

**ИЗМЕНЧИВОСТЬ ГЕНА ЦИТОХРОМА  
В МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК НЕРКИ *ONCORHYNCHUS  
NERKA* WALBAUM ИЗ РЕК КАМЧАТКИ И СЕВЕРНОГО  
ПОБЕРЕЖЬЯ ОХОТСКОГО МОРЯ**

***Л.Т. Бачевская, В.В. Переверзева, Г.Д. Иванова***

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

**THE VARIABILITY MITOCHONDRIAL DNA CYTOCHROME  
B GENE SEQUENCE SOCKEYE SALMON *ONCORHYNCHUS  
NERKA* WALBAUM FROM THE RIVERS OF KAMCHATKA  
AND NORTHERN PART OF OKHOTSK SEA**

***L.T. Bachevskaya, V.V. Pereverzeva, G.D. Ivanova***

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

Нерка занимает одно из важных мест среди ценных промысловых видов рода *Oncorhynchus*. Часть ее жизненного цикла проходит в море. В этот период рыбы из разных популяций смешиваются, образуя нагульные стада. Во время анадромной миграции основная масса производителей возвращается в «родные» водоемы, чему способствует чувство дома – «хоминг». В результате поддерживается исторически сложившееся генетическое разнообразие вида. Для исследования генетической изменчивости нерки наиболее часто используются молекулярно-генетические методы, способствующие формированию нового взгляда на ее дифференциацию (Брыков и др., 2005; Зеленина и др., 2006; Хрусталева и др., 2010; Beachem et al., 2000). Интерес к исследованию в данном направлении вполне понятен, так как результаты подобных работ дополняют информацию о структуре и эволюции нерки. Помимо того, для поддержания ее устойчивого воспроизводства необходимо иметь четкое представление о наследственном своеобразии эксплуатируемых популяций. Это возможно при условии увеличения числа наиболее информативных молекулярно-генетических маркеров и расширения географии изучения популяций этого ценного промыслового вида. В данной работе представлены результаты анализа генетической изменчивости нерки из рек Камчатки и материкового побережья Охотского моря. Для оценки их внутривидового разнообразия и уровня межвидовой дифференциации в качестве маркера использован ген цитохрома *b* (*cytb*). Выделение и очистка ДНК проводились по стандартной методике. Определение нуклеотидных последовательностей амплифицированного участка

мтДНК выполнялось с использованием наборов для циклического секвенирования. Для построения медианной сети применяли алгоритм MJ программы Network 4.5.1.0 (Bandelt et al., 1999). Изученный ген *cytb* мтДНК исследованного вида содержит 1140 пар нуклеотидов (пн). Обнаруженные варианты нуклеотидных последовательностей гена *cytb* мтДНК нерки из рек Камчатки и Магаданской области депонированы GenBank, их номера представлены в таблице. Анализ нуклеотидных последовательностей исследованного гена мтДНК показал наличие одной транзиции в первой и шести транзиций в третьей позициях кодона. В результате обнаружено шесть гаплотипов гена *cytb*. Варианты Ncb1 и Ncb2 – общие для камчатских и североохотоморских популяций. Они наиболее широко представлены во всех исследованных выборках (таблица). Остальные гаплотипы встречались значительно реже, причем, вариант Ncb3 отмечен только у нерки из р. Олы. Гаплотипы Ncb4 и Ncb5 наблюдались у нерки из р. Хайлюли, а Ncb6 был характерен для особей из р. Бушуйки.

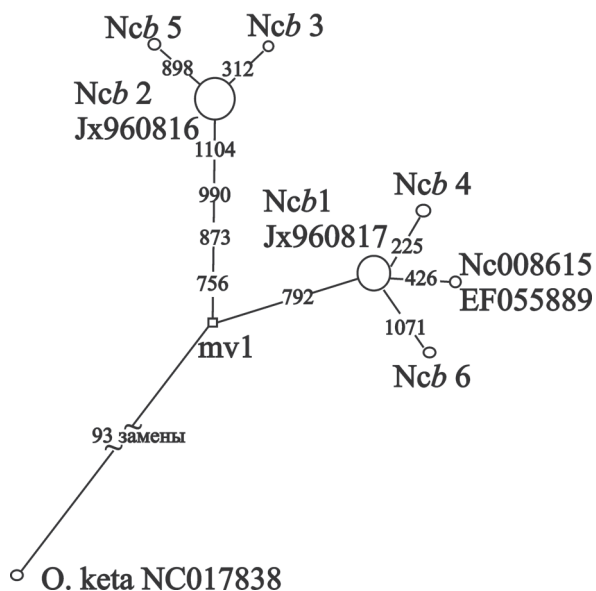
По принципу минимального числа нуклеотидных замен построена медианная сеть, отображающая характер взаимоотношений гаплотипов нерки из исследованных популяций. При построении генеалогической сети были использованы гаплотипы GenBank NC008615 и EF055889 (Тайвань), не обнаруженные в камчатских и ольской популяциях, а также варианты JX960816 и JX960817 (Канада). Последние идентичны гаплотипам Ncb2 и Ncb1. Все варианты гена *cytb* мтДНК распределились в две филогенетические группы (рис. 1). В одной из них центральным является гаплотип Ncb1, а в другой – Ncb2. Их присутствие у нерки из рек Камчатки и материкового побережья Охотского моря, вероятно, обусловлено общностью происхождения исследованных популяций. Как отмечено выше, эти митотипы распределились в разные филогруппы, что, по-видимому, связано с разделением в прошлом ареала этого вида и его генофонда на две генетические линии. Филогенетические связи исследованных популяций нерки представлены с помощью NJ-дендрограммы (рис. 2). Как видно из рисунка, камчатские популяции объединились в одну группу, что свидетельствует о формировании кластеров по географическому принципу. Анализ матрицы нуклеотидной дивергенции мтДНК между исследованными выборками показал, что максимальное значение различий ( $p < 0.05$ ) наблюдается между популяциями из рек Олы и Бушуйки. В то же время (по использованному нами маркеру) различия между ольской и хайлюлинской выборками не были статистически значимыми. Дополнительно для филогенетического анализа использовали нуклеотидные последовательности гена *cytb* мтДНК канадской и тайваньской нерки. Канадская нерка генетически более близка к североохотоморской по сравнению с тайваньской, что вероятно, обусловлено

историей формирования рассматриваемых популяций этого вида на исследованной части ее ареала.

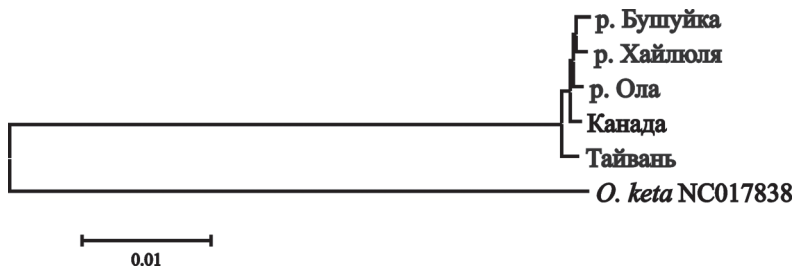
*Генетическое разнообразие популяций нерки*

Локальность	р. Ола (N = 44)	р. Бушуйка (N = 50)	р. Хайлюля (N = 48)
Гаплотипы, № GenBank	Частота гаплотипов		
Ncb1 (KC733794)	0.5526	0.2400	0.3958
Ncb2 (KC733795)	0.4211	0.6800	0.5625
Ncb3 (KC733796)	0.0263	0.0000	0.0000
Ncb4 (KC733797)	0.0000	0.0000	0.0208
Ncb5 (KC733798)	0.0000	0.0000	0.0208
Ncb6 (KC733799)	0.0000	0.0800	0.0000
H ± sd	0.5306 ± 0.0368	0.4833 ± 0.0652	0.5372 ± 0.0384
π ± sd	0.00227 ± 0.00138	0.00208 ± 0.00128	0.00225 ± 0.00136

**Примечания.** H – гаплотипическое разнообразие; π – нуклеотидное разнообразие.



**Рис. 1.** Медианная сеть гаплотипов гена *cytb* мтДНК нерки. Медианный вектор *mv1* представляет собой гипотетический предковый гаплотип. На ветвях сети указаны сайты мутаций



**Рис. 2.** Филогенетические взаимоотношения между исследованными популяциями нерки

## ЛИТЕРАТУРА

Брыков В.А., Полякова Н.Е., Подлесных А.В., Голубь Е.В., Голубь А.П., Жданова О.Л. 2005. Влияние биотопов на генетическую дифференциацию популяций нерки (*Oncorhynchus nerka*) // Генетика. Т. 41. № 5. С. 635–645.

Зеленина Д.А., Хрусталева А.М., Волков А.А. 2006. Сравнительное исследование популяционной структуры и определение популяционной принадлежности нерки (*Oncorhynchus nerka*) Западной Камчатки с помощью RAPD-PCR и анализа полиморфизма микросателлитных локусов // Генетика. Т. 42. № 5. С. 693–704.

Хрусталева А.М., Волков А.А., Стоклицкая Н.С., Мюге Д.С., Зеленина Д.А. 2010. Сравнительный анализ изменчивости STR и SNP локусов в популяциях нерки (*Oncorhynchus nerka*) восточной и западной Камчатки // Генетика. Т. 46. № 11. С. 1544–1555.

Bandelt H.J., Forster P., Röhl A. 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies // Mol. Biol. Evolution. Vol. 16. P. 37–48.

Beachem T.D., Le K.D., Raap M.R. et al. 2000. Microsatellite variation and estimation of stock composition of sockeye salmon, *Oncorhynchus nerka*, in Barkley Sound, British Columbia // Fish. Bull. Vol. 98. P. 14–24.