

Министерство науки и высшего образования Российской Федерации

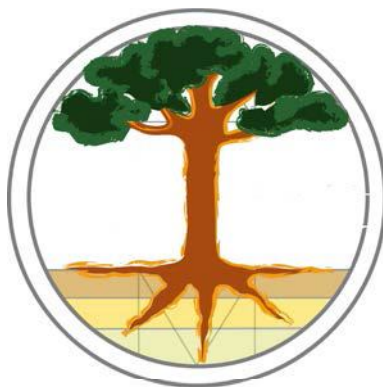
Федеральное государственное бюджетное учреждение науки
Институт общей и экспериментальной биологии
Сибирского отделения Российской академии наук

РАЗНООБРАЗИЕ ПОЧВ И БИОТЫ СЕВЕРНОЙ И ЦЕНТРАЛЬНОЙ АЗИИ

МАТЕРИАЛЫ
IV ВСЕРОССИЙСКОЙ КОНФЕРЕНЦИИ
С МЕЖДУНАРОДНЫМ УЧАСТИЕМ

посвященной Году науки и технологий в Российской Федерации
и 40-летию Института общей и экспериментальной биологии СО РАН

Улан-Удэ, 15–18 июня 2021 г.



DIVERSITY OF SOILS AND BIOTA OF NORTHERN AND CENTRAL ASIA

IV ALL-RUSSIAN CONFERENCE WITH INTERNATIONAL PARTICIPATION

15–18 June 2021, Ulan-Ude, Russia

Улан-Удэ
Издательство БНЦ СО РАН
2021

УДК 597.552.21:574.1:577.21+639.3+502.171

К проблеме восстановления численности муксуна (*Coregonus muksun*) в Западной Сибири

Крохалева М.А., Ялковская Л.Э., Богданов В.Д., Бородин А.В.

Институт экологии растений и животных УрО РАН, Екатеринбург, Россия,
krohaleva_ma@ipae.uran.ru

Аннотация. В связи с проблемой восстановления численности муксуна (*Coregonus muksun*) в Западной Сибири путем искусственного воспроизводства проведен анализ генетической дифференциации природных популяций и маточно-ремонтных стад рыбозаводов "Форват" и "Собский" по данным 84 последовательностей мтДНК (3006 пн), включающих высокополиморфные гены *ND1* и *ND2*. Выявлены различия между природными популяциями Западной и Восточной Сибири, которые необходимо учитывать в ходе мероприятий по восстановлению численности вида в каждом конкретном регионе. Генетическая близость муксуна рыбозаводов к популяции Обь-Тазовского бассейна дает основание для использования данных маточных стад при зарыблении рек Оби и Таза.

To the problem of restoring *Coregonus muksun* population in Western Siberia

Krokhaleva M.A., Yalkovskaya L.E., Bogdanov V.D., Borodin A.V.

Institute of Plant and Animal Ecology UrB RAS, Ekaterinburg, Russia, krohaleva_ma@ipae.uran.ru

Abstract. In connection with the problem of restoring the muksun (*Coregonus muksun*) population in Western Siberia by means of artificial regeneration, the genetic differentiation of natural populations and broodstocks of fish rearing stations "Forvat" and "Sobskii" was studied. In total 84 sequences of mtDNA (3006 bp) containing the highly polymorphic genes *ND1* and *ND2* were analyzed. The differences between the populations of Western and Eastern Siberia were revealed. This fact must be taken into account in the course of measures to restore the species population in each particular region. The genetic closeness of the muksun from fish rearing stations "Forvat" and "Sobskii" with muksun from the Ob-Taz basin gives grounds for using these broodstocks for seeding the Ob and Taz rivers.

Сохранение биологического разнообразия и восстановления численности ценных промысловых видов рыб, имеет важное экосистемное и социально-экономическое значение. К таким видам относится муксун (*Coregonus muksun*) - эндемик сибирских водоемов, широко распространенный от р. Кара на западе до р. Колымы на востоке. Начиная с конца XX века, наблюдается повсеместное сокращение численности муксуна, обусловленное, главным образом, увеличением антропогенного воздействия. Почти полное уничтожение муксуна Оби и Таза и возрастающая антропогенная нагрузка на экосистемы Обской губы определяют необходимость срочного внедрения в Западной Сибири рыбоводных мероприятий, в том числе, искусственного воспроизводства. Однако для сохранения отдельных популяций и вида в целом необходимы знания о внутривидовом генетическом разнообразии муксуна и оценка генетической идентичности природных популяций и маточных стад рыбозаводов.

Цель работы: анализ генетической дифференциации природных популяций муксуна и ремонтно-маточных стад рыбоводческих предприятий ООО "Форват" и "Собский".

Генетический анализ проведен на основе данных последовательностей мтДНК (3006 пн), включающих высокополиморфные гены *ND1* и *ND2*, 84 муксунов из природных популяций Западной и Восточной Сибири и маточных стад рыбозаводов ООО "Форват" и "Собский". ДНК выделена методом СТАБ. Для ПЦР использованы три пары разработанных нами праймеров. Секвенирование проводили с набором "BrilliantDye Terminator Cycle Sequencing". Для обработки результатов использовали Mega 5.10, BioEdit, Arlequin v 3.1, DnaSP v.5.10, MrBayes v3.2.2, MrModeltest 2.3, PAUP v. 4.0.

Для 84 секвенированных последовательностей, включающих гены *ND1* и *ND2*, а также полные последовательности *tRNA-Leu*, *tRNA-Ile*, *tRNA-Gln*, *tRNA-Met*, *tRNA-Trp*, *tRNA-Ala*, *tRNA-Asn*, *tRNA-Cys*, *tRNA-Tyr* и частичную последовательность *COI*, описано 56 гаплотипов. Большинство гаплотипов уникальны. Два гаплотипа – общие для популяции Оби и маточных стад, один – для муксуна двух рыбозаводов. Показатели генетического разнообразия, рассчитанные для наиболее репрезентативных выборок, в целом были выше в природных популяциях, по сравнению с маточными стадами (табл. 1). Наибольшие значения показателей характерны для рек Восточной Сибири, а уровень генетической изменчивости муксуна из Обь-Тазовского речного бассейна сопоставим с наблюдаемым в маточных стадах рыбозаводов.

Таблица 1

Полиморфизм генов *ND1* и *ND2* мтДНК (фрагмент длиной 3006 пн) муксуна в природных и искусственных популяциях

Выборки	n	Число полиморфных сайтов	nH	h $\pm$ SD	π (x100) $\pm$ SD	k
Природные популяции	46	97	38	0.988 $\pm$ 0.008	0.306 $\pm$ 0.031	9.19
Обь–Таз	19	21	13	0.942 $\pm$ 0.014	0.127 $\pm$ 0.012	3.81
Лена	9	34	8	0.972 $\pm$ 0.064	0.336 $\pm$ 0.076	10.11
Инди́гирка	14	49	13	0.989 $\pm$ 0.031	0.397 $\pm$ 0.038	11.92
Искусственные популяции	38	31	20	0.933 $\pm$ 0.025	0.167 $\pm$ 0.011	5.02
СРЗ–1	8	10	5	0.857 $\pm$ 0.108	0.121 $\pm$ 0.019	3.64
СРЗ–2	8	13	5	0.857 $\pm$ 0.108	0.154 $\pm$ 0.036	4.64
ФРЗ	22	19	12	0.861 $\pm$ 0.065	0.149 $\pm$ 0.016	4.49

Примечание: n – число особей; nH – число гаплотипов; h – гаплотипическое разнообразие; π – нуклеотидное разнообразие; k – среднее число парных различий между гаплотипами; SD – стандартное отклонение; СРЗ-1 и СРЗ-2 – маточные стада рыбозавода "Собский"; ФРЗ – маточное стадо ООО «Форват».

Согласно данным филогенетической реконструкции (рисунок), внутривидовая генетическая дифференциация обусловлена различиями муксунов Западной и Восточной Сибири. Различия между популяциями внутри регионов выражены слабо. Гаплотипы особей из маточных стад не формируют отдельных статистически поддержанных групп и наиболее близки к муксуну из Обь-Тазовского бассейна.

Анализ генетических дистанций подтверждает результаты филогенетической реконструкции (табл. 2). Различия между популяциями прослеживаются при сопоставлении рек Западной и Восточной Сибири, наиболее дифференцирован муксун из р. Инди́гирка. Маточные стада демонстрируют относительную близость друг с другом и с популяцией из Обь-Тазовского речного бассейна.

Таким образом, анализ внутривидовой генетической дифференциации муксуна с использованием последовательности мтДНК длиной 3006 пн, включающей высокополиморфные гены *ND1* и *ND2*, выявил различия между популяциями Западной и Восточной Сибири. Возможное существование межпопуляционных различий было отмечено и при использовании других генетических маркеров (Балдина и др., 2008; Polítov, 2017). Этот факт необходимо учитывать в ходе мероприятий по восстановлению численности вида в каждом конкретном регионе. Результаты филогенетических реконструкций, анализ показателей генетического разнообразия и генетических дистанций указывают на близость муксуна рыбозаводов «Форват!» и «Собский» к популяции Обь-Тазовского бассейна. Таким образом, маточные стада этих предприятий могут быть рекомендованы для зарыбления данных речных систем

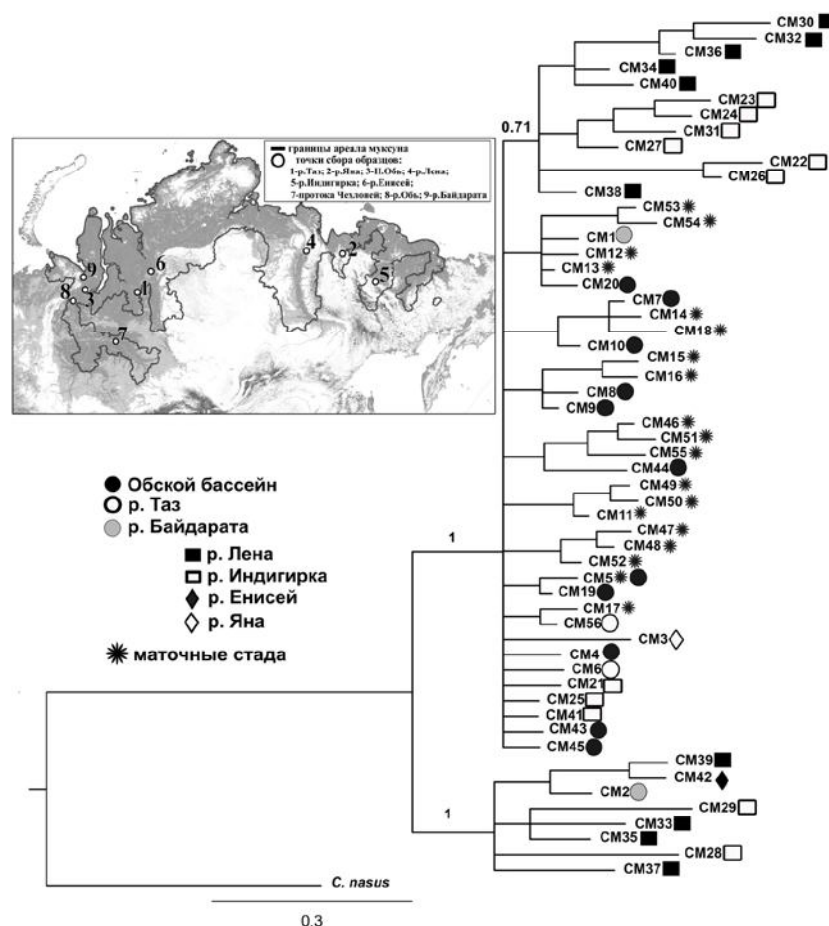


Рис. Ареал муксуна, точки отбора проб и филогенетическое дерево, реконструированное методом Байесова анализа для 56 гаплотипов фрагмента мтДНК (3006 пн), включающего гены *ND1* и *ND2*

Таблица 2

Значение генетических дистанций (d) между популяциями муксуна по генам *ND1* и *ND2* мтДНК (фрагмент длиной 3006 пн)

	Обь-Таз	Лена	Инди-гирка	Байдара-та	Яна	Енисей	СРЗ-1	СРЗ-2	ФРЗ
Обь-Таз		0.274	0.312	0.257	0.231	0.490	0.132	0.184	0.182
Лена	0.044		0.413	0.380	0.377	0.573	0.283	0.344	0.319
Инди-гирка	0.049	0.061		0.344	0.419	0.469	0.320	0.378	0.360
Байдара-та	0.061	0.072	0.063		0.369	0.319	0.252	0.319	0.312
Яна	0.079	0.097	0.093	0.102		0.607	0.242	0.301	0.287
Енисей	0.122	0.120	0.098	0.089	0.152		0.497	0.540	0.546
СРЗ-1	0.032	0.048	0.054	0.059	0.082	0.122		0.188	0.180
СРЗ-2	0.044	0.057	0.056	0.068	0.091	0.122	0.046		0.247
ФРЗ	0.035	0.050	0.056	0.068	0.085	0.128	0.042	0.050	

Примечание: над диагональю – значения $d \times 100$; под диагональю – значения SD ($X100$).

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского Центра освоения Арктики и ООО "Форват".

ЛИТЕРАТУРА

Балдина С.Н., Гордон Н.Ю., Политов Д.В. Генетическая дифференциация муксуна *Coregonus muksun* (Pallas) и родственных видов сиговых рыб (*Coregonidae*, *Salmoniformes*) Сибири по мтДНК // Генетика. 2008. Т. 44. №. 7. С. 896–905.

Politov V.D. Coregonids of Russia: Evolutionary genetic approach in assessment of the current state of biodiversity // Fundam. Appl. Limnol. 2017. Vol. 189/3. P. 181–192.