

МИНОБРНАУКИ РОССИИ

Федеральное государственное бюджетное
образовательное учреждение высшего образования
«Астраханский государственный университет имени В.Н. Татищева»
(Астраханский государственный университет им. В.Н. Татищева)

Кафедра английской филологии

Письменный перевод

по книге: «Biological identifications through DNA barcodes: the
case of the Crustacea»

выходные данные: Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences
2007. V. 64, № 2. P. 272–295.

перевод: стр. с 272 по 273, стр. 274, стр. с 279 по 280

для сдачи кандидатского экзамена
по иностранному языку
(английский язык)

Выполнил:
Фомичева Галина Петровна
*кафедра “Экологии, природо-
пользования, землеустройства и БЖД”*

Астрахань – 2022 г.

<p style="text-align: center;">P. 272-273</p> <p>Biological identifications through DNA barcodes: the case of the Crustacea</p> <p>Filipe O. Costa, Jeremy R. deWaard, James Boutillier, Sujeevan Ratnasingham, Robert T. Dooh, Mehrdad Hajibabaei, and Paul D.N. Hebert</p> <p>Abstract: The ability of a 650 base pair section of the mitochondrial cytochrome c oxidase I (COI) gene to provide species-level identifications has been demonstrated for large taxonomic assemblages of animals such as insects, birds, and fishes, but not for the subphylum Crustacea, one of the most diverse groups of arthropods.</p>	<p style="text-align: center;">Стр. 272-273</p> <p>Биологическая идентификация с помощью штрих-кодов ДНК: пример с ракообразными</p> <p>Филипе О. Коста, Джереми Р. Деваард, Джеймс Бутилье, Судживан Ратнасингем, Роберт Т. Ду, Мехрдад Хаджибабаи и Пол Д.Н. Хеберт</p> <p>Аннотация: Способность участка 650 основных пар митохондриальной цитохром с оксидазы I (COI) гена обеспечивать идентификации на видовом уровне была продемонстрирована для больших таксономических групп животных, таких как насекомые, птицы и рыбы, но не для подтипа Crustacea, одной из самых разнообразных групп членистоногих.</p>
--	--

<p>In this study, we test the ability of COI to provide identifications in this group, examining two disparate levels in the taxonomic hierarchy — orders and species.</p>	<p>В этом исследовании мы проверяем способность COI обеспечивать идентификацию в этой группе, исследуя два несопоставимых уровня в таксономической иерархии — порядки и виды.</p>
<p>The first phase of our study involved the development of a sequence profile for 23 dominant crustacean orders, based upon the analysis of 150 species, each belonging to a different family.</p>	<p>Первый этап нашего исследования включал разработку профиля последовательности для 23 доминирующих отрядов ракообразных, основанного на анализе 150 видов, которые принадлежат к различным семействам.</p>
<p>The COI amino acid data placed these taxa into cohesive assemblages whose membership coincided with currently accepted boundaries at the order, superorder, and subclass levels.</p>	<p>Данные по аминокислотам COI поместили эти таксоны в взаимосвязанные сообщества, членство в которых совпадало с принятыми в настоящее время границами на уровне порядка, надотряда и подкласса.</p>
<p>Species-level resolution was subsequently examined in an assemblage of Decapoda and in representatives of the genera <i>Daphnia</i> (Cladocera) and <i>Gammarus</i> (Amphipoda).</p>	<p>Разрешение на видовом уровне было впоследствии исследовано на группе десятиногих и на представителях родов <i>Daphnia</i> (Cladocera) и <i>Gammarus</i> (Amphipoda).</p>

These studies revealed that levels of nucleotide sequence divergence were from 19 to 48 times greater between congeneric species than between individuals of a species.

We conclude that sequence variation in the COI barcode region will be very effective for discriminating species of Crustacea.

Résumé : Il a été démontré que l'utilisation d'une section de 650 paires de bases du gène mitochondrial de la cytochrome c oxydase I (COI) permet de faire des identifications au niveau spécifique de grands ensembles taxonomiques d'animaux tels que les insectes, les oiseaux et les poissons, mais pas encore dans le sous-phylum des crustacés, l'un des groupes les plus diversifiés d'arthropodes.

Эти исследования показали, что уровни расхождения нуклеотидных последовательностей были от 19 до 48 раз выше между родственными видами, чем между особями одного вида.

Мы пришли к выводу, что изменение последовательности в области штрих-кода COI будет очень эффективным для распознавания видов ракообразных.

Резюме : было показано, что использование одного участка из 650 пар основных митохондриальной цитохром С оксидазы I (COI) гена позволяет проводить идентификацию на определенном уровне крупных таксономических групп животных, таких как насекомые, птицы и рыбы, но еще не в пределах подвида-тип ракообразных, одна из самых разнообразных групп членистоногих.

<p>Nous testons dans notre étude le potentiel de l'utilisation de COI pour faire des identifications dans ce groupe en examinant deux niveaux disparates de la hiérarchie taxonomique — les ordres et les espèces.</p>	<p>В нашем исследовании мы проверяем потенциал использования COI для идентификации в этой группе, исследуя два несопоставимых уровня таксономической иерархии — порядки и виды.</p>
<p>La première phase de notre recherche consiste en l'établissement de profils de séquences pour 23 des ordres principaux de crustacés, d'après l'analyse de 150 espèces, appartenant chacune à une famille différente.</p>	<p>Первый этап нашего исследования заключается в составлении профилей последовательностей для 23 основных отрядов ракообразных на основе анализа 150 видов, каждый из которых принадлежит другому семейству.</p>
<p>Les données sur les acides aminés de COI permettent de placer ces taxons en ensembles cohésifs dont la composition coïncide avec les frontières couramment acceptées aux niveaux de l'ordre, du super-ordre et de la sous-classe.</p>	<p>Данные по аминокислотам из COI позволяют объединить эти таксоны в связанные группы, состав которых совпадает с общепринятыми границами на уровнях порядка, надотряда и подкласса.</p>
<p>Nous avons ensuite étudié la détermination au niveau spécifique chez un ensemble de décapodes et chez des représentants des genres <i>Daphnia</i> (Cladocera) et <i>Gammarus</i> (Amphipoda).</p>	<p>Затем мы исследовали детерминацию на определенном уровне у группы десятиногих и у представителей родов <i>Daphnia</i> (Cladocera) и <i>Gammarus</i> (Amphipoda).</p>

Ces études révèlent que les niveaux de divergence des séquences de nucléotides sont de 19 à 48 fois plus importants entre les espèces d'un même genre qu'entre les individus d'une même espèce.

Nous concluons que la variation des séquences dans la région du code-barre de COI devrait permettre de séparer de façon très efficace les espèces de crustacés.

Introduction

The ideal DNA-based identification system would employ a single gene for the placement of any organism in the full taxonomic hierarchy from kingdom to species.

Эти исследования показывают, что уровни расхождения нуклеотидных последовательностей в 19-48 раз выше между видами одного и того же рода, чем между особями одного и того же вида.

Мы пришли к выводу, что изменение последовательностей в области штрих-кода COI должно обеспечить очень эффективное разделение видов ракообразных.

Введение

Идеальная система идентификации на основе ДНК использовала бы один ген для местоположения любого организма во всей таксономической иерархии от царства до вида.

<p>The ability of a ~658 base pair (bp) section of the mitochondrial cytochrome c oxidase I (COI) gene to provide this resolution has now been demonstrated for many animal lineages, including lepidopterans (Hebert et al. 2003; Janzen et al. 2005; Hajibabaei et al. 2006), birds (Hebert et al. 2004), spiders (Barrett and Hebert 2005), ants (Smith et al. 2005), and fishes (Ward et al. 2005) (but see Dasmahapatra and Mallet 2006 for a discussion of success rates).</p>	<p>Способность 658 базовых пар (б.п.) участка митохондриальной цитохром оксидазы I (COI) гена обеспечивать такое разрешение в настоящее время продемонстрирована для многих линий животных, включая чешуекрылых (Hebert et al. 2003; Janzen et al. 2005; Hajibabaei et al. 2006), птиц (Хеберт и др. 2004), пауков (Барретт и Хеберт 2005), муравьев (Смит и др. 2005) и рыб (Уорд и др. 2005) (но см. в Dasmahapatra и Mallet 2006 обсуждение показателей успешности).</p>
<p>Although COI appears to have high potential as the foundation for an identification system, it is critical to verify that it can deliver similar taxonomic resolution in other groups.</p>	<p>Хотя COI, по-видимому, обладает высоким потенциалом в качестве основы для системы идентификации, крайне важно убедиться, что он может обеспечить аналогичное таксономическое разрешение в других группах.</p>
<p>The present study addresses this issue by examining the patterning of COI diversity in the subphylum Crustacea, the most ancient and structurally diverse group of arthropods.</p>	<p>В настоящем исследовании рассматривается этот вопрос путем изучения структуры разнообразия COI в подтипе Crustacea, самой древней и структурно разнообразной группе членистоногих.</p>

The diversity of modern crustaceans, in addition to their remarkable variety in morphologies, habitats, and ecologies, is reflected by their assignment to six classes, 48 orders, 849 different families, and about 52 000 species (Martin and Davis 2001).

By comparison, the more than one million described species of insects are assigned to about 1000 families, but just 30 orders and a single class (Borror et al. 1989; Nielsen 1995).

While the higher level systematics (i.e., class, subclass) of the Crustacea are not fully stabilized (Martin and Davis 2001), ordinal boundaries have been nearly constant for more than 20 years despite ongoing morphological and molecular studies.

Разнообразие современных ракообразных, в дополнение к их замечательному разнообразию морфологии, местообитаний и экологии отражается в их отнесении к шести классам, 48 отрядам, 849 различным семействам и примерно 52 000 видам (Martin and Davis 2001).

Для сравнения, более миллиона описанных видов насекомых отнесены примерно к 1000 семействам, но только к 30 отрядам и одному классу (Borror et al. 1989; Nielsen 1995).

В то время как систематика более высокого уровня (т.е. класс, подкласс) ракообразных не полностью стабилизирована (Martin and Davis 2001), порядковые границы были почти постоянными на протяжении более 20 лет, несмотря на продолжающиеся морфологические и молекулярные исследования.

As such, this taxonomic rank represents a useful criterion to judge the ability of a DNA-based identification system to deliver coarse taxonomic placement of an unknown taxon.

However, as the primary task of taxonomy lies in identification of species, it is also critical to test the effectiveness of DNA barcodes at this level.

The present study examines the effectiveness of a 658 bp section near the 5' end of COI (hereafter referred to as the COI barcode) as an identification tool at these two disparate levels in the taxonomic hierarchy — orders and species.

Как таковой, этот таксономический ранг представляет собой полезный критерий для оценки способности системы идентификации на основе ДНК обеспечить приблизительное таксономическое размещение неизвестного таксона.

Однако, поскольку основная задача таксономии заключается в идентификации видов, также важно проверить эффективность штрих-кодов ДНК на этом уровне.

В настоящем исследовании рассматривается эффективность участка длиной 658 п.н. вблизи 5'—конца COI (далее именуемого штрих-кодом COI) в качестве инструмента идентификации на этих двух разрозненных уровнях таксономической иерархии - порядках и видах.

<p>Its effectiveness at the ordinal level was tested in a two-step process: 150 species, each in a different family and including representatives from 23 of the 48 crustacean orders, were sequenced to establish a COI ordinal profile.</p>	<p>Его эффективность на порядковом уровне была проверена в ходе двухэтапного процесса: 150 видов, каждый из которых относится к другому семейству и включает представителей 23 из 48 отрядов ракообразных, были упорядочены для установления общего порядкового профиля.</p>
<p>The effectiveness of this profile in ordinal-level placements was subsequently evaluated by determining its success in the assignment of 100 new taxa to the proper order.</p>	<p>Эффективность этого профиля при размещении на порядковом уровне впоследствии была оценена путем определения его успешности в присвоении 100 новым таксонам надлежащего порядка.</p>
<p>The present study also sought to determine if the COI barcode region can enable species-level assignments within the Crustacea; this issue was examined in representatives of nine genera of Decapoda and in single genera of Cladocera and Amphipoda.</p>	<p>В настоящем исследовании также была предпринята попытка определить, может ли область штрих-кода COI обеспечивать присвоение видового уровня внутри Ракообразных; этот вопрос был изучен у представителей девяти родов Decapoda и у отдельных родов Cladocera и Amphipoda.</p>

<p>Materials and methods</p> <p>Taxon sampling</p> <p><i>COI ordinal profile</i></p> <p>One hundred and fifty species, each belonging to a different family and including representatives from 23 of 48 crustacean orders, were sequenced to establish a COI ordinal profile (sequences for 75 of these families were acquired from GenBank, see below).</p> <p>More than 10 families were examined from each of four orders (Amphipoda, Calanoida, Decapoda, Isopoda), between four and nine families from eight other orders (Anostraca, Cladocera, Cumacea, Diplostraca, Harpacticoida, Podocopida, Sessilia, Stomatopoda), while one to two families were examined from the other 11 orders.</p>	<p>Материалы и методы</p> <p>Выборка таксона</p> <p>Порядковый номер профиля</p> <p>Сто пятьдесят видов, каждый из которых принадлежит к другому семейству и включает представителей 23 из 48 отрядов ракообразных, были секвенированы для установления совместного порядкового профиля (последовательности для 75 из этих семейств были получены из GenBank, см. ниже).</p> <p>Было исследовано более 10 семейств из каждого из четырех отрядов (Amphipoda, Calanoida, Decapoda, Isopoda), от четырех до девяти семейств из восьми других отрядов (Anostraca, Cladocera, Cumacea, Diplostraca, Harpacticoida, Podocopida, Sessilia, Stomatopoda), в то время как от одного до двух семейств были исследованы из других 11 отрядов.</p>
--	--

Sequences were also obtained for 100 additional species (53 were acquired from GenBank, see below) in families included in the profile, but belonging to different genera to provide a group of test taxa (details on specimens are provided in Appendix A, Tables A1 and A2).

P. 274

Results

Ordinal profile

The amino acid NJ tree for representatives of 150 crustacean families showed high cohesion of taxonomic groups.

Most allied species formed assemblages that mirrored established higher-taxonomic categories — orders, superorders, or subclasses (Fig. 1; a detailed tree can be found in Supplemental Appendix S1).³

Последовательности были также получены для 100 дополнительных видов (53 были получены из GenBank, см. ниже) в семействах, включенных в профиль, но принадлежащих к разным родам, чтобы получить группу тестовых таксонов (подробная информация об образцах приведена в приложении А, таблицы А1 и А2).

Стр. 274

Результаты

Порядковый номер профиля

Аминокислотное дерево NJ для представителей 150 семейств ракообразных показало высокую сплоченность таксономических групп.

Большинство родственных видов образовывали сообщества, которые отражали установленные более высокие таксономические категории - порядки, надотряды или подклассы (рис. 1; подробное дерево можно найти в дополнительном приложении S1).³

<p>For example, members of the orders Sessilia and Pedunculata formed a cohesive group as superorder Thoracica, while members of the subclasses Copepoda and Phyllopoda formed distinctive assemblages.</p>	<p>Например, представители отрядов Sessilia и Pedunculata образовали сплоченную группу как надотряд Thoracica, в то время как представители подклассов Copepoda и филлоподы образовывали характерные скопления.</p>
<p>Members of the orders Amphipoda, Anostraca, Isopoda, Mysida, and Stomatopoda were also joined in cohesive clusters.</p>	<p>Представители отрядов Amphipoda, Anostraca, Isopoda, Mysida и Stomatopoda также были объединены в сплоченные группы</p>
<p>There were, however, a few deviations from this pattern; members of the order Decapoda split into two groups, with Stomatopoda embedded within.</p>	<p>Было, однако, несколько отклонений от этой схемы; представители отряда десятиногих разделились на две группы, внутри которых были Stomatopoda.</p>
<p>As well, two species in the orders Cumacea and Amphipoda (<i>Pseudocuma similis</i> and <i>Themisto gaudichaudii</i>, respectively) were genetically divergent from allied taxa, grouping instead with species from orders represented by a single family.</p>	<p>Кроме того, два вида из отрядов Cumacea и Amphipoda (<i>Pseudocuma similis</i> и <i>Themisto gaudichaudii</i> соответственно) генетически отличались от родственных таксонов, группируясь вместо этого с видами из отрядов, представленных одним семейством.</p>

<p>A few other species, such as the parasitic isopods, (<i>Bopyroides hippolytes</i>, <i>Olencira praegustator</i>, <i>Rocinela angustata</i>), occupied isolated positions in the tree.</p>	<p>Несколько других видов, таких как паразитические изоподы (<i>Bopyroides hippolytes</i>, <i>Olencira praegustator</i>, <i>Rocinela angustata</i>), занимали изолированные позиции на древе.</p>
<p>The ordinal profile was subsequently used to classify 100 newly analyzed species.</p>	<p>Порядковый профиль впоследствии был использован для классификации 100 вновь проанализированных видов.</p>
<p>In 95 of these cases, the test taxon was assigned to the correct order.</p>	<p>В 95 из этих случаев тестовому таксону был присвоен правильный порядок.</p>
<p>In three cases, the test taxa were assigned only at a rank above the order level, namely <i>Drepanopus</i> sp., <i>Eurycercus longirostris</i>, and <i>Mytilocypris ambigua</i>, which were assigned to subclasses Copepoda and Phyllopoda and class Ostracoda, respectively.</p>	<p>В трех случаях тестовые таксоны были отнесены только на ранг выше уровня порядка, а именно <i>Drepanopus</i> sp., <i>Eurycercus longirostris</i> и <i>Mytilocypris ambigua</i>, которые были отнесены к подклассам Copepoda и Phyllopoda и классу Ostracoda соответственно.</p>

Two misassignments involved taxa in the order Mysidacea, namely *Paramesopodopsis rufa* and *Tenagomysis australis*.

P. 279-280

Discussion

This study establishes that the barcode region of COI has considerable potential as the foundation for a DNA barcoding identification system for crustaceans.

A COI profile based on single representatives of 150 crustacean families proved 95% effective in placing newly encountered species to the right order.

This high success makes it clear that a profile based on even a few thousand species will provide a highly effective tool for taxonomic assignments at this level.

Два неправильных назначения касались таксонов отряда Mysidacea, а именно *Paramesopodopsis rufa* и *Tenagomysis australis*.

Стр. 279-280

Обсуждение

Это исследование подтверждает, что область штрих-кода COI обладает значительным потенциалом в качестве основы для системы идентификации ДНК-штрихкодирования ракообразных.

Профиль COI, основанный на отдельных представителях 150 семейств ракообразных, оказался на 95% эффективным при размещении вновь встреченных видов в правильном порядке.

Этот высокий успех ясно показывает, что профиль, основанный даже на нескольких тысячах видов, обеспечит высокоэффективный инструмент для таксономических определений на этом уровне.

<p>Further parameterization of the ordinal profile should begin by adding sequence records for each of the 849 crustacean families.</p>	<p>Дальнейшую параметризацию порядкового профиля следует начать с добавления записей последовательности для каждого из 849 семейств ракообразных.</p>
<p>Higher sampling intensity should be directed to families with accelerated rates of molecular evolution, and the present results provide some directions in this regard.</p>	<p>Более высокая интенсивность отбора проб должна быть направлена на семейства с ускоренными темпами молекулярной эволюции, и настоящие результаты дают некоторые указания в этом отношении.</p>
<p>Parasitic lineages often show rate acceleration (Hassanin 2006; J.R. deWaard and P.D.N. Hebert, unpublished data), and this pattern was apparent in the current study, as evidenced by the isolated positions of parasitic isopods in the NJ tree.</p>	<p>Паразитические линии часто демонстрируют ускорение скорости развития (Hassanin 2006; J.R. deWaard и P.D.N. Hebert, неопубликованные данные), и эта закономерность была очевидна в данном исследовании, о чем свидетельствуют изолированные положения паразитических изопод на древе NJ.</p>

As a result, particular sampling intensity should be directed to crustacean lineages with parasitic lifestyles to subdivide the misleading long branches and to create an effective system for placements deep in the taxonomic hierarchy.

The present study suggests that a COI-based system will regularly deliver species-level resolution for crustacean lineages.

In fact, levels of sequence divergence among congeneric species of crustaceans averaged 17.16%, the highest value yet reported for any animal group.

В результате особая интенсивность отбора проб должна быть направлена на линии ракообразных с паразитическим образом жизни, чтобы разделить вводящие в заблуждение длинные ветви и создать эффективную систему местоположения внутри в таксономической иерархии.

Настоящее исследование предполагает, что система, основанная на COI, будет регулярно предоставлять разрешение на уровне видов для линий ракообразных.

Фактически, уровни расхождения последовательностей среди однородных видов ракообразных составили в среднем 17,16%, что является самым высоким значением, о котором когда-либо сообщалось для любой группы животных.

<p>By comparison, congeneric species of lepidopterans show just 6.1% variation (Hebert et al. 2003), birds show 7.93% variation (Hebert et al. 2004), and fishes possess 9.93% divergence (Ward et al. 2005).</p>	<p>Для сравнения, родственные виды чешуекрылых демонстрируют вариабельность всего на 6,1% (Hebert et al. 2003), птицы демонстрируют вариабельность на 7,93% (Hebert et al. 2004), а рыбы обладают дивергенцией на 9,93% (Ward et al. 2005).</p>
<p>Of course, the actual level of divergence among congeners is less critical than the ratio of the genetic divergence between species to that within species.</p>	<p>Конечно, фактический уровень дивергенции среди сородичей менее критичен, чем отношение генетической дивергенции между видами к таковой внутри видов.</p>
<p>Levels of intraspecific variation in crustaceans averaged 0.46%, values slightly higher than those reported in other groups (most range from 0.25% to 0.30%), but the interspecific to intraspecific ratios of sequence divergence were very large, ranging from 19.2 to 48.3.</p>	<p>Уровни внутривидовой изменчивости у ракообразных составляли в среднем 0,46%, значения, немного превышающие те, о которых сообщалось в других группах (большинство из них варьируются от 0,25% до 0,30%), но межвидовые и внутривидовые соотношения расхождения последовательностей были очень большими, в диапазоне от 19,2 до 48,3.</p>

As a consequence, species recognition was straightforward in most cases (~95%).

Based on these observations, we conclude that a COI barcoding system will deliver levels of species resolution comparable with those seen in tropical lepidopterans (98%, Hajibabaei et al. 2006), marine gastropods (96%, Meyer and Paulay 2005), fishes (100%, Ward et al. 2005), and birds (95%, Hebert et al. 2004).

We emphasize the need for a critical assessment of both barcode results and current taxonomic systems in cases of discordance.

Как следствие, распознавание видов было простым в большинстве случаев (~95%).

Основываясь на этих наблюдениях, мы пришли к выводу, что система штрихкодирования COI обеспечит уровни видового разрешения, сопоставимые с теми, которые наблюдаются у тропических чешуекрылых (98%, Hajibabaei et al. 2006), морских брюхоногих моллюсков (96%, Meyer and Paulay 2005), рыб (100%, Ward et al. 2005), и птицы (95%, Хеберт и др., 2004).

Мы подчеркиваем необходимость критической оценки как результатов штрих-кода, так и существующих таксономических систем в случаях несоответствия.

For example, the lack of barcode divergence between members of the mitten crab genus *Eriocheir* reflects a case where there is a growing consensus that some recognized species do not merit this status (discussed in detail in Chu et al. 2003 and Tang et al. 2003).

In other cases, levels of barcode variation within species have surely been inflated by a failure of current taxonomic systems to recognize valid species.

For example, the presence of two genetically divergent groups in the hermit crabs *Pagurus longicarpus* and *Pagurus pollicaris* is thought to reflect overlooked species (Young et al. 2002).

Например, отсутствие расхождений в штрих-кодах между представителями рода рукавичных крабов *Eriocheir* отражает случай, когда растет консенсус в отношении того, что некоторые признанные виды не заслуживают этого статуса (подробно обсуждается в Chu et al. 2003 и Tang et al. 2003).

В других случаях уровни вариации штрих-кодов внутри видов, несомненно, были завышены из-за неспособности существующих таксономических систем распознавать действительные виды.

Например, считается, что наличие двух генетически расходящихся групп у раков-отшельников *Pagurus longicarpus* и *Pagurus pollicaris* отражает упущенные из вида виды (Young et al., 2002).

Similarly, the freshwater shrimp *Paratya australiensis* includes several highly divergent mitochondrial lineages that are now thought to represent species that diversified in the Pliocene (Baker et al. 2004).

Finally, both morphological and biogeographic data suggest the possibility of overlooked species within *Cherax tenuimanus* and *Cherax preissi* (Munasinghe et al. 2003).

No single approach can provide a definitive conclusion on species boundaries (but see Lee 2003).

We emphasize that DNA barcoding is not a substitute for conventional taxonomic approaches.

Аналогичным образом, пресноводная креветка *Paratya australiensis* включает в себя несколько сильно расходящихся митохондриальных линий, которые, как в настоящее время считается, представляют виды, отделившиеся в плиоцене (Baker et al., 2004).

Наконец, как морфологические, так и биogeографические данные указывают на возможность существования пропущенных видов в пределах *Cherax tenuimanus* и *Cherax preissi* (Munasinghe et al., 2003).

Ни один подход в одиночку не может дать окончательного заключения о границах видов (но см. Lee 2003).

Мы подчеркиваем, что штрих-кодирование ДНК не является заменой традиционным таксономическим подходам.

It seeks instead to flag cases of deep genetic divergence among individuals grouped as a single species that may indicate overlooked species.

For example, we noted particularly high intraspecific divergences (3.1%) in *Gammarus oceanicus*, but individuals from the Baltic Sea, Iceland, and Hudson Bay showed an average within-species K2P divergence of only 0.43%.

The extreme divergence values all reflected samples of this species from the St. Lawrence estuary, perhaps reflecting an overlooked species endemic to this region.

Вместо этого оно направлено на выявление случаев глубокой генетической дивергенции среди особей, сгруппированных как один вид, которые могут указывать на пропущенные виды.

Например, мы отметили особенно высокие внутривидовые расхождения (3,1%) у *Gammarus oceanicus*, но особи из Балтийского моря, Исландии и Гудзонова залива показали среднее внутривидовое расхождение K2P всего на 0,43%.

Крайнее расхождение значений всех отраженных образцов этого вида из устья реки Святого Лаврентия, возможно, отражает недооцененный вид, эндемичный для этого региона.

<p>In contrast with these cases, there are other cases where species recognized through past taxonomic work show little or no barcode divergence.</p> <p>Some of these cases may represent instances where current taxonomic systems inappropriately recognize variation as reflecting species status.</p> <p>However, other cases may reflect very young species.</p> <p>We emphasize that the recognition of taxonomic boundaries in such cases is always demanding, often subjective, and best pursued through a weight of evidence approach that employs molecular, morphological, and ecological traits to reach a decision.</p>	<p>В отличие от этих случаев, существуют другие случаи, когда виды, признанные в ходе прошлой таксономической работы, демонстрируют незначительное расхождение штрихкодов или вообще не обнаруживают его.</p> <p>Некоторые из этих случаев могут представлять собой случаи, когда существующие таксономические системы ненадлежащим образом признают вариации отражающими статус вида.</p> <p>Однако другие случаи могут отражать очень молодые виды.</p> <p>Мы подчеркиваем, что признание таксономического определения границ в таких случаях всегда требует усилий, часто субъективно, и лучше всего проводить его с помощью подхода, основанного на весе доказательств, который использует молекулярные, морфологические и экологические характеристики для принятия решения.</p>
---	---

<p>As the creation of a comprehensive COI barcode database for crustaceans will be a substantial undertaking, we stress that benefits will be diverse.</p> <p>COI can, for example, serve as a sentinel gene enabling the detection of lineages with unusual patterns of nucleotide usage or exceptional rates of evolution.</p> <p>The analysis of GC content in the present study demonstrates that the COI barcode region can be a predictor of the nucleotide usage of the entire mitochondrial genome.</p> <p>Similarly, the molecular rate acceleration of parasitic lineages revealed previously using other gene regions (Hassanin 2006; J.R. deWaard and P.D.N. Hebert, unpublished data) was evident in the current data set.</p>	<p>Поскольку создание всеобъемлющей базы данных штрих-кодов COI для ракообразных будет значительным мероприятием, мы подчеркиваем, что выгоды будут разнообразными.</p> <p>COI может, например, служить в качестве сторожевого гена, позволяющего обнаруживать линии с необычными закономерностями использования нуклеотидов или исключительными темпами эволюции.</p> <p>Анализ содержания GC в настоящем исследовании демонстрирует, что область штрих-кода COI может быть показателем использования нуклеотидов всего митохондриального генома.</p> <p>Аналогичным образом, ускорение молекулярной скорости паразитарных линий, выявленное ранее с использованием других областей генов (Hassanin 2006; J.R. deWaard и P.D.N. Hebert, неопубликованные данные), было очевидно в текущем наборе данных.</p>
---	---

As such, it will aid multigene systematics by allowing such studies to target taxa showing unusual attributes of nucleotide usage or evolutionary rates.

The benefits of a barcode system will also extend into ecological work. For example, an estimated one-third of marine arthropods (thus mainly crustaceans) in 138 studies from the North Atlantic could not be identified to a species level (Schander and Willassen 2005).

Schander and Willassen (2005) pointed out several relevant means by which improved ability to recognize marine species will benefit marine biological and ecological sciences in a number of ways (see also Böttger-Schnack et al. 2004).

Таким образом, это поможет мультигенной систематике, позволяя таким исследованиям нацеливаться на таксоны, демонстрирующие необычные признаки использования нуклеотидов или скорости эволюции.

Преимущества системы штрих-кодов также будут распространяться на экологическую работу. Например, по оценкам, одна треть морских членистоногих (таким образом, в основном ракообразных) в 138 исследованиях из Северной Атлантики не могла быть идентифицирована на видовом уровне (Schander and Willassen 2005).

Шандер и Вилласен (2005) указали на несколько соответствующих средств, с помощью которых улучшенная способность распознавать морские виды принесет пользу морским биологическим и экологическим наукам несколькими способами (см. также Беттгер-Шнак и др. 2004).

A particular gain could arise through species-level identification of larvae, enabling studies of larval dispersal and ecology, and benthic adult connectivity, all critical for management of crustacean fisheries (Tully et al. 2003).

DNA barcoding will also allow the identification of crustacean prey items in stomach contents of fishes, birds, and other predators, aiding parameterization of food web models.

For example, morphological approaches did not allow the species identification of several crustacean prey in the stomach contents of fulmars (*Fulmarus glacialis*) (Phillips et al. 1999).

Особый выигрыш может быть получен за счет идентификации личинок на видовом уровне, что позволит изучать расселение личинок и экологию, а также связь между бентосом и взрослыми особями, что имеет решающее значение для управления промыслом ракообразных (Tully et al., 2003).

Штрих-кодирование ДНК также позволит идентифицировать добычу ракообразных в содержимом желудков рыб, птиц и других хищников, способствуя параметризации моделей пищевой сети.

Например, морфологические подходы не позволили идентифицировать виды нескольких ракообразных-жертв в содержимом желудка моллюсков (*Fulmarus glacialis*) (Phillips et al. 1999).

Other potential benefits of a COI barcode identification system for crustaceans include the identification of parasitic crustaceans at any developmental stage (e.g., Øines and Heuch 2005), as well as the detection of invasive crustacean species (Armstrong and Ball 2005).

In summary, the present study reveals that a large-scale effort to assemble DNA barcode records for crustaceans will deliver a highly effective identification system with impacts on a broad range of research themes.

Acknowledgements

The “Fundação para a Ciência e Tecnologia” (Portugal) provided a postdoctoral fellowship (BPD/11588/2002) to F.O. Costa.

Другие потенциальные преимущества системы идентификации ракообразных по штрих-коду COI включают идентификацию паразитических ракообразных на любой стадии развития (например, Øines and Heuch 2005), а также обнаружение инвазивных видов ракообразных (Armstrong and Ball 2005).

Подводя итог, настоящее исследование показывает, что крупномасштабные работы по сбору записей ДНК-штрих-кодов для ракообразных позволят создать высокоэффективную систему идентификации, которая окажет влияние на широкий спектр исследовательских тем.

Благодарности

The “Fundação para a Ciência e Tecnologia” (Portugal) provided a postdoctoral fellowship (BPD/11588/2002) to F.O. Costa.

This work was supported by grants to PDNH from the Natural Sciences and Engineering Research Council of Canada (NSERC) and from the Gordon and Betty Moore Foundation.

We thank Monika Normant for decapod samples from the Baltic Sea.

Can. J. Fish. Aquat. Sci. 64: 272–295 (2007) doi:10.1139/F07-008 Received 20 January 2006. Accepted 26 October 2006. Published on the NRC Research Press Web site at <http://cjfas.nrc.ca> on 24 February 2007. J19120

F.O. Costa.^{1,2} Instituto do Mar (IMAR), Universidade Nova de Lisboa, 2829-516 Caparica, Portugal.
J.R. deWaard, S. Ratnasingham, R.T. Dooh, M. Hajibabaei, and P.D.N. Hebert. Biodiversity Institute of Ontario, University of Guelph, ON N1G 2W1, Canada.

Эта работа была поддержана грантами PDNH от Канадского совета по естественным наукам и инженерным исследованиям (NSERC) и Фонда Гордона и Бетти Мур.

Мы благодарим Монику Нормант за образцы десятиногих моллюсков из Балтийского моря.

Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences. 64: 272-295 (2007) doi:10.1139/F07-008 Получено 20 января 2006 года. Принято 26 октября 2006 года. Опубликовано на веб-сайте NRC Research Press по адресу <http://cjfas.nrc.ca> 24 февраля 2007 года. J19120

Ф.О. Коста.^{1,2} Институт Мар (IMAR), Университет Нова-де-Лиссабон, 2829-516 Капарика, Португалия. J.R. deWaard, S. Ratnasingham, R.T. Dooh, M. Hajibabaei и P.D.N. Hebert. Институт биоразнообразия Онтарио, Гвельфский университет, Н1Г 2W1, Канада.

J. Boutillier. Pacific Biological Station, Fisheries and Oceans Canada, 3190 Hammond Bay Road, Nanaimo, BC V9T 6N7, Canada.

² Present address: School of Biological Sciences, University of Wales, Bangor, Bangor, Gwynedd, LL57 2UW, United Kingdom.

Ж. Бутилье. Тихоокеанская биологическая станция, Fisheries and Oceans Canada, 3190 Hammond Bay Road, Нанаймо, Британская Колумбия V9T 6N7, Канада.

² Фактический адрес: Школа биологических наук, Университет Уэльса, Бангор, Бангор, Гвинедд, LL57 2UW, Соединенное Королевство.