

ОСОБЕННОСТИ ЭВОЛЮЦИИ МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК БАЙКАЛЬСКИХ ЭНДЕМИЧНЫХ ГУБОК. I. МИТОХОНДРИАЛЬНЫЙ ГЕНОМ *Swartschewskia khanaevi*

© 2023 г. О. О. Майкова¹, *, Д. Ю. Щербаков¹

¹Лимнологический институт Сибирского отделения
Российской академии наук, Иркутск, 664033 Россия

*e-mail: idboo8@mail.ru

Поступила в редакцию 25.02.2022 г.

После доработки 12.08.2022 г.

Принята к публикации 18.08.2022 г.

Определена нуклеотидная последовательность митохондриального генома нового вида губки из байкальского эндемичного семейства Lubomirskiidae – *Swartschewskia khanaevi*, длина которого составила 26638 пн. Филогенетический анализ на основе 14 белок-кодирующих митохондриальных генов подтвердил принадлежность описанного недавно нового вида *S. khanaevi* к роду *Swartschewskia*. Выявлено увеличение скорости накопления нуклеотидных замен в белок-кодирующих генах у видов рода *Swartschewskia* относительно других видов семейства Lubomirskiidae. Показано, что для всех исследованных митохондриальных геномов Lubomirskiidae характерно наличие большого количества и разнообразия инвертированных повторов в межгенных районах, что отличает их от других представителей класса Demospongiae.

Ключевые слова: митохондриальный геном, скорость эволюции, межгенные районы, молекулярная филогения, *Swartschewskia khanaevi*.

DOI: 10.31857/S0016675823020054, **EDN:** KXIZXI

Тип Porifera насчитывает более чем 8000 видов губок, из которых только 238 видов являются пресноводными и относятся к классу Demospongiae, отряду Spongillida [1]. За последние 50 лет было описано около 50 новых для науки видов пресноводных губок, из которых 15 – из Палеарктического региона [1, 2]. Одним из центров видовой разнообразия пресноводных губок в Палеарктике является озеро Байкал. В Байкале губки представлены двумя семействами – космополитным Spongillidae и эндемичным Lubomirskiidae. В настоящее время Lubomirskiidae насчитывают 14 видов (4 рода) [2], включая недавно описанный новый вид [3]. Дивергенция общего предка Lubomirskiidae и предка космополитного вида *Ephydatia muelleri* [4, 5] произошла около 10 млн лет назад, в то время как современные литоральные виды образовались совсем недавно – около 0.15–1.5 млн лет назад [5]. Особенностью байкальских эндемичных губок является большой размах морфологического разнообразия на фоне малых межвидовых генетических расстояний [4, 5]. Исключением является род *Swartschewskia*, представители которого образуют генетически хорошо обособленную кладу и имеют характерную морфологию, одно-

значно отличающую их от представителей других родов семейства Lubomirskiidae [3].

Перечисленные выше эволюционные особенности байкальских эндемичных губок делают их интересным, но в то же время и сложным объектом для исследования процессов видообразования. До сих пор филогенетические взаимоотношения внутри семейства Lubomirskiidae окончательно не разрешены. Ранее были проведены молекулярно-генетические исследования филогении Lubomirskiidae на основе нуклеотидных последовательностей генов рРНК, ITS, интрона гена тубулина и участка митохондриального гена *cox1*. С помощью анализа участка гена *cox1* [6, 7], гена *18S* рРНК [8] и ITS-районов рДНК [4] было показано, что все эндемичные байкальские губки объединяются в одно монофилетичное семейство Lubomirskiidae. Последовательности генов *cox1* и *18S* рРНК губок не позволили разделить виды родов *Baikalospongia* и *Lubomirskia*, при этом наибольшие генетические расстояния обнаружены между видом *Swartschewskia papyracea* [6, 7] и другими Lubomirskiidae. Филогенетический анализ на основе последовательности интрона гена тубулина подтвердил монофилетичность Lubomirskiidae вместе с космополитным видом *Spongilla lacustris*, и было выска-

зано предположение о дивергенции *S. papyracea* и общего предка раньше всех из ныне живущих проанализированных байкальских губок [6, 8].

Таким образом, ни один из использованных ранее генетических маркеров не обладает достаточной вариабельностью для разрешения филогенетических отношений внутри семейства Lubomirskiidae. С целью проведения эволюционных и филогенетических исследований байкальских губок ранее были определены нуклеотидные последовательности митохондриальных геномов шести видов Lubomirskiidae [5, 9]. Обнаружено, что скорость эволюции мтДНК байкальских губок в 20–60 раз ниже, чем у млекопитающих и сопоставима с таковой у растений и кораллов [10]. Нуклеотидные последовательности всех белок-кодирующих митохондриальных генов не обладают достаточным набором замен, позволяющим разделить виды внутри родов, как это видно на примере рода *Baikalospongia* [9]. При этом особый интерес с точки зрения понимания процессов видообразования вызывает вид *S. papyracea*, у которого наблюдается ускорение накопления нуклеотидных замен в белок-кодирующих генах мтДНК относительно других видов Lubomirskiidae практически в два раза [5]. Характерно ли такое ускорение только для этого вида, или это является особенностью рода *Swartchewskaia* в целом, до недавнего времени мы не могли ответить на этот вопрос, пока не был найден и описан новый представитель этого рода – вид *Swartchewskaia khanaevi* [3].

На фоне замедленной скорости эволюции митохондриальной ДНК байкальских губок обнаружена повышенная скорость вставок/делений инвертированных повторов, обнаруженных в большом количестве в межгенных районах митохондриальных геномов Lubomirskiidae. Именно наличием множества инвертированных повторов в межгенных областях обусловлен самый большой размер митохондриального генома у байкальских губок среди всех остальных представителей Demospongia. На примере генома *L. baikalensis* была предложена классификация инвертированных повторов, определено число копий и место расположения каждого из них в геноме [10]. Но до сих пор не ясно, имеется ли какая-то закономерность в распределении этих повторов среди видов Lubomirskiidae, специфичен ли набор таких инвертированных повторов на уровне рода.

В рамках данного исследования была определена нуклеотидная последовательность митохондриального генома нового вида *S. khanaevi*. Проведен филогенетический анализ на основе последовательностей 14 белок-кодирующих генов, а также исследованы некоторые закономерности эволюции межгенных районов мтДНК байкальских губок.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Образец *S. khanaevi* был отобран на глубине 10 м в районе пролива Ольхонские ворота (52°59'25.00" N, 106°55'32.43" E) 9 сентября 2016 г. Этому образцу был присвоен номер BS1741-1 в коллекции байкальских губок лаборатории Аналитической биорганической химии Лимнологического института СО РАН (Иркутск, Россия). Видовая идентификация была проведена с помощью морфологического анализа спикул и скелета, используя световой электронный микроскоп Olympus CX22. Препараты спикул и скелета были приготовлены, как это описано ранее [11]. Суммарная ДНК была выделена из ткани губки путем экстракции с помощью фенол-хлороформным методом с использованием лизирующего СТАВ-буфера [12]. Митохондриальный геном амплифицирован и секвенирован по ранее опубликованной методике [5]. Фрагменты мтДНК были собраны при помощи программы MAFFTv 6.882 [13].

Для филогенетического анализа, проведенного с помощью программы MrBayes v. 3.2.1 [14], были использованы нуклеотидные последовательности 14 белок-кодирующих генов мтДНК, для которых с целью определения наиболее подходящей модели нуклеотидных замен был использован параметр “mixed”. Марковские цепи (MCMC) были запущены дважды (параметр по умолчанию) по 20000000 генераций. Для подсчета относительных скоростей эволюции белок-кодирующих последовательностей были использованы дополнительные параметры: “constraint ingroup = 2-; prset topologypr = constraints(ingroup); prset brlenspr = clock:uniform; prset clockvarpr = igr”. С помощью параметров “constraint ingroup = 2-; prset topologypr = constraints(ingroup)” мы задали вид *E. muelleri* в качестве внешней группы по отношению к Lubomirskiidae. Параметры “prset brlenspr = clock:uniform; prset clockvarpr = igr” использовались для определения расслабленной модели часов, где модель нуклеотидных замен GTR была определена как наиболее вероятная для анализируемого набора митохондриальных белок-кодирующих генов с помощью программы IQ-TREE v.1.6.12 [15]. При таком наборе параметров в MrBayes v. 3.2.1 формируется файл со сводной статистикой параметров ветвей и узлов, который выводится с помощью команды “sump”. Этот файл содержит информацию об относительных скоростях накопления нуклеотидных замен для каждой линии (таксоне).

Статистический анализ распределения длин ветвей, их сравнение и иллюстрирование были проведены с помощью программы BEAST, а также скриптов на языках R и Python, доступных на <https://github.com/dysh/>. Дополнительно для сравнения были добавлены последовательности митохондриальных белок-кодирую-

щих генов морской губки *Geodia neptuni* (номер GenBank AY320032.1).

Для филогенетического анализа были использованы последовательности 14 белок-кодирующих генов ранее опубликованных митохондриальных геномов губок семейства Lubomirskiidae: *Rezinkovia echinata* (JQ302309), *S. papyracea* (JQ302308), *B. intermedia* (KU324767), *B. intermedia profundalis* (JQ302310), *L. baicalensis* (GU385217), *B. bacillifera* (KJ192328), и представителя космополитного семейства Spongillidae — *E. muelleri* (NC_010202) в качестве аутгруппы. Поиск инвертированных повторов проводили с помощью программы Palindrom (<https://www.bioinformatics.nl/cgi-bin/emboss/palindrome>) с параметрами поиска: минимальная длина последовательности инвертированного повтора — 6 пн, максимальная — 100 пн, максимальное расстояние между повторяющимися регионами — 10 пн.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Митохондриальный геном *S. khanaevi* депонирован в базу данных NCBI (GenBank) под номером MT982118, его длина составила 26638 пн. Геном содержит два гена рРНК (*rnl*, *rns*), 23 гена тРНК и 14 белок-кодирующих генов (*atp6*, *atp8–9*, *cob*, *nad1–6*, *4L*, *cox1–3*). Все гены имеют одинаковое направление транскрипции, общий А+Т состав равен 54.07% (48.86–72%). Порядок расположения генов по сравнению с другими митохондриальными геномами байкальских эндемичных губок неизменен [16]. Нуклеотидные последовательности короткого фрагмента внутри гена малой субъединицы рРНК, часть межгенного региона между генами *nad4* и *trnE*, включая ген *trnH*, не были определены из-за возможного присутствия в этих местах инвертированных повторов, затрудняющих амплификацию. Предполагаемая общая длина этих последовательностей составила 719 пн на основании сравнения с последовательностью вида *L. baicalensis*.

На филогенетическом древе (рис. 1) *S. khanaevi* и *S. papyracea* образуют единую кладу, так же как и представители рода *Baikalospongia* (*B. bacillifera*, *B. intermedia* и *B. intermedia profundalis*). Большая длина ветвей в кладе *Swartschewskia* может быть вызвана либо ускоренной фиксацией замен у этих двух видов, либо наоборот — замедлением этой скорости у других видов Lubomirskiidae. Для того, чтобы выбрать одну из этих гипотез, мы сравнивали скорости молекулярной эволюции у байкальских видов со скоростью у *E. muelleri* относительно морской губки *G. neptuni*. Для этого сравнивали распределение длин филогенетических путей от OTU, входящих в группы, до общего предка этой группы и *E. muelleri*. Выборку производили из бутстрепных реплик второй половины поиска BEAST, то есть после достижения равновесия. В процессе поиска топология дерева была зафиксиро-

рована по образцу оптимальной полностью разрешенной топологии, полученной при филогенетическом анализе того же набора данных. Результаты этого анализа подтверждают гипотезу об ускорении эволюции у *Swartschewskia* и об отсутствии достоверных различий между *E. muelleri* и байкальскими губками кроме *Swartschewskia* (рис. 2).

С помощью байесовского анализа подтверждено достоверное ускорение фиксации нуклеотидных замен в белок-кодирующих генах у *S. khanaevi* (95% highest posterior density (HPD) interval >1 (2.105962), variance >1 (4.117008)) относительно других байкальских эндемичных губок и космополитного вида *E. muelleri*, что также характерно и для другого представителя этого же рода — *S. papyracea* [5]. Таким образом, повышенная скорость накопления нуклеотидных замен в белок-кодирующих митохондриальных генах является характерной особенностью рода *Swartschewskia*.

Ранее уже сообщалось о значительном ускорении эволюции митохондриальных последовательностей у филогенетически достаточно отдаленных видов, относящихся к разным отрядам класса Demospongiae [17], у байкальских же губок это наблюдается для филогенетически близкородственных видов внутри одного семейства. Ранее было показано, что ускорение накопления нуклеотидных замен приводит к большей скорости диверсификации видов [18]. Можно предположить, что хорошая морфологическая и генетическая обособленность видов рода *Swartschewskia* связана с увеличением скорости фиксации нуклеотидных замен в геноме. Обнаружение у представителей Lubomirskiidae различных стратегий молекулярной эволюции делает это семейство еще более интересным для исследования микроэволюционных процессов, что и будет более подробно изучено в следующей работе.

Протяженность межгенных районов у *S. khanaevi* составляет 8237 пн, или 31% от общей длины генома. Байкальские эндемичные губки обладают самым протяженным митохондриальным геномом среди других представителей класса Demospongiae, длина которого варьирует от 26518 до 28958 пн [9, 10], тогда как у большинства губок класса Demospongiae — от 16000 до 25000 пн [17, 19]. Такое отличие по длине генома у байкальских губок связано с удлинением некодирующих последовательностей, которые составляют от 28.6 до 33.6% от общего размера генома по сравнению с 2–24% у космополитических и морских губок [17]. Вариабельность межгенных районов мтДНК байкальских губок обусловлена в большей степени инвертированными повторами, скорость вставок и делеций которых в 4–4.5 раза превышает скорость накопления одиночных нуклеотидных замен [10, 20]. Вообще, распространение инвертированных повторов характерно для мтДНК губок класса Demospongiae, которые обнаружены в разных фи-

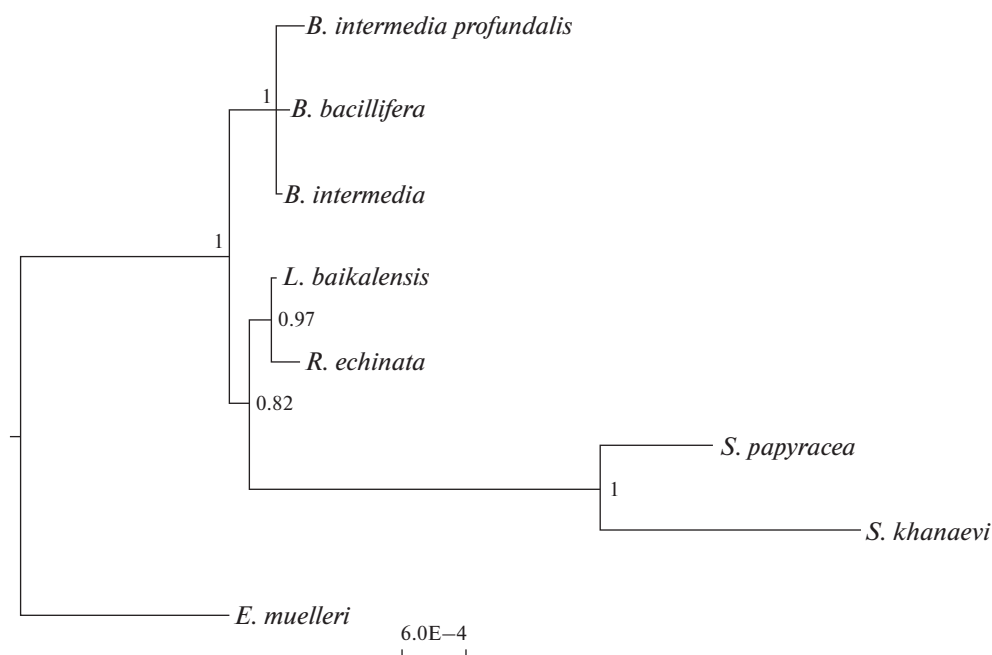


Рис. 1. Байесовское дерево, основанное на 14 белок-кодирующих генах мтДНК. Цифры возле узлов означают постериорные вероятности.

логенетических линиях. Например, у *S. domuncula* обнаружено около 700 прямых повторов с преобладающей длиной в 12–15 пн, 100 инвертированных повторов (самый протяженный составляет 44 пн) и 10 палиндромов [21]. Тем не менее, мтДНК большинства представителей класса Demospongiae, у которых длина межгенных районов варьирует от 340 до 2134 пн, либо вообще не содержат инвертированные повторы, либо имеют короткие G+C-богатые шпильки. Предполагается, что внедрение и распространение инвертированных повторов среди губок происходило неравномерно – одни семейства губок более восприимчивы к их внедрению (Keratosoa и Muxospongiae), другие менее (Hexactinellida и Homoscleromorpha). Вероятнее всего внедрение таких элементов происходило независимо и неоднократно в течение эволюции губок [10, 21, 22].

Ранее Д.В. Лавровым [10] были описаны и классифицированы инвертированные повторы в межгенных районах мтДНК *Lubomirskia baikalensis*. Мы провели поиск и анализ этих повторов в межгенных районах семи митохондриальных геномов байкальских эндемичных губок и обнаружили: у *L. baikalensis* – 197 инвертированных повторов, у *R. echinata* – 175, у *B. bacillifera* – 137, у *B. intermedia* – 157, у *B. intermedia profunda* – 168, у *S. papyracea* – 141 и у *S. khanaevi* – 144. Чтобы исследовать закономерность наследования инвертированных повторов, мы провели их сравнительный анализ. Поскольку поиск инвертированных повторов велся по комплементарным нуклеотидным последовательностям в шпильчатой структуре (ножке), то

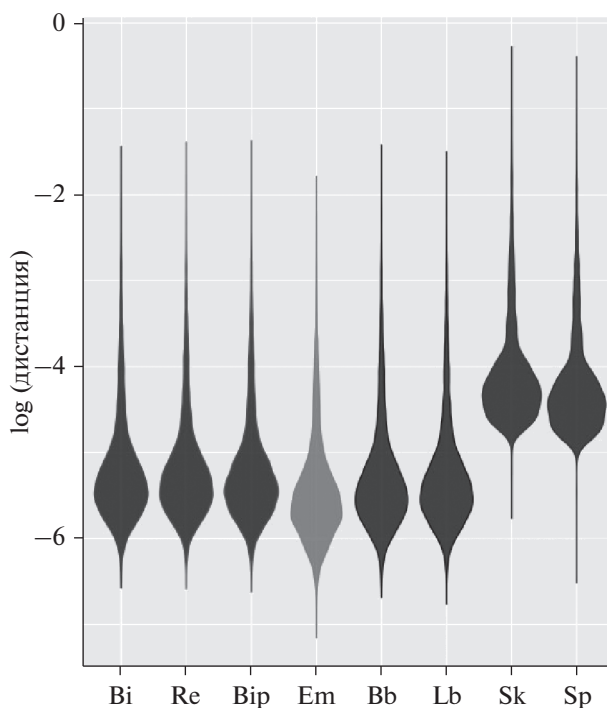


Рис. 2. Распределение длин ветвей на основе 14 белок-кодирующих митохондриальных генов. Названия видов губок: Bi – *B. intermedia*, Re – *Rezinkovia echinata*, Bip – *B. intermedia profunda*, Em – *Ephydatia muelleri*, Bb – *B. bacillifera*, Lb – *Lubomirskia baikalensis*, Sk – *S. khanaevi*, Sp – *S. papyracea*. Виды байкальского эндемичного семейства Lubomirskiidae показаны черным цветом, вид космополитного семейства Spongilidae – серым.

Таблица 1. Инвертированные повторы в мтДНК видов Lubomirskiidae согласно предложенной ранее их классификации [10]

Вид	H1	H2	H3	H4	H6	H7	Общее количество инвертированных повторов
<i>L. baikalensis</i>	13	18	7	7	16	7	197
<i>R. echinata</i>	16	14	0	7	14	14	177
<i>B. bacillifera</i>	5	4	5	4	11	13	144
<i>B. intermedia</i>	5	5	5	0	13	17	163
<i>B. intermedia profundalis</i>	0	0	5	0	9	20	168
<i>S. papyracea</i>	1	0	0	0	16	18	145
<i>S. khanaevi</i>	1	2	1	0	15	18	143
<i>E. muelleri</i> (Spongillidae)	0	0	0	0	0	7	59

есть последовательность петель не учитывалась, то из поиска мы исключили те шпилечные структуры, которые по различающейся последовательности петель были описаны Д.В. Лавровым и отнесены к разным типам. Для сравнения состава шпилечных структур был выбран космополитный пресноводный вид *Ephydatia muelleri*, который является ближайшим сестринским видом по отношению к Lubomirskiidae. Результат сравнения представлен в табл. 1.

Из табл. 1 видно, что у всех байкальских губок в митохондриальном геноме обнаружены инвертированные повторы H6 и H7, остальные присутствовали не во всех геномах. Наименьшее разнообразие повторов найдено у глубоководного вида *B. intermedia profundalis*. Таким образом, мы видим, что митохондриальный геном губок семейства Lubomirskiidae обладает повышенной восприимчивостью к внедрению инвертированных повторов по сравнению с ближайшим предковым космополитным видом *E. muelleri*. Каких-то значимых отличий в количестве и распределении разных типов инвертированных повторов среди представителей Lubomirskiidae не выявлено. Наибольшее сходство по количеству каждого типа инвертированных повторов наблюдается у видов рода *Swartschewskia*.

Таким образом, определена нуклеотидная последовательность полного митохондриального генома описанного недавно нового вида байкальской эндемичной губки *S. khanaevi*. Филогенетический анализ на основе последовательностей белок-кодирующих митохондриальных генов подтвердил принадлежность этого вида к роду *Swartschewskia*. Вероятнее всего, хорошую морфологическую и генетическую обособленность этого рода внутри Lubomirskiidae можно объяснить в большей степени повышенной скоростью молекулярной эволюции, а не более ранней дивергенцией видов *Swartschewskia* от общего предка байкальских губок. Показано, что все проанализированные нами виды данного семейства содержат в межгенных областях

мтДНК повышенные (по сравнению с космополитным ближайшим предком *E. muelleri*) количество и разнообразие инвертированных повторов.

Работа выполнена в рамках бюджетных тем ЛИН СО РАН: № 121032300196-8 “Генетика сообществ байкальских организмов: структура генофонда, стратегии консервации”, № 121032300224-8 “Исследование трансформаций состояния водоемов и водотоков Восточной Сибири в сезонных и долговременных аспектах в контексте изменений климата, геологической среды и антропогенных нагрузок”.

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

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Manconi R., Pronzato R. Phylum Porifera // Ecology and General Biology: Thorp and Covich's Freshwater Invertebrates. Amsterdam: Elsevier, 2015. P. 133–157. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-385026-3.00008-5>
2. Manconi R., Pronzato R. Phylum Porifera // Keys to Palaearctic Fauna: Thorp and Covich's Freshwater Invertebrates. Amsterdam: Elsevier, 2019. P. 45–87. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-385024-9.00003-4>
3. Bukshuk N.A., Maikova O.O. A new species of Baikal endemic sponges (Porifera, Demospongiae, Spongillida, Lubomirskiidae) // ZooKeys. 2020. V. 906. P. 113–130. <https://doi.org/10.3897/zookeys.906.39534>
4. Itskovich V., Gontcharov A., Masuda Y. et al. Ribosomal ITS sequences allow resolution of freshwater sponge phylogeny with alignments guided by secondary structure prediction // J. Mol. Evol. 2008. № 67. P. 608–620.
5. Maikova O., Khanaev I., Belikov S. et al. Two hypotheses of the evolution of endemic sponges in Lake Baikal (Lubomirskiidae) // J. Zoolog. Syst. Evol. Res. 2015. V. 53. P. 175–179.
6. Schroder H.C., Efremova S.M., Itskovich V.B. et al. Molecular phylogeny of the freshwater sponges in Lake

- Baikal // J. Zool. Syst. Evol. Research. 2002. V. 40. P. 1–7.
7. *Yakhnenko A.S., Itskovich V.B.* Analysis of mtDNA variability in closely related Baikalian sponge species for new barcoding marker development // *Limnology*. 2020. V. 21. № 1. P. 49–57. <https://doi.org/10.1007/s10201-019-00599-7>
 8. *Itskovich V., Belikov S., Efremova S. et al.* Phylogenetic relationships between freshwater and marine Haplosclerida (Porifera, Demospongiae) based on the full length 18S rRNA and partial *COXI* gene sequences // *Porifera Research Biodiversity, Innovation and Sustainability*. Rio de Janeiro: Museu Nacional, 2007. P. 1–9.
 9. *Maikova O., Sherbakov D., Belikov S.* The complete mitochondrial genome of *Baikalospongia intermedia* (Lubomirskiidae): description and phylogenetic analysis // *Mitochondrial DNA. Part B: Resources*. 2016. V. 1. P. 569–570. <https://doi.org/10.1080/23802359.2016.1172273>
 10. *Lavrov D.V.* Rapid proliferation of repetitive palindromic elements in mtDNA of the endemic Baikalian sponge *Lubomirskia baicalensis* // *Mol. Biol. Evol.* 2010. V. 27. P. 757–760.
 11. *Ефремова С.М.* Губки (Porifera) // Аннотированный список фауны озера Байкал и его водосборного бассейна. Т. 1. Озеро Байкал. Кн. 1. Новосибирск: Наука. 2001. С. 179–192.
 12. *Маниатис Т., Фрич Э., Сэмбрук Д.* Методы генетической инженерии. Молекулярное клонирование. М.: Мир, 1984. 480 с.
 13. *Katoh K., Toh H.* Recent developments in the MAFFT multiple sequence alignment program // *Brief Bioinform.* 2008. V. 9. P. 286–298.
 14. *Ronquist F., Huelsenbeck J.P.* MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models // *Bioinformatics*. 2003. V. 19. P. 1572–1574.
 15. *Kalyaanamoorthy S., Minh B.Q., Wong T.K.F. et al.* Model Finder: Fast Model Selection for Accurate Phylogenetic Estimates // *Nature Methods*. 2017. V. 14. P. 587–589.
 16. *Lavrov D.V., Maikova O.O., Pett W. et al.* Small inverted repeats drive mitochondrial genome evolution in Lake Baikalian sponges // *Gene*. 2012. V. 505. P. 91–99.
 17. *Wang X., Lavrov D.V.* Seventeen new complete mtDNA sequences reveal extensive mitochondrial genome evolution within the Demospongiae // *PLoS One*. 2008. V. 3. № 7. P. 1–11.
 18. *Ео S.H., De Woody J.A.* Evolutionary rates of mitochondrial genomes correspond to diversification rates and to contemporary species richness in birds and reptiles // *Proc. Biol. Sci.* 2010. V. 277. P. 3587–3592. <https://doi.org/10.1098/rspb.2010.0965>
 19. *Gazave E., Lapebie P., Renard E. et al.* Molecular phylogeny restores the supra-generic subdivision of homoscleromorph sponges (Porifera, Homoscleromorpha) // *PLoS One*. 2010. V. 5. № 12. e14290.
 20. *Майкова О.О., Степнова Г.Н., Беликов С.И.* Вариабельность некодирующих последовательностей митохондриальной ДНК губок семейства Lubomirskiidae // ДАН (Биохимия и Биофизика). 2012. Т. 442. № 5. С. 709–711.
 21. *Lukic-Bilela L., Brandt D., Pojskic N. et al.* Mitochondrial genome of *Suberites domuncula*: Palindromes and inverted repeats are abundant in non-coding regions // *Gene*. 2008. V. 412. P. 1–11.
 22. *Erpenbeck D., Voigt O., Wörheide G. et al.* The mitochondrial genomes of sponges provide evidence for multiple invasions by repetitive hairpin-forming elements (RHE) // *BMC Genomics*. 2009. V. 10. № 591. P. 1–14.

Mitochondrial DNA Evolution Trends of Baikalian Endemic Sponges.

I. Mitochondrial Genome of *S. khanaevi*

O. O. Maikova^a, * and D. Yu. Sherbakov^a

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

**e-mail: idboo8@mail.ru*

The nucleotide sequence of the mitochondrial genome of a new species of sponge from the Baikalian endemic family Lubomirskiidae — *Swartschewskia khanaevi* was determined, the length of which was 26638 bp. An increase in the rate of accumulation of nucleotide substitutions in protein-coding genes from 2 to 3 times relative to other species of sponges of the Lubomirskiidae family was revealed. On the phylogenetic tree, the species *S. khanaevi* clusters with another representative of the genus *Swartschewskia*. It was shown that all studied mitochondrial genomes of Lubomirskiidae are characterized by the presence of a large number and diversity of inverted repeats in intergenic regions, which distinguishes them from other members of the Demospongiae class.

Keywords: mitochondrial genome, evolution rate, intergenic regions, molecular phylogeny, *Swartschewskia khanaevi*.