус, *T. brevirostris*, *COI*, *CR*, Большой Енисей, Черный Иртыш

DOI: 10.31857/S1026347022060130

Представители рода хариусов *Thymallus* (Cuvier, 1829) встречаются в большинстве водоемов Европейского Севера, Сибири и Дальнего Востока. Морфологические и систематические исследования хариусов имеют длительную историю, при этом систематика рода *Thymallus* неоднократно пересматривалась (Световидов, 1936; Берг, 1948; Froufe *et al.*, 2005; Weiss *et al.*, 2020 и др.). Наибольший теоретический интерес представляют хариусы в азиатской части ареала, что связано с большим разнообразием их форм. Несмотря на значительно увеличившееся количество исследований, из-за труднодоступности многих мест обитания хариусов еще недостаточно известно как о морфологических, биологических и генетических особенностях, так и о границах ареалов многих представителей этого рода.

Световидов в обзоре (1936) определял хариусов, обитающих на всем протяжении Енисея, включая и верховья, как один вид — сибирский хариус (*Thymallus arcticus* Pallas, 1776). В 1960–1970-х гг. Гундризер (1967, 1979) описал морфологические отличия хариусов из высокогорных озер Большого Енисея от сибирского хариуса и пред-

ложил выделить их в подвиды сибирского. В обзоре видов Монголии Котела (Kottelat, 2006) предположил, что в притоке Малого Енисея Шишкид Гол обитает вид, отличный от сибирского. Эти предположения были подтверждены генетическими исследованиями (Weiss *et al.*, 2020). При дальнейшем изучении хариусов из этого притока Книжин и Вайс (2009) на основе морфологических и морфометрических признаков описали новый вид *Thymallus svetovidovi*, (верхнеенисейский хариус). В российской части ареала подтверждений существования верхнеенисейского хариуса до настоящего времени не было получено.

Световидов (1936) полагал, что на всем протяжении Оби, как и в Енисее, обитает только сибирский хариус. Сейчас ареал сибирского хариуса в Оби ограничивается нижним течением реки (Romanov, 2017; Dyldin *et al.*, 2017). В китайской части верховьев Иртыша обитает монгольский хариус (Dyldin *et al.*, 2017). Монгольский хариус (*Thymallus brevirostris*) обитает в реках Центрально-Азиатского бассейна (Световидов, 1936; Берг, 1948; Kottelat, 2006). Впервые монгольский хариус был описан во второй половине XIX в., с тех пор его видовой статус большинством исследователей не подвергался сомнению.

¹ Дополнительная информация для этой статьи доступна по doi 10.31857/S1026347022060130 для авторизованных пользователей.



Рис. 1. Локализация выборок. Обозначения на карте-схеме: 1–2 – озера из притоков Большого Енисея, 3 – река Черный Иртыш (Казахстан), 4 – река Кобдо (Монголия).

Целью настоящего исследования было определение с помощью генетических маркеров видовой принадлежности хариусов, обитающих в верховьях Иртыша на территории Казахстана и в верховьях Енисея и сравнение с монгольским хариусом из реки Кобдо. В работе были проанализированы два участка мтДНК: контрольный регион (Д-петля, *CR*) и участок, кодирующий ген цитохромоксидазы субъединицы I (*COI*). Контрольный регион – это наиболее часто применяющийся во внутривидовых и межвидовых исследованиях хариусов (Froufe *et al.*, 2005; Weiss *et al.*, 2020). Участок *COI* был выбран как основной фрагмент, который используется в работах по паспортизации видов.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Географическое расположение выборок показано на рис. 1, координаты и характеристики выборок – в табл. 1.

Выделение ДНК из плавников, фиксированных 96%-ным этанолом, проводили с использованием набора QIAGEN DNeasy™ (“QIAGEN”, Германия) по протоколу производителя. Для амплификации Д-петли использовали последовательности праймеров LRBT-25, LRBT-1195 (Uiblein *et al.*, 2001), для амплификации участка гена *COI* использовали последовательности универсальных праймеров *COI* для рыб (Ivanova *et al.*, 2007). Амплификацию проводили в 20 мкл смеси, содержащей: 2 мкл 10× *Taq*-буфера, 2.5 mM Mg^{2+} , 0.8 mM

Таблица 1. Характеристика выборок и количество выявленных гаплотипов, *N* – объем выборок

Вид	Водоем, приток, бассейн	Год	Обозначение	Координаты	<i>N</i>	Количество гаплотипов с учетом инделов		
						COI	CR	CR + COI
<i>T. svetovidovi</i>	Озеро без названия, река Маймамыш, Большой Енисей	2016	En_1	51.67305, 97.459849	14	1	2	2
<i>T. svetovidovi</i>	Озеро без названия, река Хан, Большой Енисей	2016	En_2	51.64000, 97.047222	14	1	1	1
<i>T. brevirostris</i>	Река Черный Иртыш, Иртыш, Обь	2015	Kaz	47.93067, 84.949812	4	1	2	2
<i>T. brevirostris</i>	Река Кобдо, Центрально-Азиатский	2006	Mon	49.12000, 90.994450	31	6	12	16

каждого дезоксирибонуклеозидтрифосфата, 1 ед BioHUTaq ДНК полимеразы (“ДИАЛАТ”, Россия), 5 пкМ каждого праймера (“Синтол”, Россия), 1.0 мкл выделенной ДНК, до необходимого объема смесь доводили деионизованной водой. Амплификацию фрагментов проводили в следующем режиме: первичная денатурация — 95°C 5 мин, затем 35 циклов по: 20 с — 95°C, 30 с — 56°C (*CR*) или 52°C (*COI*), 1 мин — 72°C; заключительная элонгация 72°C — 10 мин. Для контроля ПЦР-продукта проводили горизонтальный гель-электрофорез, амплификат разделяли в 1.5%-ном агарозном геле. Очистку продуктов ПЦР проводили методом осаждения смесью ацетата аммония с 96%-ным этанолом с последующей промывкой 70%-ным этанолом. Для секвенирования использовали смесь терминаторов BigDye Terminator v.3.1 Cycle Sequencing Kit (“Applied Biosystems”, США), анализ нуклеотидной последовательности проводили в генетическом анализаторе ABI Prism 3500 (“Applied Biosystems”). Для секвенирования контрольного региона использовали внутренние праймеры (5'–3'): In(429)F — TCAACTAACACGAGCTCTGTCTCT; In(928)R — GGGGGTTTGTCTGAGTAGAAGCC; In(737)F — TCAGCTTGCATCTCAGAGTG.

Первичную обработку и множественное выравнивание нуклеотидных последовательностей проводили в программе Geneious® 6.0.5 (“Biomatters Ltd”), определение количества гаплотипов (H), разнообразия гаплотипов (Hd), разнообразия нуклеотидов (Pi) проводили в программах FaBox (Villesen, 2007), DnaSP v.5 (Librado, Rozas, 2009). Двухпараметрическая модель Кимуры K2P (Kimura, 1980) была применена для расчета матрицы попарных дистанций гаплотипов *COI*. Для построения дистанционных матриц использовали программу Mega X (Kumar *et al.*, 2018). Информационный критерий Акаике (AIC) был применен для определения наилучшей модели замен (Lefort *et al.*, 2017). Модель GTR + G + I (I = 0.665, Y = 0.712) была применена для построения деревьев: методом присоединения соседей (NJ) с бутстреп поддержкой (10 000 итераций) в программе Mega X (Kumar *et al.*, 2018), BioNJ дерево методом максимального правдоподобия в программе PhyML 3.0. (Guindon, Gascuel, 2003; Guindon *et al.*, 2010), методом байесовской статистики (цепочки длиной 400 000 генераций с отбрасыванием первых 10%) в программе MrBayes (Huelsenbeck, Ronquist, 2001) в плагине, встроенном в Geneious® 6.0.5. MSN алгоритм был использован для построения сети гаплотипов в программе PopArt (Bandelt *et al.*, 1999). График соответствия распределения частот попарных нуклеотидных различий модели экспансии вида построен в программе DnaSp v.5 (Librado, Rozas, 2009). Для оценки соответствия моделям численного и пространственного расширения вида (Rogers, Harpending, 1992) рассчитывали сумму

квадратичных отклонений (SSD) и индекс Харпендинга *r* (raggedness index), а также индексы, отражающие демографические события, Таджимы (D) и Фу (F_s) в программе Arlequin v. 3.5.2.2 (Excoffier, Lischer, 2010). Для построения дерева гаплотипов и матрицы дистанций были использованы последовательности, депонированные в базе нуклеотидных последовательностей GenBank® (NCBI), содержащие исследованные участки мтДНК: NC012928 (*Thymallus thymallus*), NC012929 (*T. arcticus*), NC027409 (*Thymallus tugarinae*), NC027412 (*T. brevirostris*), KJ866482 (*Thymallus baicalolenensis*) KT867089 (*T. arcticus mertesii*), KU674353 (*Thymallus grubii flavomaculatus*). Полученные последовательности гаплотипов были депонированы в GenBank под номерами: MW036546 — MW036553; MW048650 — MW048665.

Для уточнения вопросов видовой принадлежности мы ориентировались на критерии, принятые в проекте паспортизации видов BOLD (Ratnasingham, Hebert, 2007).

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

После выравнивания был исследован участок гена *COI* (длиной 699 п. н.), всего было выявлено 17 вариабельных сайтов, из них 16 информативных, 15 транзиций и 2 трансверсии, все замены — синонимичные. Среди 62 исследованных последовательностей было выделено 8 гаплотипов, из них 6 гаплотипов у монгольского хариуса из реки Кобдо, 1 гаплотип у хариусов из Черного Иртыша, отличающийся на 3 замены от массового гаплотипа Mon_1, и 1 гаплотип у хариусов из верховьев Енисея, отличающийся на 11 замен от массового гаплотипа Mon_1 (табл. 1, рис. 26, прил. 1). После выравнивания 60 последовательностей, в проанализированном участке длиной 1066 п. н., содержащем полную последовательность контрольного региона (*CR*) мтДНК, было выявлено 22 вариабельных информативных сайта, из них 18 транзиций и 4 трансверсии. Всего было выделено 16 гаплотипов с инделами и 13 без инделов, из них 12 гаплотипов с инделами принадлежали *T. brevirostris*, 5 из них были выявлены впервые. Два новых гаплотипа (Kaz_1 и Kaz_2), отличающихся на 3 замены от гаплотипов из реки Кобдо, выделили у рыб из реки Черный Иртыш (табл. 1, рис. 2а, прил. 1). Один из гаплотипов хариусов из Верхнего Енисея совпал с последовательностями *CR* из Генбанка (EU676291, -2, -4), принадлежавшими *T. svetovidovi* из Шишкин Гол, второй гаплотип — новый, все гаплотипы отличались на одну замену — транзицию. После объединения двух фрагментов (*COI* + *CR*) и выравнивания участка длиной 1765 п. н. было выявлено 20 гаплотипов с инделами (табл. 1). Параметры генетического разнообразия были значительно выше для монгольского хариуса, чем для верхнеенисейского (табл. 2).

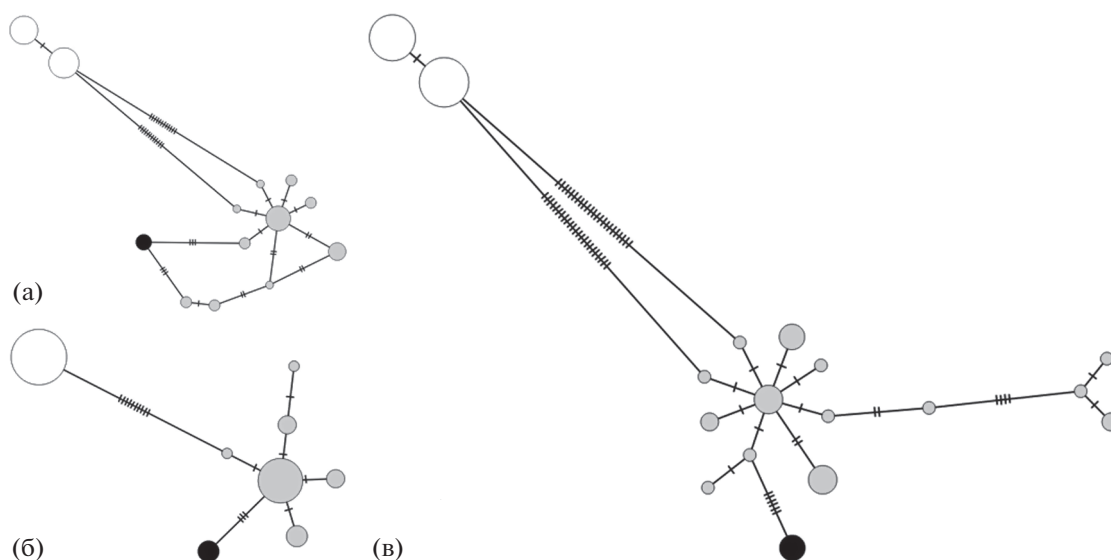


Рис. 2. MST сеть гаплотипов *T. brevirostris* (серый — р. Кобдо, черный — р. Черный Иртыш), *T. svetovidovi* (белый). На-сечки — количество замен между гаплотипами, диаметры пропорциональны количеству гаплотипов. (а) — CR мтДНК, (б) — COI мтДНК, (в) — объединенные фрагменты мтДНК CR + COI.

В структуре сетей гаплотипов монгольского хариуса прослеживается звездообразная топология (рис. 2), наиболее четко такая структура сети выявляется по гену *COI* с центральным наиболее часто встречающимся гаплотипом Mon_1 (рис. 2б). При построении деревьев разными методами топология основных узлов сохранялась (рис. 3). Гаплотипы, полученные из выборки Черного Иртыша, образовали внутреннюю ветвь в кластере монгольского хариуса (рис. 3). Гаплотипы верхнеенисейского хариуса образуют сестринскую ветвь по отношению к монгольскому с максимальной поддержкой (100/1/1) в узле ветвления, ближайшую ветвь к кластеру монгольско-верхнеенисей-

ского хариусов образует байкалоленский хариус (*T. baicalolenensis*) (рис. 3).

В матрице дистанций K2P по баркодинговому участку гена *COI* наибольшая дистанция (0.064) была между *T. tugarinae* и *T. thymallus*, наименьшие дистанции (0.006) — между *T. arcticus* и *T. arcticus mertensii* и между *T. brevirostris* и *T. brevirostris* (Kaz), дистанция между *T. brevirostris* и *T. svetovidovi* — 0.017 (табл. 3).

На диаграмме распределения частот попарных различий гаплотипов монгольского хариуса наблюдается бимодальное распределение (рис. 4). Расчет индексов популяционной экспансии для монгольского хариуса — $SSD = 0.0132$ ($P > 0.05$),

Таблица 2. Характеристики генетического разнообразия *T. brevirostris* и *T. svetovidovi* на основе фрагментов мтДНК, n — количество исследованных образцов, h — количество гаплотипов, s — число сегрегирующих сайтов, k — среднее число нуклеотидных различий, Pi — нуклеотидное разнообразие, Hd ± SD — разнообразие гаплотипов и стандартное отклонение

Участки мтДНК	Вид	n	h	s	k	Pi	Hd ± SD
COI	<i>T. brevirostris</i>	34	7	8	1.429	0.0024	0.722 ± 0.073
	<i>T. svetovidovi</i>	28	1	0	—	—	—
	Всего	62	8	17	6.206	0.00888	0.708 ± 0.045
CR	<i>T. brevirostris</i>	30	14	11	2.645	0.00249	0.867 ± 0.041
	<i>T. svetovidovi</i>	28	2	1	0.516	0.00048	0.516 ± 0.029
	Всего	60	16	22	8.322	0.00786	0.859 ± 0.024
COI + CR	<i>T. brevirostris</i>	31	18	19	4.06	0.00231	0.927 ± 0.024
	<i>T. svetovidovi</i>	28	2	1	0.516	0.00029	0.516 ± 0.029
	Всего	59	20	39	14.528	0.00826	0.873 ± 0.026

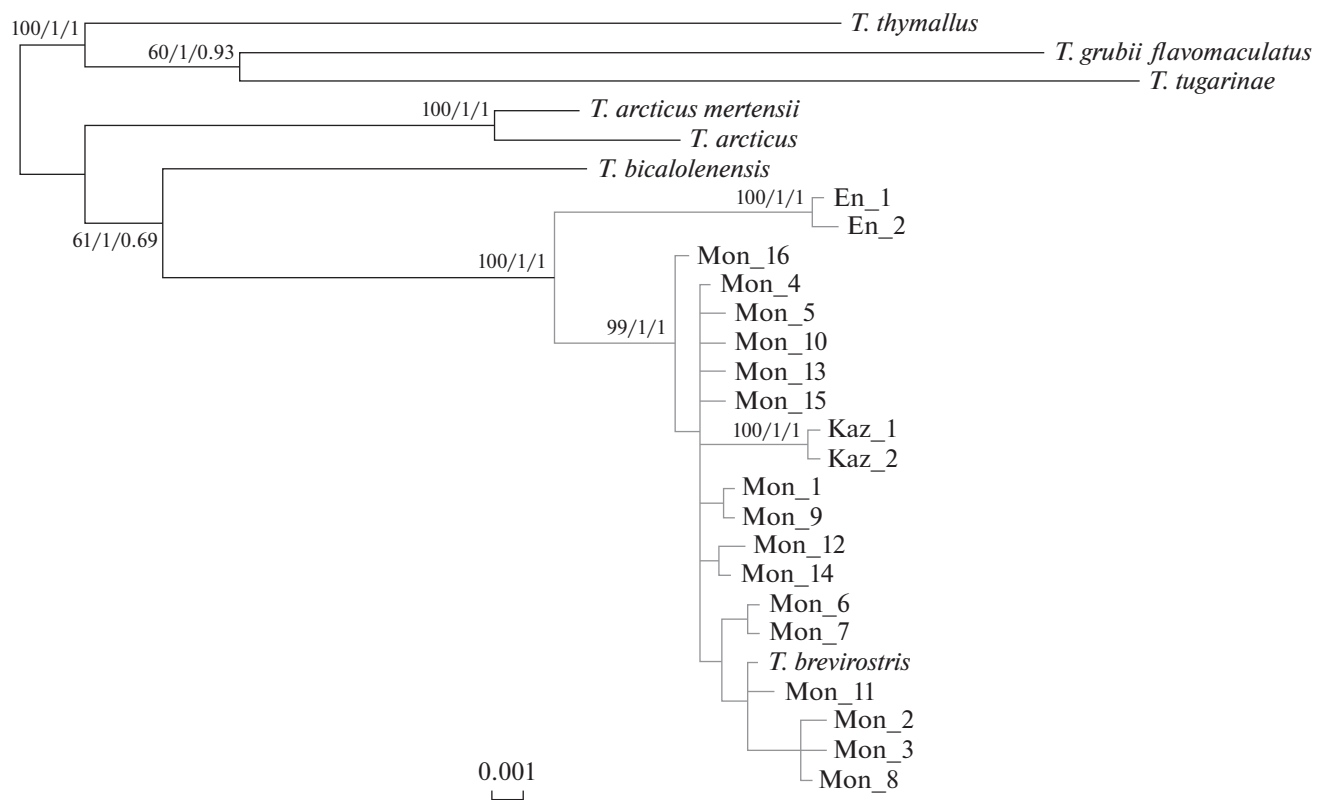


Рис. 3. Дерево гаплотипов, построенное на основе объединенных последовательностей *CR* и *CO1* мтДНК. Значения бутстреп поддержки и вероятности указаны в соответствующих узлах. Мон – гаплотипы *T. brevirostris* из р. Кобдо, Kaz – *T. brevirostris* из р. Черный Иртыш, En – *T. svetovidovi* из р. Большой Енисей.

$r = 0.0185$ ($P > 0.05$), $D = -0.504$ ($P > 0.05$), $FS = -7.3998$ ($P < 0.01$), суммарно эти значения указывают на численную экспансию вида.

В данном исследовании для большинства попарных сравнений дистанции между видами хариусов выше, чем 0.027 (табл. 3). Рассчитанные попарные дистанции были ниже формальных для вида (1%) для двух сравнений: пары *T. brevirostris* из реки Кобдо и *T. brevirostris* (Kaz) из Черного Иртыша; пары *T. arcticus* и *T. arcticus mertensii* – по

0.006 (табл. 3). При этом гаплотипы хариусов из реки Черный Иртыш находятся внутри кластера гаплотипов монгольского хариуса и не формируют внешнюю самостоятельную ветвь на дендрограмме (рис. 3). Таким образом, на основе анализа мтДНК выборки из Черного Иртыша относятся к монгольскому хариусу *T. brevirostris*.

Анализ мтДНК выборок из притоков Верхнего Енисея показал, что выявленные гаплотипы были идентичны или отличались на одну замену от

Таблица 3. Матрица средних попарных дистанций Кимуры (K2P) между гаплотипами *CO1*. *T. brevirostris* (Kaz) – хариус из реки Черный Иртыш (Казахстан)

1	<i>T. svetovidovi</i>	1	2	3	4	5	6	7	8
2	<i>T. brevirostris</i>	0.017							
3	<i>T. brevirostris</i> (Kaz)	0.017	0.006						
4	<i>T. baicalolenensis</i>	0.034	0.027	0.028					
5	<i>T. arcticus mertensii</i>	0.042	0.035	0.032	0.028				
6	<i>T. grubii flavomaculatus</i>	0.051	0.051	0.049	0.043	0.048			
7	<i>T. thymallus</i>	0.043	0.046	0.046	0.042	0.043	0.051		
8	<i>T. arcticus</i>	0.041	0.038	0.035	0.028	0.006	0.048	0.043	
9	<i>T. tugarinae</i>	0.063	0.057	0.057	0.048	0.054	0.052	0.064	0.057

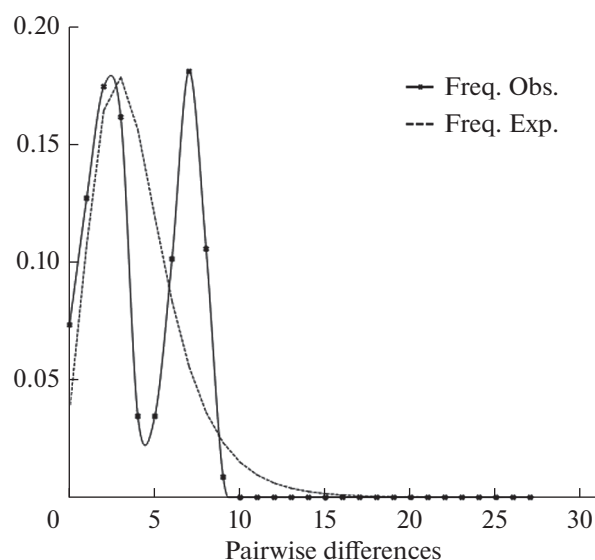


Рис. 4. График соответствия распределения частот попарных нуклеотидных различий *T. brevirostris* модели экспансии вида.

уже известных для этого вида. При этом, для верхнеенисейского хариуса известно экстремально низкое число гаплотипов: только три гаплотипа, вместе с полученными в нашей работе. Все это свидетельствует об “эффекте основателя” и “бутылочном горлышке”, т.е. значительном сокращении вида и происхождении от небольшого количества предков после разделения ареалов с монгольским хариусом и относительно недавнем формировании вида.

В выборке монгольского хариуса выявлен высокий уровень генетического разнообразия (табл. 1, 2), и при сопоставимом с верхнеенисейским объеме выборки у исследованных рыб было выявлено значительно большее количество гаплотипов. При этом звездообразная топология сети гаплотипов, особенно по *COI* (рис. 3), и соответствие рассчитанных параметров модели численной экспансии вида (рис. 4) свидетельствуют о произошедшем в прошлом сокращении, а затем увеличении численности монгольского хариуса. В исследованных нами выборках хариусов показатели генетического разнообразия были почти в полтора-два раза выше для контрольного региона, чем для фрагмента *COI* (табл. 2). При этом количество замен между гаплотипами монгольского и верхнеенисейского хариусов по обоим фрагментам были сопоставимы (рис. 2). Рассчитанная в нашем исследовании дистанция между верхнеенисейским и монгольским хариусами составила 0.017 и совпала с дистанциями, полученными на основе *CR* в работе Вайса с коллегами Weiss *et al.*, 2020, что выше, чем формальные внутривидовые границы. Кроме того, высокий уровень поддерж-

ки в узле ветвления монгольского и верхнеенисейского хариусов подтверждает хорошее разделение этих видов.

Таким образом, анализ мтДНК выборок хариуса из притоков Большого Енисея показал обитание верхнеенисейского хариуса в российской части ареала. В верховьях Оби (река Черный Иртыш, Казахстан) подтверждено обитание монгольского хариуса.

Благодарности. Авторы искренне признательны О.О. Колачевской, Н.В. Гордеевой и Г. Шалгимбаевой за помощь в сборе материала.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Берг Л.С. Рыбы пресных вод СССР и сопредельных стран. 4-е изд. Ч. 1. М.; Л.: Изд-во Акад. наук СССР, 1948. 465 с.
- Гундризер А.Н. О новом подвиде сибирского хариуса из бассейна Большого Енисея // Учен. зап. /Том. ун-т/. 1967. Вып. 53: Биология и почвоведение. С. 79–94.
- Гундризер А.Н. Зубастый сибирский хариус — *Thymallus arcticus* Dentatus Subsp. Nova // Новые данные о фауне и флоре Сибири. Томск: Изд-во Том. ун-та, 1979. С. 15–22.
- Книжнин И.Б., Вайс С.Дж. Новый вид хариуса *Thymallus svetovidovi* sp. nova (*Thymallidae*) из бассейна Енисея и его положение в роде *Thymallus* // Вопросы ихтиологии. 2009. Т. 49. № 1. С. 5–14.
- Световидов А.Н. Европейско-азиатские хариусы (genus *Thymallus* Cuvier) // Тр. Зоол. ин-та АН СССР. 1936. Т. 3. С. 183–301.
- Bandelt H.J., Forster P., Röhl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies // Mol. Biol. Evol. 1999. V. 16. P. 37–48.
- Dyldin Yu.V., Hanel L., Romanov V.I., Plesnik J. A review of the genus *Thymallus* (Pisces: Salmoniformes, Salmonidae, Thymallinae) with taxonomic notes // Bulletin Lampetra. 2017. V. 8. P. 103–126.
- Guindon S., Dufayard J.F., Lefort V., Anisimova M., Hordijk W., Gascuel O. New Algorithms and Methods to Estimate Maximum-Likelihood Phylogenies: Assessing the Performance of PhyML 3.0. // System. Biology. 2010. V. 59. Iss. 3. P. 307–321.
- Guindon S., Gascuel O. A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood // System. Biology. 2003. V. 52. P. 696–704.
- Excoffier L., Lischer H.E. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows // Mol. Ecol. Res. 2010. V. 10. P. 564–567.
- 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. Phylogen. Evol. 2005. V. 34. P. 106–117.
- Ivanova N., Zemlyak T., Hanner R., Hebert P. Universal primer cocktails for fish DNA barcoding // Mol. Ecol. Notes. 2007. V. 7. P. 544–548.

- Kimura M. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences // J. Mol. Evol. 1980. V. 16. P. 111–120.
- Kottelat M. Fishes of Mongolia: a check-list of the fishes known to occur in Mongolia with comments on systematics and nomenclature. World Bank Report (NE-MO). Washington, D.C.: World Bank Group, 2006. 103 p.
- Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C., Tamura K. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms // Mol. Biol. Evol. 2018. V. 35. P. 1547–1549.
- Lefort V., Longueville J.-E., Gascuel O. SMS: Smart Model Selection in PhyML // Mol. Biol. Evol. 2017. V. 34. Iss. 9. P. 2422–2424.
- Librado P., Rozas J. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data // Bioinformatics. 2009. V. 25. P. 1451–1452.
- Ratnasingham S., Hebert P.D.N. BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). // Mol. Ecol. Notes. 2007. V. 7. P. 355–364.
- Rogers A.R., Harpending H. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences // Mol. Biol. Evol. 1992. V. 9. P. 552–569.
- Romanov V.I. On the taxonomic composition of the graylings (*Thymallidae*) from the Ob and Yenisei River Basins // Intern. J. Environ. Studies. 2017. V. 74. P. 845–853.
- Uiblein F., Jagsch A., Honsig-Erlenburg W., Weiss S. Status, habitat use, and vulnerability of the European grayling in Austrian waters // J. Fish Biology. 2001. V. 59. P. 223–247.
- Villesen P. FaBox: an online toolbox for fasta sequences // Mol. Ecol. Notes. 2007. V. 7. Iss. 6. P. 965–968.
- Weiss S., Grimm J., Gonçalves D.V., Secci-Petretto G., Englmaier G.K., Baimukanov M., Froufe E. Comparative genetic analysis of grayling (*Thymallus* spp. Salmonidae) across the paleohydrologically dynamic river drainages of the Altai-Sayan mountain region // Hydrobiologia. 2020. V. 847. P. 2823–2844.

mtDNA Analysis of the Upper Yenisei (*Thymallus svetovidovi*) and Mongolian (*Thymallus brevirostris*) Graylings, Clarification of Their Ranges

E. V. Ponomareva^{1, #}, A. A. Volkov², M. V. Ponomareva¹, and E. A. Shubina³

¹ Lomonosov Moscow State University, Moscow, 119991 Russia

² Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography, Moscow, 105187 Russia

³ Belozersky Research Institute of Physico-Chemical Biology MSU, Moscow, 119991 Russia

[#] e-mail: kponem@mail.ru

Samples of graylings from the tributaries of the Great Yenisei and of the Black Irtysh were analyzed and compared with the Mongolian grayling *T. brevirostris* from the Khovd River based on two mtDNA fragments (*COI* and *CR*). It was shown that haplotypes of graylings from the Black Irtysh belong to the Mongolian grayling. Based on the analysis, it was concluded that the Upper Yenisei grayling *T. svetovidovi* inhabiting the tributaries of the Greater Yenisei has lower genetic diversity than the Mongolian grayling.

Keywords: Upper Yenisei grayling, *T. svetovidovi*, Mongolian grayling, *T. brevirostris*, *COI*, *CR*, the Great Yenisei, the Black Irtysh