

**ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОТНОШЕНИЯ МАЛЬМЫ  
*SALVELINUS MALMA* WALBAUM КОМАНДОРСКИХ  
ОСТРОВОВ С ДРУГИМИ ПРЕДСТАВИТЕЛЯМИ РОДА  
*SALVELINUS* ПО РЕЗУЛЬТАТАМ ИССЛЕДОВАНИЯ  
МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК**

***В. А. Сошнина\*, С. Д. Павлов\*, Д. А. Зеленина\*\****

*\*Московский государственный университет  
(МГУ) им. М. В. Ломоносова, Биологический факультет*

*\*\*Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного  
хозяйства и океанографии (ВНИРО), Москва*

**RELATIONS OF DOLLY VARDEN *SALVELINUS MALMA*  
WALBAUM FROM KOMANDORSKI ISLANDS WITH OTHER  
CHARR OF THE GENUS *SALVELINUS* ACCORDING TO THE  
RESULTS OF THE STUDY MT-DNA**

***V. A. Soshnina\*, S. D. Pavlov\*, D. A. Zelenina\*\****

*\*M. V. Lomonosov Moscow State University, Biology department*

*\*\*Russian Federal Research Institute of Fishery and Oceanography  
(VNIRO), Moscow*

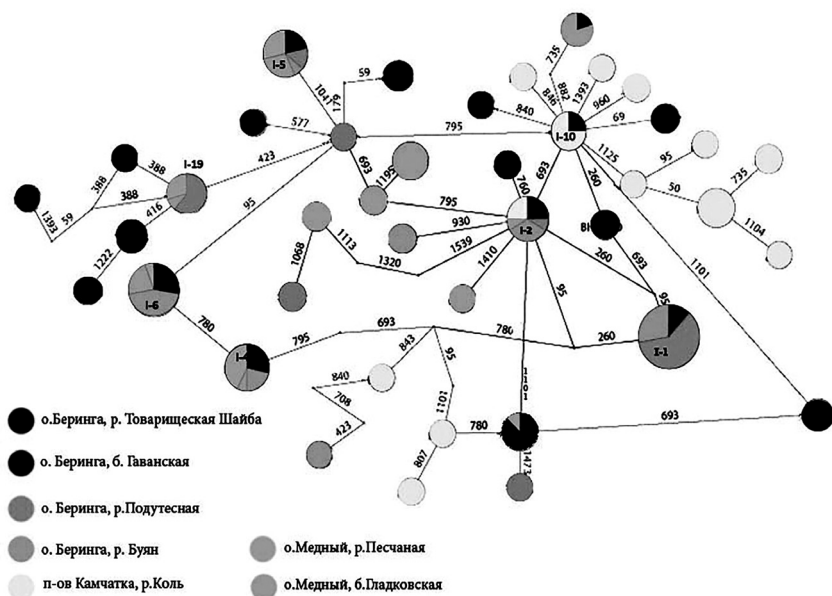
Гольцы рода *Salvelinus* – одна из наиболее интересных в микроэволюционном плане группа лососевых рыб, характеризующаяся сложной популяционной структурой, высокой экологической пластичностью, географической изменчивостью и морфоэкологическим разнообразием.

Эволюционный статус многих форм гольцов выходит за классическое понимание биологического вида, их таксономическое положение часто является предметом длительных научных дискуссий (Берг, 1948; Савваитова, 1989; Behnke, 1989). Исключительные морфологические разнообразие форм и сложные межпопуляционные отношения привели к тому, что исследователи не имеют единого мнения о видовой принадлежности и таксономическом статусе отдельных форм. При этом, в силу труднодоступности, многие популяции гольцов продолжают оставаться слабоизученными. Одной из таких является популяция гольцов Командорских островов.

Для изучения мальмы Командорских островов было использовано 6 выборок с Командорских островов и одна выборка с Западной Камчатки, р. Коль. Всего исследовано 184 особи. Для исследованных особей были определены последовательности двух фрагментов мтДНК: контрольного региона (*D-loop*) длиной 579 п.н. и гена цитохрома *B* (*CytB*) длиной 973 п.н.

На рисунке 1 представлена сеть митохондриальных гаплотипов, построенная по результатам сравнения объединенных последовательностей *D-loop* и гена *CytB*. Видно, что исследуемые представители *S. malma* несут 5 массовых гаплотипов (I-1, I-2, I-4, I-5, I-6), причем 4 из них включают в себя только выборки, собранные на Командорских островах. В выборке западнокамчатских гольцов было обнаружено 10 уникальных и один редко встречающийся гаплотип, не выявленные у командорских гольцов. Однако для них также характерно наличие уникальных и редко встречающихся гаплотипов. В выборках командорских и западнокамчатских гольцов выявлены общие гаплотипы (I-2, I-10), причем один из них – I-2 – является массовым. Это указывает на близкородственность командорских и западнокамчатских локальностей гольцов и отношение их к *Salvelinus malma* complex.

Для оценки отношений изучаемых гольцов Командорских островов с другими представителями рода *Salvelinus* на ареале были использованы литературные данные из работ Бруннера с соавторами (Brunner et al., 2001)



**Рис. 1.** Филогенетическая сеть гаплотипов участка *D-loop* мтДНК и гена *CytB* в исследуемых выборках мальмы. Диаметр круга, обозначающего гаплотип, отражает относительную долю особей, обладающих данным гаплотипом. Числа на линиях, соединяющих гаплотипы, означают позиции нуклеотидных замен

и Ямамото с соавторами (Yamamoto et al., 2014), а также данные, представленные в работе Сенчуковой (Сенчукова, 2014). В результате сравнения получена сводная сеть митохондриальных гаплотипов (рис. 2), которая отражает генетические отношения изучаемой камандорской мальмы

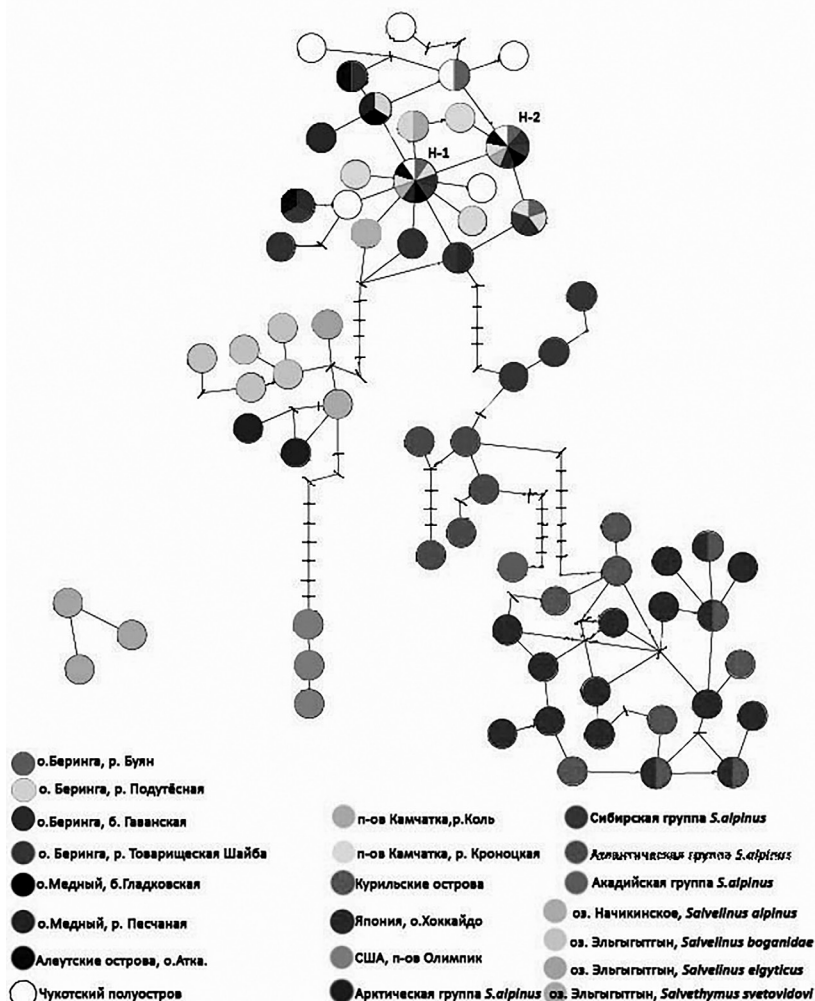


Рис. 2. Сеть митохондриальных гаплотипов в выборках *S. talma* и других видов родов *Salvelinus* и *Salvethymus*. В каждом из гаплотипов показана доля рыб из разных популяций

с мальмой из других регионов, а также с представителями других видов гольцов. Для сравнения были взяты последовательности из работ упомянутых выше авторов, депонированные в GenBank. Сравнение проводили на участке *D-loop* длиной 550 п.н.

Гаплотипы, выявленные в выборках мальмы Командорских островов, полуострова Камчатка и Чукотки образуют обособленный кластер, в котором присутствуют два массовых гаплотипа, выявленные во всех проанализированных выборках. Различие в пределах всей совокупности гаплотипов, отмеченных в данной локации, составляет всего лишь 1–3 нуклеотидных замены.

Выявлено, что выборки *S. alpinus*, включающие в себя акадийскую, атлантическую и сибирскую группы (Brunner et al., 2001), отличаются от северной мальмы на 7–8 мутаций. С отличием в 9 мутаций от атлантической группы отходят гаплотипы выборок *S. malma* Южных Курильских островов и о. Хоккайдо (группа южной мальмы), т. е. мальма Крашенинникова.

С другой стороны, на рисунке также можно отметить другие группировки, отличающиеся на 8 мутаций от группы гольцов, обитающих на Камчатке и Командорских островах. Выделяется арктическая группа *S. alpinus*, а также *S. alpinus* из оз. Начикинское полуострова Камчатка. От гольца из озера Начикинского на две мутации отличаются гольцы *S. boganidae* и *S. elgyticus* из озера Эльгыгытгын. Также от *S. alpinus* из озера Начикинское отходят гаплотипы особей *S. malma*, собранных на полуострове Олимпик Северной Америки, которые отличаются от начикинского гольца на 10 мутаций. Другой род *Salvethymus svetovidovi* не кластеризуется в данной сети (отличается на 45 мутаций).

Таким образом, после проведенного исследования участка *D-loop* мтДНК гольцов Командорских островов и сравнения их с гольцами Камчатки и Чукотки, был обнаружен наименьший уровень отличий командорских гольцов от *S. malma* Камчатки и Чукотки (отличие на 1–3 мутации). Это свидетельствует о том, что гольцы Командорских островов относятся к линии *S. malma malma* или северной группы мальмы и, скорее всего, имеют относительно недавнее происхождение.

Генетическое разнообразие островных популяций *S. malma* сопоставимо с материковым разнообразием. Выявленное количество гаплотипов по двум разным маркерам (всего 40) является крайне интересным с научной точки зрения и обладает перспективой для продолжения исследования ихтиофауны Командорских островов

Работа поддержана Российским фондом фундаментальных исследований (РФФИ, проекты 11-04-02056-а, 14-04-01437-а, 15-29-02448офи\_м), РГНФ № 14-06-00726, грантом «Ведущие научные школы» (НШ-2666.2014.4), а также РНФ № 14-50-00029 (частичная обработка материала).

## ЛИТЕРАТУРА

- Берг Л. С. 1948. Рыбы пресноводных вод СССР и сопредельных стран. Ч. 1. – М. ; Л. : Изд-во АН СССР. – 446 с.
- Савваитова К. А. 1989. Арктические гольцы. – М. : Агропромиздат. – 223 с.
- Сенчукова А. Л. 2014. Генетическая дифференциация гольцов (род *Salvelinus*) озерно-речной системы Кроноцкая (Камчатка). Дисс. ... канд. биол. наук. – М. : МГУ. – 103 с.
- Behnke R. J. 1989. Interpreting the phylogeny of *Salvelinus* // *Physiol. Ecol. Japan. Spec. Vol. 1.* – P. 35–48
- Brunner P. C., Douglas M. R., Osinov A., Wilson C. C., Bernatchez L. 2001. Holarctic phylogeography of arctic charr (*Salvelinus alpinus* L.) inferred from mitochondrial DNA sequences // *Evolution; international journal of organic evolution.* Vol. 55(3). – P. 573–586.
- Yamamoto S., Maekawa K., Morita K., Crane P. A., Oleinik A. G. 2014. Phylogeography of the Salmonid Fish, Dolly Varden *Salvelinus malma*: Multiple Glacial Refugia in the North Pacific Rim // *Zoological Science.* Vol. 31. – P. 660–670.