

ФИЛОГЕНИЯ MESOZOA

В.В. Алёшин^{*1}, Г.С. Слюсарев², К.В. Михайлов^{1,3}, Л.Ю. Русин^{1,3}, О.В. Попова¹, Л.Л. Мороз⁴, О.А. Зверков³, В.А. Любецкий^{1,3}

¹Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, г. Москва, 119991, Российская Федерация. *E-mail: Aleshin@genebee.msu.su

²Санкт-Петербургский государственный университет, г. Санкт-Петербург, 199034, Российская Федерация.

³Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича Российской академии наук, г. Москва, 127994, Российская Федерация.

⁴Университет Флориды, г. Гейнсвилл, 32610, США.

Среди животных остаётся несколько таксонов, родственные связи которых совершенно не понятны. Самые знаменитые из них ортонектиды и дициемиды – крайне просто организованные паразиты беспозвоночных. С позапрошлого века, с самого описания этих животных, в зоологии конкурировали противоположные гипотезы на природу их простоты (одна партия считала простоту первичной, а сами группы переходными от одноклеточных к многоклеточным; другая партия предполагала вторичное упрощение ввиду паразитизма) и на их отношения друг с другом (образуют ли они единый тип Mesozoa или это не родственные, независимо упростиившиеся животные). Кажется, сравнительная анатомия исчерпала средства чтобы рассудить разные партии. Первые опыты филогенетики, основанные на молекулярных признаках, поместили ортонектид и дициемид в состав Bilateria, то есть отвергли гипотезу первичности их простоты, но не внесли ясности в вопросmonoфилетичны Mesozoa или нет и кому из современных животных они родственны. Эта неудача связана с тем, что ортонектиды и дициемиды входят в число рекордсменов по скорости молекулярной эволюции среди животных, а такое обстоятельство ведет к артефакту «притяжения длинных ветвей» (LBA) в сконструированных деревьях. Недавно полученные методами высокопроизводительного секвенирования геномные и транскриптомные данные дали материал для сравнения этих групп по сотням генов – десяткам тысяч молекулярных признаков. Теперь гораздо больше простора для оценки гипотез. Наиболее устойчивая к LBA из разработанных к настоящему времени гетерогенная модель аминокислотных замещений (CAT) в случае ее применения к достаточно «толстому» выравниванию, а также кладистический анализ отдельных молекулярных признаков с низким уровнем гомоплазии однозначно помещают ортонектид среди аннелид, ближе к кроне их филогенетического дерева, как сестринскую группу лобатоцеребрид – своеобразных интерстициальных архианнелид. Имеются также детали строения мышечной и нервной системы, уникальные для ортонектид и лобатоцеребрид. Дициемиды входят в большой таксон первичноротовых надтипового ранга, Lophotrochozoa, но не принадлежат ни к одному современному типу. Это древние паразиты головоногих, которые не имеют в современной фауне близких свободноживущих родственников. Таким образом, вместо филогении Mesozoa необходимо отдельно рассматривать филогению ортонектид (которая кажется в основном разгаданной) и филогению дициемид.