

ОСОБЕННОСТИ ПОПУЛЯЦИОННОЙ СТРУКТУРЫ ТИХООКЕАНСКОЙ ТРЕСКИ *GADUS MACROCEPHALUS* В ЮЖНОЙ ЧАСТИ АРЕАЛА

М. А. Смирнова*, С. Ю. Орлова*, П. В. Калчугин, М. И. Бойко**,
J.-H. Park***, А. М. Орлов*, ******

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

***Тихоокеанский научно-исследовательский рыбохозяйственный центр
(ТИНРО-Центр), Владивосток*

****National Institute of Fisheries Research (NIFS), Пусан, Южная Корея*

*****Институт проблем экологии и эволюции им. А. Н. Северцова РАН
(ИПЭЭ), Москва; Дагестанский государственный университет (ДГУ),
Махачкала; Томский государственный университет (ТГУ)*

POPULATION STRUCTURE OF PACIFIC COD *GADUS MACROCEPHALUS* IN THE SOUTHERN PART OF RANGE

M. A. Smirnova*, S. Yu. Orlova*, P. V. Kalchugin, M. I. Boyko**,
J.-H. Park***, A. M. Orlov*, ******

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

***Pacific Research Fisheries Center (TINRO-Center), Vladivostok*

****National Institute of Fisheries Research (NIFS), Busan, South Korea*

*****A. N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution of Russian Academy of
Sciences (IPEE), Moscow; Dagestan State University (DSU), Makhachkala;
Tomsk State University (TSU)*

Тихоокеанская треска *Gadus macrocephalus* широко распространена в прибрежных водах Северной Пацифики и является одним из важнейших промысловых видов рыб в морях Дальнего Востока, входя в первую десятку по объемам вылова.

На протяжении истории исследований тихоокеанской трески с использованием различных методов, исследователями выделялось различное количество группировок, что говорит о существовании на протяжении видового ареала определенного их разнообразия, определяемого историей расселения, условиями обитания, биологическими характеристиками и миграционными особенностями вида в различных частях его обширного ареала.

В литературе существуют различные представления о позднеплиоценово-плейстоценовой истории Японского и Жёлтого морей от их полной периодической длительной изоляции в период регрессии океана (Kitamura

et al., 2001, Liu et al., 2007; Canino et al., 2010) до сохранения связи с Тихим океаном. Известны представления об использовании тихоокеанской трески Японского и Жёлтого морей в ледниковые периоды в качестве рефугиумов и формировании на фоне пространственной их изоляции, соответственно, репродуктивной изоляции трески специфических генотипов (Canino et al., 2010). Однако данные литературных источников свидетельствуют о вероятном активном обмене генетическим материалом япономорских и тихоокеанских популяций в ледниковый и послеледниковый периоды (Saito, 1998; Canino, 2010).

Японское море сообщается с Охотским морем и Тихим океаном мелководными проливами. Однако, несмотря на имеющиеся данные о различиях между выборками из этих акваторий (Liu et al., 2010), нет единого мнения о том, каковы могли быть пути расселения трески из Японского моря в Охотское море и Тихий океан после открытия проливов от ледников.

Цель настоящего исследования – изучение популяционной структуры и расселения тихоокеанской трески в южной части ареала с использованием микросателлитных маркеров.

Материалом для генетических исследований послужили 8 выборок тихоокеанской трески, собранные в Жёлтом, Японском и Охотском морях и тихоокеанских вожах с 2008 по 2015 гг. из уловов донных тралений. Районы взятия выборок: о. Итуруп (охотоморская сторона), северо-запад Охотского моря, Татарский пролив (южная и центральная части), зал. Петра Великого, побережье Южной Кореи (со стороны Японского и Желтого морей), Южные Курилы (тихоокеанская сторона) (рис. 1).

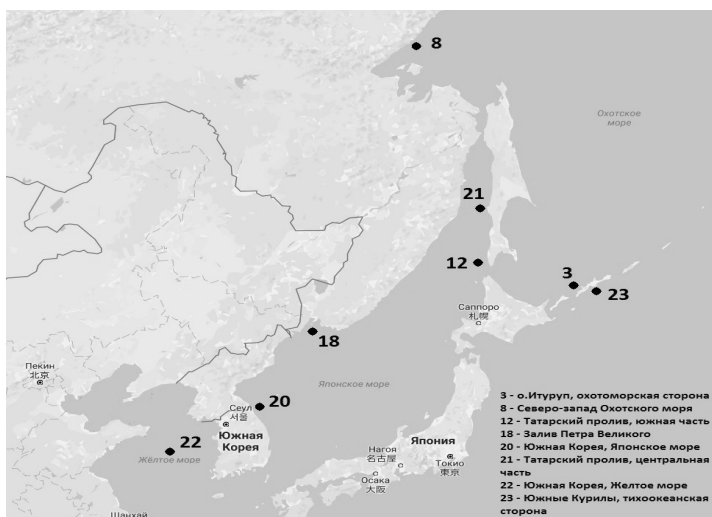


Рис. 1. Расположение мест сбора образцов тихоокеанской трески

Для генетического анализа брали кусочек мышечной ткани или грудного плавника. Образцы фиксировали в 96%-ном этаноле.

В качестве маркеров микросателлитного полиморфизма были выбраны локусы, первоначально секвенированные на атлантической треске *Gadus morhua* и отработанные на ней: Pgmo104, Gmo11, Gmo315, Pgmo105, Pgmo97, а также собственные локусы тихоокеанской трески – Gma107 и Gma102.

Исследованные локусы характеризуются ди-, три- и тетра-нуклеотидными повторами. Наблюдается высокий полиморфизм изученных популяций трески по исследованным локусам. Наименьшее число выявленных аллелей составило 3 (Pgmo104), а наибольшее – 16 (Pgmo105). В целом по всем выборкам среднее число аллелей на локус составило 9 аллелей.

Попарная оценка генетической дифференциации выявила неоднородность популяции тихоокеанской трески в южной части ареала. Треска вод Южной Кореи со стороны Жёлтого моря и треска северо-западной части Охотского моря достоверно отличались от всех других анализируемых выборок. Также были выявлены достоверные различия между треской из вод Татарского пролива и всеми другими регионами, за исключением трески из вод Южных Курил, причем как с охотоморской, так и с тихоокеанской стороны. Последние две выборки также не продемонстрировали достоверных различий между собой, что говорит о наличии генетического обмена между этими районами за счет активных миграций трески через Курильские проливы (Моисеев, 1953). Также низкий уровень различий между собой продемонстрировали выборки из зал. Петра Великого и вод Южной Кореи со стороны Японского моря. Это свидетельствует об обмене генетическим материалом между указанными группировками.

На основе полученных значений генетической дифференциации был проведен анализ главных компонент. Его результаты наглядно демонстрируют обособленность трески Жёлтого моря и северо-западной части Охотского моря (рис. 2). В свою очередь выборки из Японского моря (зал. Петра Великого и побережье Южной Кореи), а также Татарского пролива и Южных Курил с охотоморской и тихоокеанской сторон демонстрируют значительное сходство между собой.

Дальнейшие молекулярно-генетические исследования с расширенным набором генетических маркеров послужат основой для получения полноценных знаний о популяционной структуре и расселении тихоокеанской трески в пределах ее видового ареала.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований в рамках гранта РФФИ 16-34-01285



Рис. 2. Ординация трески южной части ареала и близлежащих акваторий по осям главных компонент

«Микроэволюционные процессы и особенности популяционной структуры тихоокеанской трески *Gadus macrocephalus* в южной части видового ареала».

ЛИТЕРАТУРА

- Моисеев П. А. 1953. Треска и камбалы дальневосточных морей // Изв. ТИНРО. Т. 40. С. 1–288.
- Canino M. F., Spies I. B., Cunningham K. M., Hauser L., Grant W. S. 2010. Multiple ice-age refugia in Pacific cod, *Gadus macrocephalus* // Mol. Ecol. Vol. 19. № 19. P. 4339–4351.
- Kitamura A., Takano O., Takada H., Omote H. 2001. Late Pliocene-early Pleistocene paleoceanographic evolution of the Sea of Japan // Paleogeography, Paleoclimatology, Paleoecology. Vol. 172. P. 81–98.
- Liu J.-X., Gao T.-X., Wu S.-F., Zhang Y.-P. 2007. Pleistocene isolation in the North-western Pacific marginal seas and limited dispersal in a marine fish, *Chelon haematocheilus* (Temminck, Schlegel, 1845) // Mol. Ecol. Vol. 16. P. 275–288.
- Liu M., Lu Z. C., Gao T. X. et al. 2010. Remarkably low mtDNA control-region diversity and shallow population structure in Pacific cod *Gadus macrocephalus* // J. Fish Biol. Vol. 77. P. 1071–1082.
- Saitoh K. 1998. Genetic variation and local differentiation in the Pacific cod *Gadus macrocephalus* around Japan revealed by mtDNA and RAPD markers // Fish. Sci. Vol. 64. № 5. P. 673–679.