

**ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЕ ПОЛОЖЕНИЕ СИГОВ ГРУППЫ
Coregonus lavaretus (L.) ИЗ ТЕЛЕЦКОГО ОЗЕРА (СИБИРЬ) НА ОСНОВЕ
ПОЛНОГЕНОМНЫХ ДАННЫХ МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК**

© 2022 г. М. М. Соловьев^{1, 2, *}, Н. А. Бочкарев¹, Н. В. Орешкова^{3, 4},
Е. Н. Кашина¹, Е. П. Симонов^{1, 5}

¹Институт систематики и экологии животных Сибирского отделения
Российской академии наук, Новосибирск, 630091 Россия

²Томский государственный университет, Томск, 634050 Россия

³Федеральный исследовательский центр, Красноярский научный центр Сибирского отделения
Российской академии наук, Красноярск, 660036 Россия

⁴Сибирский федеральный университет, Красноярск, 660041 Россия

⁵Тюменский государственный университет, Тюмень, 625003 Россия

*e-mail: yarmak85@mail.ru

Поступила в редакцию 10.04.2021 г.

После доработки 12.06.2021 г.

Принята к публикации 25.06.2021 г.

Систематика комплекса видов европейского сига *Coregonus lavaretus* (L.) чрезвычайно сложна. Благодаря широкому распространению от Центральной Европы до водоемов Чукотки и высокой биологической пластичности описаны многие формы с различным таксономическим статусом. В Телецком озере (Россия) обитает эндемичная пара сигов – сиг Правдина *Coregonus lavaretus pravdinellus* и телецкий сиг *C. smitti*. Ранее было отсекуено 106 митогеномов комплекса *C. lavaretus* из разных популяций Европы, в то время как для сигов из Сибири такие данные полностью отсутствуют. Нами получены митохондриальные геномы *C. smitti* и *C. l. pravdinellus* длиной 16738 пн с высоким покрытием. Митогеномы различаются по 46 позициям (0.27%). Совместный анализ митогеномов *C. lavaretus* из водоемов Европы и Телецкого озера подтверждает общее происхождение популяций сига восточной части Балтийского моря и водоемов Сибири. Кроме того, анализ полных митогеномов телецкого сига и сига Правдина не подтверждает их отдельный таксономический статус, по крайней мере, на основе мтДНК.

Keywords: Coregoninae, *Coregonus smitti*, *Coregonus lavaretus pravdinellus*, Алтай, митогеном, Сибирь.

DOI: 10.31857/S0016675822020126

Сиги рода *Coregonus* (семейство Salmonidae) имеют циркумполярное распространение и в течение длительного времени служат моделью для изучения различных аспектов эволюционной биологии [1–8]. Считается, что систематика комплекса *Coregonus lavaretus* s.l. чрезвычайно сложна, и благодаря высокой биологической пластичности комплексного вида, в нем было описано множество внутривидовых форм [9, 10]. Относительно описанных форм/видов существует точка зрения, согласно которой значительная часть разнообразия принадлежит к одной форме/виду и является синонимами [11–13]. В Южной Сибири представители комплекса распространены от Телецкого озера до притоков р. Лена, где, как и в Арктике, было описано большое число “экологических форм” и видов [10, 11].

Первое упоминание о сигах из Телецкого озера можно найти в статье С.И. Гуляева “О сельдях в Телецком озере”, опубликованной в 1865 г. в газете “Томские губернские ведомости” [14]. Однако в статье нет какого-либо деления сигов на формы или виды и только упоминается, что “похожи на каспийских и принадлежат к породе пресноводных сельдей” [14]. В 1900 г. в статье Н.А. Варпаховского “Рыбы Телецкого озера” опубликованы сведения о *C. lavaretus* из Телецкого озера, где он описан как *C. smitti* [15]. Позже, в 1916 г. Л.С. Берг отнес этого сига к ледовитоморским сигам *C. lavaretus pidschian* (Gmelin) natio Smitti Wapachowski, поскольку он не нашел четких различий между сигом из Телецкого озера и сигаами из других водоемов Сибири [16]. Е.П. Радченко в своей работе, опубликованной в 1935 г., также использует название *C. l. pidschian* (Gmelin)

natio Smitti Warpachowski для обозначения телецкого сига – сельди при описании его биологии. В работе не отмечаются различия между формами, хотя приводятся данные по сигам со средней длиной 92.7–170.8 мм (по Смитту) [17]. В 1949 г. Г.Д. Дулькейт публикует статью “Ихтиофауна Телецкого озера и реки Бия”, в которой телецкий сиг упоминается как форма сига-пыжьяна *C. l. pid-schian natio smitti* Warpachowski и дает описание нового вида сига из Телецкого озера – сига Правдина *Coregonus pravdinellus* sp. nov. [18]. В 1962 г. А.Н. Гундризер понижает таксономический статус сига Правдина до подвидового – *Coregonus lavaretus pravdinellus* Dulkeit и приводит сравнительную морфологическую характеристику относительно телецкого сига [19]. В 1981 г. коллективом авторов была опубликована монография “Рыбы Телецкого озера”, где анализируются морфологические, биологические, экологические характеристики сигов и рассматривается их происхождение [20]. Позже были опубликованы еще несколько работ, касающихся морфологической и биологической изменчивости сига Правдина [21–23]. Основываясь на данных аллозимного анализа в 2010 г., С.Н. Балдина с соавт. и Д.В. Политов с соавт. из-за заметных отличий этого сига от *C. lavaretus* из других географических регионов предложили рассматривать телецкого сига как самостоятельный вид *C. smitti* [24, 25]. Однако исследования мтДНК (1930 пн *ND1* [26] и 1140 пн *Cytb* [27]) не выявили значительных отличий как между телецкими сигами, так и между ними и сигами *C. lavaretus* из других водоемов бассейна р. Обь. Также не было обнаружено морфологического и генетического соответствия между различными формами/видами симпатрических сигов Телецкого озера [26]. Такое состояние мтДНК может являться результатом, как формообразования, так и встречного расселения с последующей гибридизацией.

В настоящем исследовании телецкого сига мы будем называть как “*C. smitti*”, а сига Правдина как “*C. l. pravdinellus*”. Телецкий сиг может достигать длины по Смитту 20–25 см (в возрасте семи лет) и общей массы тела около 150–200 г, имеет в среднем (*Sp.br*) 27–28 тычинок на первой жаберной дуге (малотычинковая форма), в то время как сиг Правдина значительно меньше и относится к среднетычинковым сигам (*Sp.br* = 33–34) [28]. Обе формы/вида сигов Телецкого озера относятся к малочешуйчатым сигам (*ll* = 81–83), широко распространенным в водоемах Евразии. Спектр питания телецкого сига таксономически разнообразен и включает в себя личинок насекомых, моллюсков, гаммарид и др., в то время как сиг Правдина питается преимущественно планктонными ракообразными [22]. Подобные формы сигов в литературе часто упоминаются как нормальные (*normal*) (бентофаги) и карликовые (*dwarf*) (планктофаги) [5, 29].

В 2012 г. Якобсен с соавт. анализируя 106 митогеномов представителей комплекса *C. lavaretus* из разных популяций в Европе, достигли гораздо более разрешенной топологии дерева, чем это было возможно ранее на основе небольших фрагментов мтДНК [30]. Однако в этот анализ не были включены представители *C. lavaretus* из Сибири. Чтобы частично восполнить этот пробел, в настоящей работе мы предлагаем полные митогеномы телецких симпатрических сигов *C. smitti* и *C. l. pravdinellus*.

Сиги были пойманы в сентябре 2017 г. в северной части Телецкого озера (52.32° с.ш. 87.50° в.д.) (Республика Алтай, Западная Сибирь, Россия). Митогеномы были собраны из данных, полученных в эксперименте по секвенированию транскриптомов желудочно-кишечного тракта (RNA-seq). Тотальную РНК из кишечника по одной особи от каждого сига выделяли с использованием реагента ExtractRNA для выделения суммарной РНК (ЗАО “Евроген”, Москва) по инструкции производителя. Целостность выделенной РНК проверяли на электрофоретической системе Bioanalyzer 2100 (Agilent Technologies) с использованием Agilent RNA 6000 Nano Reagents (Agilent Technologies). Концентрацию РНК в образце измеряли с помощью флуориметра Qubit (Thermo Fisher Scientific, США). Библиотеку готовили с использованием набора RNA NEBNext Ultra II для Illumina (New England Biolabs) в соответствии с инструкциями производителя. Контроль качества подготовленной библиотеки проводили на приборе Bioanalyzer 2100 с использованием реагентов Agilent DNA 1000 (Agilent Technologies). Готовую библиотеку секвенировали на платформе Illumina NovaSeq 6000 (300 циклов, 2 × 150 пн). Качество полученных прочтений оценивалось с помощью FastQC 0.11.7 [31]. Удаление адаптеров и низкокачественных ридов выполнялись с помощью Cutadapt 1.9.1 [32]. Прочтения были картированы на митохондриальные геномы Coregoninae и собраны в отдельный файл с помощью bowtie2 2.3.5 (с параметрами по умолчанию) [33]. Затем эти чтения были собраны *de novo* в контиги с помощью инструмента “De Novo Assembly” в CLC Genomics Workbench с настройками по умолчанию. Полученные контиги были выровнены на ранее опубликованный митогеном *C. lavaretus* (NC_002646.1) с помощью инструмента CLC “Map Reads to Reference”. Выровненные на митогеном контиги объединялись в консенсусную последовательность с помощью инструмента CLC “Extract Consensus Sequence”.

В качестве альтернативного подхода прочтения картировались на референсный митогеном с помощью инструмента CLC “Map Reads to Refer-

Таблица 1. Оптимальные схемы разделения выравнивания и модели нуклеотидных замен, использованные в филогенетическом анализе

Анализ	Модель	Разделы
BI	HKY + I	tRNA-Ser, tRNA-His, tRNA-Tyr, tRNA-Ala, tRNA-Pro, tRNA-Glu, tRNA-Met, L-strand rep. origin, ATP8, tRNA-Leu, COX2, COX3, COX1, tRNA-Phe, control region, tRNA-Gln
	HKY	tRNA-Lys, tRNA-Asp, tRNA-Val, tRNA-Trp, 12S, 16S, tRNA-Ser, tRNA-Thr, tRNA-Arg, tRNA-Cys
	GTR	tRNA-Gly, tRNA-Asn, ND4l, ND1, ND3, CYTB, ATP6, ND2, ND4, ND5, tRNA-Ile, tRNA-Leu
	HKY	ND6
ML	TN + F	tRNA-Phe, 12S, tRNA-Val, 16S, tRNA-Trp, L-strand rep. origin, ND6, tRNA-Thr
	TN + F + I	tRNA-Leu, ND1, tRNA-Ile, tRNA-Gln, tRNA-Met, ND2, tRNA-Ala, tRNA-Asn, tRNA-Cys, tRNA-Tyr, COX1, tRNA-Ser2, tRNA-Asp, COX2, tRNA-Lys, ATP8, ATP6, COX3, tRNA-Gly, ND3, tRNA-Arg, ND4l, ND4, tRNA-His, tRNA-Ser, tRNA-Leu2, ND5, tRNA-Glu, CYTB, tRNA-Pro, control region

ence” (настройки по умолчанию) с извлечением консенсусной последовательности. Затем обе консенсусные последовательности мтДНК, полученные двумя разными подходами, вручную выравнивались и сопоставлялись друг с другом в SeaView 4.5.4 [34]. Полученное выравнивание проверялось вручную, и несколько конфликтующих позиций были исправлены путем сопоставления с результатами обратного картирования ридов на полученные консенсусные последовательности. Автоматическая аннотация митохондриальных геномов выполнена с помощью MitoAnnotator [35], проверена и скорректирована вручную. Нами успешно получены митохондриальные геномы *C. smitti* и *C. l. pravdinellus* длиной 16738 пн со средним покрытием 9301× и 13187× соответственно (номера доступа в NCBI GenBank MK913369 и MW817086).

Реконструкция филогенетических отношений выполнялась при помощи методов максимального правдоподобия (maximum likelihood, ML) и байесовского анализа (Bayesian inference, BI). Митохондриальные геномы *C. lavaretus* были получены из публичных данных в GenBank (номера доступа даны на рис. 1), множественное выравнивание последовательностей выполнено с помощью Muscle 3.8.31 [36]. Выравнивание было разделено на отдельные партии согласно схеме аннотации мтДНК, поиск оптимальной схемы разделения и выбор моделей нуклеотидных замен проведен в PartitionFinder 2.1.1 [37] для BI, или в IQ-TREE 2.1.2 [38] с использованием ModelFinder [39] для ML-анализа (табл. 1). Программа

MrBayes 3.2.6 [40] использовалась для байесовского анализа со следующими параметрами: два одновременных запуска по 10^6 генераций с частотой записи параметров каждые 500 генераций. Первые 25% генераций были исключены как тренировочные (burn-in). ML-анализ выполнен в программе IQ-TREE, с оценкой устойчивости узлов филогенетических деревьев при помощи процедуры ультрабыстрого бутстрепа [41] с 1000 реплик. Некорректированные генетические дистанции между проанализированными митогеномами были рассчитаны в MEGA7 [42].

Полученные митогеномы различаются по 46 позициям (0.27%). Филогенетические деревья, реконструированные двумя методами, имеют одинаковую топологию и помещают обоих исследованных сигов в “европейскую северо-восточную” кладу *C. lavaretus* (согласно [30]) со 100%-ной поддержкой (на рис. 1 приведены только результаты BI). Среднее нескорректированное генетическое расстояние (p -distance) между членами клады составляет $0.14 \pm 0.01\%$ (min–max: 0.006–0.29%), в то время как среднее расстояние до членов сестринской “Европейской юго-западной” клады (по [30]) составляет $0.48 \pm 0.05\%$. Таким образом, совместный анализ митогеномов *C. lavaretus* из водоемов Европы и Телецкого озера подтверждает общее происхождение популяций сига восточной части Балтийского моря и водоемов Сибири. Кроме того, анализ полных митогеномов не подтверждает их отдельный таксономический статус (как “*C. smitti*” и “*C. l. pravdinellus*”), по крайней мере на основе мтДНК.

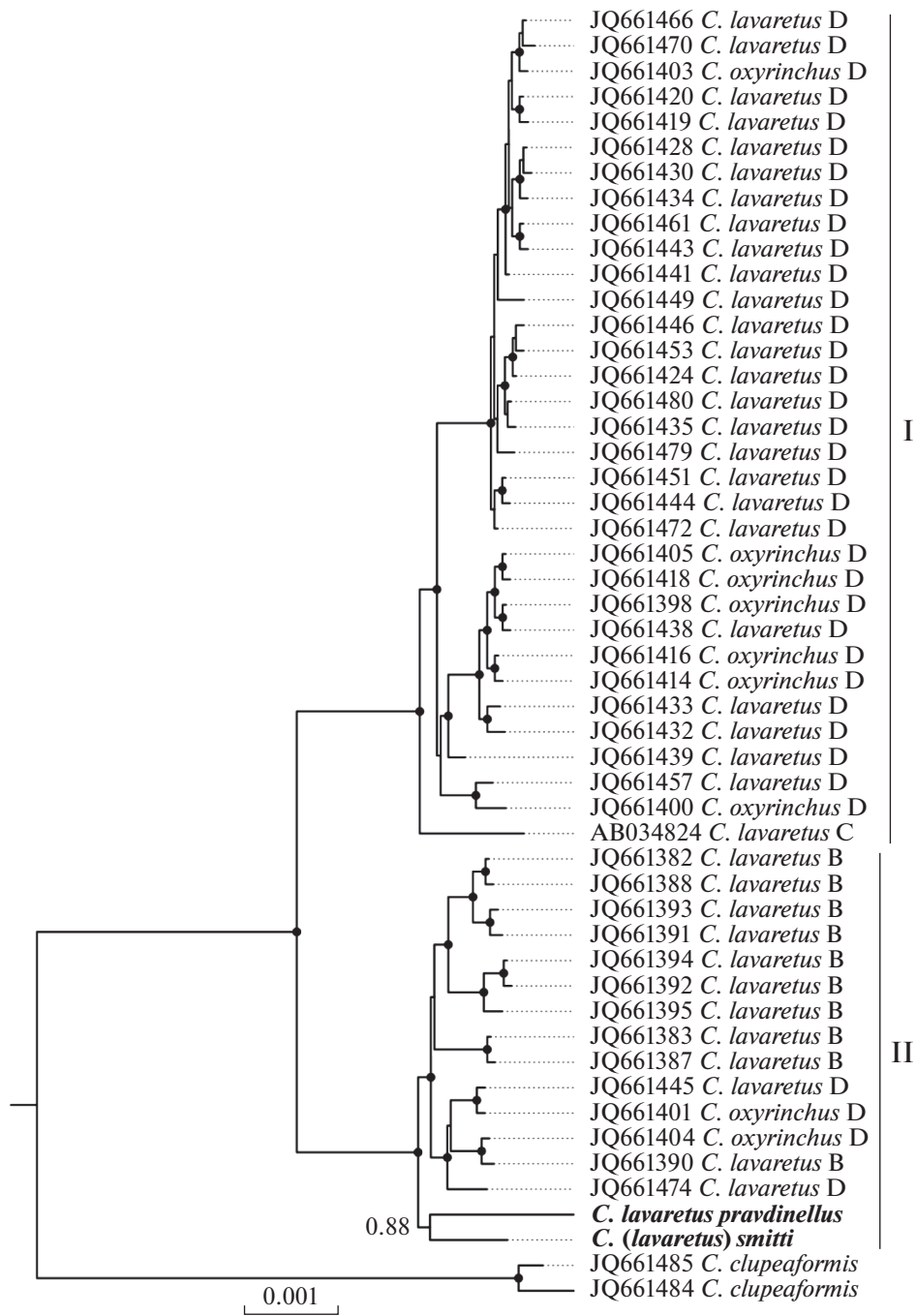


Рис. 1. Филогенетическое дерево комплекса *C. lavaretus*, полученное при помощи байесовского филогенетического анализа на основе полных последовательностей мтДНК. Приведены апостериорные вероятности выше 0.7, черные кружки в узлах означают апостериорную вероятность больше или равную 0.98. Последовательности *C. clupeaformis* использованы в качестве внешней группы. Прочие обозначения: I – Европейская юго-западная клада, II – Европейская северо-восточная клада (по [30]), D – Дания, B – Балтийское море, C – Чехия.

Филогенетический анализ показал базальное положение сигов Телецкого озера в пределах их клады, то есть как наиболее раннюю ветвь, отделившуюся от самого недавнего общего предка “европейской северо-восточной” клады. В предыдущих работах с сибирскими популяциями сигов

показано, что сиги Телецкого озера имеют общие гаплотипы мтДНК по фрагменту ND1 (975 пн) и 16S-ND1 (1929 пн) с сигами из притоков нижнего течения р. Обь (Западная Сибирь), бассейнов рек Большой Енисей и Анабар, водоемов п-ова Таймыр (Восточная Сибирь) и водоемов Фенноскан-

дии [13, 26]. Что свидетельствует о широком распространении и расселении этой гаплогруппы сигов в водоемах Евразии.

Заселение сига́ми постледниковых водоемов Европы из водоемов Сибири скорее всего происходило двумя путями. В настоящее время известно, что сиги из рефугиумов Алтае-Саянской горной страны расселялись вниз по течению основной магистрали р. Обь, и мигрировали как на восток (в бассейны рек Оленек, Анабар, Пра-Енисей), так и в западном направлении, до бассейна Балтийского моря [13, 43]. Кроме того, морфологически и генетически дистантные ледниково-равнинные сиги (*C. l. pidschian* n. *glacialis*), вероятно арктического происхождения, мигрировали вдоль побережья в западном направлении [1]. Таким образом, разнообразие сигов с нижним и полунижним ртом в европейских водоемах обеспечивалось гибридизацией, по крайней мере четырех генетических линий сигов: сформировавшихся в европейских рефугиумах Альпийской и Североморской, и пришедшими с Востока Южно-Сибирской и Сибирской Арктической [1, 2].

Исследование поддержано грантом РНФ 17-74-10071.

Все применимые международные, национальные и/или институциональные принципы ухода и использования животных были соблюдены.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

Вклад авторов: М.М.С. и Е.П.С. внесли равный вклад в работу и подготовку рукописи.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Østbye K., Bernatchez L., Næsje T.F. et al. Evolutionary history of the European whitefish *Coregonus lavaretus* (L.) species complex as inferred from mtDNA phylogeography and gill-raker numbers // *Mol. Ecol.* 2005. V. 14. P. 4371–4387. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02737.x>
2. Østbye K., Amundsen P., Bernatchez L. et al. Parallel evolution of ecomorphological traits in the European whitefish *Coregonus lavaretus* (L.) species complex during postglacial times // *Mol. Ecol.* 2006. V. 15. № 13. P. 3983–4001. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2006.03062.x>
3. Rogers S.M., Bernatchez L. The genetic architecture of ecological speciation and the association with signatures of selection in natural lake whitefish (*Coregonus* sp. Salmonidae) species pairs // *Mol. Biol. Evol.* 2007. V. 24. № 6. P. 1423–1438. <https://doi.org/10.1093/molbev/msm066>
4. Lundsgaard-Hansen B., Matthews B., Vonlanthen P. et al. Adaptive plasticity and genetic divergence in feeding efficiency during parallel adaptive radiation of whitefish (*Coregonus* spp.) // *J. Evol. Biol.* 2013. V. 26. № 3. P. 483–498. <https://doi.org/10.1111/jeb.12063>
5. Sevellec M., Derome N., Bernatchez L. Holobionts and ecological speciation: the intestinal microbiota of lake whitefish species pairs // *Microbiome*. 2018. V. 6. № 47. <https://doi.org/10.1186/s40168-018-0427-2>
6. Solovyev M.M., Kashinskaya E.N., Bochkarev N.A. et al. The effect of diet on the structure of gut bacterial community of sympatric pair of whitefishes (*Coregonus lavaretus*): One story more // *PeerJ*. 2019. V. 7. P. e8005. <https://doi.org/10.7717/peerj.8005>
7. Vychenko O.S., Sukhanova L.V., Azhikina T.L. et al. Differences in brain transcriptomes of closely related Baikal Coregonid species // *Bio. Med. Res. Int.* 2014. V. 2014. P. 1–11. <https://doi.org/10.1155/2014/857329>
8. Teterina V., Sukhanova L., Smirnov V. et al. Complete mitochondrial genomes of Baikal endemic coregonids: Omul and lacustrine whitefish (Salmonidae: *Coregonus* sp.) // *Mitochondrial DNA Part B-Resources*. 2020. V. 5. P. 414–416. <https://doi.org/10.1080/23802359.2019.1703565>
9. Правдин И.Ф. Сиги водоемов Карело-Финской ССР. М., Л.: Изд-во АН СССР, 1954. 324 с.
10. Решетников Ю.С. Экология и систематика сиговых рыб. М.: Наука, 1980. 300 с.
11. Скрябин А.Г. Сиговые рыбы юга Сибири. Новосибирск: Наука, 1979. 229 с.
12. Романов В.И., Зуйкова Е.И., Бочкарев Н.А. Морфологическая и экологическая дифференциация симпатрических сигов рода *Coregonus* из оз. Таймыр // *Сиб. экологич. журн.* 2016. № 9. С. 290–296.
13. Бочкарёв Н.А., Пестрякова Л.А., Захаров Е.С. и др. Сиг-пыжьян (*Coregonus lavaretus pidschian*, Coregonidae) реки Анабар: морфогенетическая структура популяции // *Генетика*. 2018. Т. 54. № 9. С. 1057–1067. <https://doi.org/10.1134/S1022795418090041>
14. Гуляев С.И. О сельдях в Телецком озере // *Томские губернские ведомости (часть неофициальная)*. 1865. № 43. С. 1–4.
15. Варнаховский Н.А. Рыбы Телецкого озера // *Ежегодник зоол. музея АН*. 1900. Т. 5. С. 241–271.
16. Берг Л.С. Рыбы пресных вод Российской Империи. М.: Типография Т-ва Рябушинских, 1916. 563 с.
17. Радченко Е.П. О рыбном хозяйстве Телецкого озера (промыслово-биологический очерк) // *Тр. ВНИРО*. 1935. Т. 2. С. 64–100.
18. Дулькейт Г.Д. Ихтиофауна озера Телецкого и реки Бия // *Заметки по фауне и флоре Сибири*. Томск: Томский гос. ун-тет, 1949. № 8. С. 9–12.
19. Гундризер А.Н. К биологии сига Правдина из Телецкого озера и реки Бия // *Изв. Сиб. отд. АН СССР*. 1962. № 3. С. 111–119.
20. Гундризер А.Н., Иоганзен Б.Г., Кафанова В.В., Кривошеиков Г.М. Рыбы Телецкого озера. Новосибирск: Наука, 1981. 189 с.
21. Бочкарёв Н.А., Гафина Т.Э. Сравнительная характеристика телецкого сига и сига Правдина Телец-

- кого озера. (Алтайский край) // Сиб. биол. журн. 1993. № 2. С. 64–69.
22. Бочкарёв Н.А., Зуйкова Е.И. Морфобиологическая и экологическая дифференциация симпатрических сигов рода *Coregonus* из Телецкого озера // Зоол. журн. 2006. Т. 85. № 8. С. 950–958.
 23. Голубцов А.С., Малков Н.П. Очерк ихтиофауны Республики Алтай: систематическое разнообразие, распространение и охрана. М.: Тов-во науч. изд. КМК, 2007. 164 с.
 24. Балдина С.Н., Гордон Н.Ю., Политов Д.В. Генетическая дифференциация некоторых видов сиговых рыб Сибири // Биология, биотехника разведения и состояние запасов сиговых рыб. Матер. VII Международного научно-произв. совещ. / Под ред. Литвиненко А.И., Решетникова Ю.С. Тюмень: Госрыбцентр, 2010. С. 5–9.
 25. Политов Д.В., Гордон Н.Ю., Балдина С.Н. Филогенетика и филогеография сиговых – сравнение морфологического и генетического подходов // Биология, биотехника разведения и состояние запасов сиговых рыб. Матер. VII Международного научно-произв. совещ. / Под ред. Литвиненко А.И., Решетникова Ю.С. Тюмень: Госрыбцентр, 2010. С. 37–41.
 26. Bochkaev N.A., Zuykova E.I., Katokhin A.V. Morphology and mitochondrial DNA variation of the Siberian whitefish *Coregonus lavaretus pidschian* (Gmelin) in the upstream water bodies of the Ob and Yenisei rivers // *Evol. Ecol.* 2011. V. 25. P. 557–572. <https://doi.org/10.1007/s10682-010-9437-7>
 27. Sukhanova L.V., Smirnov V.V., Smirnova-Zalumi N.S. et al. Molecular phylogeography of Lake Baikal coregonid fishes // *Advanc. Limnol.* 2012. V. 63. P. 261–283. <https://doi.org/10.1127/advlim/63/2012/261>
 28. Бочкарёв Н.А. Межгодовая изменчивость биологических признаков у симпатрических сигов Телецкого озера // Вест. СВНЦ ДВО РАН. 2009. № 3. С. 40–45.
 29. Bernatchez L. Ecological theory of adaptive radiation: an empirical assessment from coregonine fishes (Salmoniformes) // *Evolution Illuminated: Salmon and Their Relatives*. N.Y.: Oxford Univ. Press, 2004. P. 175–207.
 30. Jacobsen M.M., Hansen M.M., Orlando L. et al. Mitogenome sequencing reveals shallow evolutionary histories and recent divergence time between morphologically and ecologically distinct European whitefish (*Coregonus* spp.) // *Mol. Ecol.* 2012. V. 21. P. 2727–2742. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2012.05561.x>
 31. Andrews S. FastQC: A quality control tool for high throughput sequence data. [accessed 2019 March 10]. 2010. <http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc>
 32. Martin M. Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads // *EMBnet journal*. 2011. V. 17. № 1. P. 10–12. <https://doi.org/10.14806/ej.17.1.200>
 33. Langmead B., Salzberg S.L. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2 // *Nat. Methods*. 2012. V. 185. № 9. P. 357–354. <https://doi.org/10.1038/nmeth.1923>
 34. Gouy M., Guindon S., Gascuel O. SeaView version 4: A multiplatform graphical user interface for sequence alignment and phylogenetic tree building // *Mol. Biol. Evol.* 2010. V. 27. P. 221–224. <https://doi.org/10.1093/molbev/msp259>
 35. Iwasaki W., Fukunaga T., Isagozawa R. et al. MitoFish and MitoAnnotator: A mitochondrial genome database of fish with an accurate and automatic annotation pipeline // *Mol. Biol. Evol.* 2013. V. 30. № 11. P. 2531–2540. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst141>
 36. Edgar R.C. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput // *Nucl. Ac. Res.* 2004. V. 32. P. 1792–1797. <https://doi.org/10.1093/nar/gkh340>
 37. Lanfear R., Frandsen P.B., Wright A.M. et al. Partition-Finder 2: New methods for selecting partitioned models of evolution for molecular and morphological phylogenetic analyses // *Mol. Biol. Evol.* 2016. V. 34. № 3. P. 772–773. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw260>
 38. Minh B.Q., Schmidt H.A., Chernomor O. et al. IQ-TREE 2: New models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era // *Mol. Biol. Evol.* 2020. V. 37. P. 1530–1534. <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa015>
 39. Kalyaanamoorthy S., Minh B.Q., Wong T.K.F. et al. ModelFinder: Fast model selection for accurate phylogenetic estimates // *Nat. Methods*. 2017. V. 14. P. 587–589. <https://doi.org/10.1038/nmeth.4285>
 40. Ronquist F., Huelsenbeck J.P. MRBAYES 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models // *Bioinformatics*. 2003. V. 19. P. 1572–1574. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg180>
 41. Hoang D.T., Chernomor O., von Haeseler A. et al. UFBoot2: Improving the ultrafast bootstrap approximation // *Mol. Biol. Evol.* 2018. V. 35. P. 518–522. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx281>
 42. Kumar S., Stecher G., Tamura K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets // *Mol. Biol. Evol.* 2016. V. 33. P. 1870–1874. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>
 43. Бочкарёв Н.А., Сендек Д.С., Зуйкова Е.И. и др. Популяционная структура и происхождение некоторых экологических форм *Coregonus lavaretus pidschian* из р. Оленек // *Генетика*. 2021. Т. 57. № 7. С. 797–809. <https://doi.org/10.31857/S0016675821070043>

**Phylogenetic Position of Whitefish *Coregonus lavaretus* (L.)
from Teletskoye Lake (Siberia) Based on Complete Mitochondrial DNA**

M. M. Solovyev^{a, b, *}, N. A. Bochkarev^a, N. V. Oreshkova^{c, d}, E. N. Kashinskaya^a, and E. P. Simonov^{a, e}

^a*Institute of Systematics and Ecology of Animals of the Siberian Branch
of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, 630091 Russia*

^b*Tomsk State University, Томск, 634050 Russia*

^c*Federal Research Center “Krasnoyarsk Science Center” of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences,
Krasnoyarsk, 660036 Russia*

^d*Siberian Federal University, Krasnoyarsk, 660041 Russia*

^e*University of Tyumen, Tyumen, 625003 Russia*

**e-mail: yarmak85@mail.ru*

Taxonomy of the European whitefish *Coregonus lavaretus* (L.) species complex is known to be extremely intricate. Due to circumpolar distribution and high biological plasticity, many sympatric and allopatric forms/species of whitefishes have been described. Previously, 106 mitogenomes of *C. lavaretus* complex from different populations of the Baltic and North seas were sequenced but it not included any whitefish samples from Siberia. A sympatric pair of endemic whitefishes (*C. smitti* and *C. l. pravdinellus*) inhabit Teletskoye Lake. In the present article we have obtained the mitochondrial genomes of *C. smitti* and *C. l. pravdinellus* 16738 bp length with a high coverage. The mitogenomes were different by 46 positions (0.27%). Comparative analysis of *C. lavaretus* mitogenomes from water bodies of Europe and Teletskoye Lake confirms the common origin of the populations of the eastern part of the Baltic Sea and water bodies of Siberia. In addition, the analysis of the complete mitogenomes of the *C. smitti* and *C. l. pravdinellus* does not confirm their separate taxonomic status, at least based on mtDNA.

Keywords: Coregoninae, *Coregonus smitti*, *Coregonus lavaretus pravdinellus*, Altai Republic, mitogenome, Siberia.