

ПРОБЛЕМЫ СОХРАНЕНИЯ БИОРАЗНООБРАЗИЯ НА СОПРЕДЕЛЬНЫХ С КАМЧАТКОЙ ТЕРРИТОРИЯХ И АКВАТОРИЯХ

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ ФРАГМЕНТА ГЕНА ЦИТОХРОМА b мтДНК ЖЕЛТОПЁРОЙ КАМБАЛЫ *LIMANDA ASPERA* ТАУЙСКОЙ ГУБЫ, ОХОТСКОЕ МОРЕ

*А.А. Антоненко**, *С.П. Пустовойт***, *Р.Р. Юсупов****

**Северо-Восточный государственный университет (ФГОУ ВПО СВГУ),
Магадан*

***ФГБУН Институт биологических проблем Севера (ИБПС) ДВО РАН,
Магадан*

****ФГУП Магаданский научно-исследовательский институт рыбного
хозяйства и океанографии (МагаданНИРО), Магадан*

GENETIC VARIABILITY OF THE FRAGMENT OF THE GENE CYTOCHROME B OF YELLOFIN SOLE *LIMANDA ASPERA* OF TAU I LIP, THE SEA OF OKHOTSK

*A.A. Antonenko**, *S.P. Pustovoi***, *R.R. Yusupov****

**North Eastern State University (NESU), Magadan*

***Institute of Biological Problems of the North (IBPN) FEB RAS, Magadan*

****Magadan Research Institute of Fisheries and Oceanography
(MagadanNIRO), Magadan*

Желтоперая камбала *Limanda aspera* является одним из массовых промысловых объектов из числа малоротых камбал (Фадеев, 2005). Она широко распространена на материковом шельфе северной части Тихого океана (в том числе, повсеместно у берегов Камчатки) и в Чукотском море. Ведёт придонный образ жизни, населяя глубины от поверхности до 600 м. В целом это прибрежный вид, совершающий хорошо выраженные сезонные миграции (Фадеев, 1971).

Научно не регулируемый промысел отрицательно сказывается на развитии и восстановлении популяции, так как процесс обновления популяций вследствие большой продолжительности жизни особей, низкого темпа роста и незначительного пополнения происходит очень медленно. Рациональная эксплуатация запасов вида подразумевает наличие

научных сведений о ее популяционно-генетической структуре. Первые результаты генетических исследований были получены благодаря оценке аллозимной изменчивости (Пустовойт, Юсупов, 2011а,б, Grant et al., 1983). В дальнейшем начаты работы по изучению генетической изменчивости генов митохондриальной ДНК (Пустовойт, Юсупов, 2012). Цель работы определить генетическую изменчивость фрагмента гена цитохрома *b* мтДНК в популяции желтоперой камбалы Тауйской губы Охотского моря.

Материалы (мышцы) собраны в июле 2012 г в прибрежных участках бухт Батарейной (21 шт.) и Веселой (24 шт.), восточной части п-ва Старикского. Выделение ДНК проведено по стандартной методике (Пустовойт, Юсупов, 2012), секвенирование выполнено в ОАО «Синтол» (Москва). Для статистического анализа использована программа MEGA 5.2 (Tamura et al., 2011).

Общая длина секвенированного участка гена 830 пар нуклеотидов. В общей выборке из 45 экз. обнаружено 27 гаплотипов, наиболее частый гаплотип LA2 – 8 особей, затем LA25 – 5 особей, LA21 – 4 особи, остальные менее частые (табл.). Количественные показатели изменчивости данного гена следующие: число полиморфных сайтов (*s*) 31, их относительная частота $p_s = 31/830 = 0.0373$, нуклеотидное разнообразие $\pi = 0,0048$. Величина теста Таджима $D = -1.4937$, $p > 0,05$ оставляет в силу нулевую гипотезу о нейтральности обнаруженных замен нуклеотидов.

Частоты гаплотипов (гап-п) гена цитохрома b мтДНК желтоперой камбалы из б. Веселой (ВСЛ) и б. Батарейной (БТР) Тауйской губы, Охотское море

гап-п	ВСЛ	БТР	гап-п	ВСЛ	БТР	гап-п	ВСЛ	БТР
LA1	0	1	LA11	0	1	LA21	3	1
LA2	2	6	LA12	0	1	LA22	1	0
LA3	0	2	LA13	1	0	LA23	1	0
LA4	3	0	LA14	2	0	LA24	0	1
LA5	0	1	LA15	0	1	LA25	1	4
LA6	1	0	LA16	1	0	LA26	1	0
LA7	1	0	LA17	0	1	LA27	1	0
LA8	1	0	LA18	0	1	сумм.	24	21
LA9	1	0	LA19	0	1			
LA10	1	0	LA20	1	0			

В выборке камбалы из бух. Веселой обнаружено 18 гаплотипов, в выборке из бух. Батарейной – 12 (табл.). Различаются ли по частотам гаплотипов выборки рыб из исследованных локальностей? Непараметрический

тест Колмогорова-Смирнова (Зайцев, 1984) показал отсутствие достоверных различий между сравниваемыми выборками, поскольку его величина $K = 0.677$ не позволяет отвергнуть нулевую гипотезу ($p > 0.05$). Данный вывод вполне объясним, поскольку исследованные выборки получены из бухт, расположенных рядом на восточном побережье п-ва Старикского. По-видимому, существенных генетических отличий между исследованными выборками нет. Вместе с тем, обращает на себя внимание, что только 3 гаплотипа из 27 обнаружены у особей как из бух. Батарейной, так и из бух. Веселой, остальные пока отмечены только у камбал либо из первой, либо из второй выборок. Необходимы дальнейшие исследования для уточнения величины генетической дифференциации отдельных групп желтоперой камбалы, нагуливающейся в разных участках Тауйской губы. Определенный нами уровень изменчивости гена цитохрома *b* мтДНК позволяет считать его пригодным для популяционно-генетических исследований.

ЛИТЕРАТУРА

- Зайцев Г.Н. 1984. Математическая статистика в экспериментальной ботанике. М. : Наука. 424 с.
- Пустовойт С.П., Юсупов Р.Р. 2011а. О генетической дифференциации желтоперой камбалы *Limanda aspera*, обитающей в Тауйской губе, Охотское море // Цитология и генетика. Т. 45. № 3. С. 57–62.
- Пустовойт С.П., Юсупов Р.Р. 2011б. О временной стабильности популяционно-генетической структуры желтоперой камбалы *Limanda aspera* Тауйской губы, Охотское море // Вестн. Северо-Восточного гос. ун-та. Вып. 16. С. 113–116.
- Пустовойт С.П., Юсупов Р.Р. 2012. О нуклеотидной последовательности гена цитохромоксидаза CO-I митохондриальной ДНК желтоперой камбалы (*Limanda aspera*) Тауйской губы // Вестн. Северо-Восточного гос. ун-та. № 17. С. 49–58.
- Фадеев Н.С. 1971. Биология и промысел тихоокеанских камбал. Владивосток : Дальиздат. С. 8–79.
- Фадеев Н.С. 2005. Справочник по биологии и промыслу рыб северной части Тихого океана. Владивосток : ТИНРО-центр. 366 с.
- Grant W.S., Bakkala R., Utter F.M., Teel D.J., Kobayshi T. 1983. Biochemical genetic population structure of yellowfin sole, *Limanda aspera*, of the north Pacific Ocean and Bering Sea // Fishery Bulletin. Vol. 81. № 4. P. 667–677.
- Tamura K., Peterson D., Peterson N., Stecher G., Nei M., Kumar S. 2011. MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. www.megasoftware.net