

УДК 597.08

ПЕРВАЯ ПОЛНАЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ МИТОХОНДРИАЛЬНОГО ГЕНОМА ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ РОДА *APHANIUS* (TELEOSTEI)[#]

© 2019 г. А. Теймори¹, *, М. Мотамеди¹

¹Департамент биологии научного факультета университета Шахида Бахорана, Керман, Иран

*E-mail: a.teimorii@uk.ac.ir

Поступила в редакцию 15.02.2019 г.

После доработки 11.04.2019 г.

Принята к публикации 15.05.2019 г.

Впервые выделили и охарактеризовали полную последовательность митохондриального генома вида *Aphanius farsicus*, находящегося под угрозой исчезновения, методами амплификации длинной полимеразной цепной реакции и праймер-опосредованной прогулки. Круговой митогеном *A. farsicus*, состоящий из 16530 пар оснований, кодирует 13 полипептидов (гены, кодирующие белок), 12S и 16S рибосомальные РНК, а также 22 трансфертные РНК и 884 пар оснований контрольного региона. Эти гены упорядочены так же, как и у большинства других позвоночных. Общий нуклеотидный состав этого генома составил 27.09% для аденина, 27.87% — для тимина, 16.89% — для гуанина и 28.14% — для цитозина (отношение гуанина: цитозина и аденина: тимина — 45 и 55%). Род *Aphanius* ранее включался в семейство Cyprinodontidae. Тем не менее название Aphaniidae недавно было предложено в качестве отдельного семейства для представителей рода *Aphanius* (западные палеарктические киллифиши), в то время как семейство Cyprinodontidae ограничено родами *Cyprinodon*, *Floridichthys* и *Jordanella*. Основываясь на филогенетических отношениях, выявленных в настоящем исследовании, мы рекомендуем, чтобы для валидации семейства Aphaniidae были найдены более серьезные филогенетические основания, которые могут быть достигнуты путём добавления большего числа генетических последовательностей видов рода *Aphanius*. Наличие такого митогенома также может обеспечить набор полезных данных для изучения популяционно-генетического разнообразия и молекулярной эволюции и облегчить оценку генетической структуры *A. farsicus* для управления и сохранения этого находящегося под угрозой исчезновения вида.

Ключевые слова: *Aphanius*, митогеном, расположение генов, филогенетические отношения, популяционное генетическое разнообразие, Иран.

DOI: 10.1134/S0042875219050205

[#] Полностью статья опубликована в английской версии журнала.