

Исследование генетического разнообразия белуги (*Huso huso* L., 1758)

Научный руководитель – Барминцева Анна Евгеньевна

Щербакова Виктория Дмитриевна

Студент (магистр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра ихтиологии, Москва, Россия

E-mail: viktoria.shch@mail.ru

Белуга - одна из крупнейших проходных рыб, обитающая в Азовском, Черном и Каспийском морях, совершающая анадромные миграции в реки этих морей. Различные антропогенные факторы (браконьерство, строительство плотин) привели к резкому сокращению численности вида. В настоящее время некоторые популяции находятся на грани исчезновения. Генетическое внутривидовое разнообразие белуги слабо изучено. Предшествующие работы по изучению полиморфизма мтДНК показали наличие 17 гаплотипов [1]. Дифференциация популяций по ядерным маркерам на данный момент не выявлена.

Цель работы - изучение генетического разнообразия белуги на всем ареале по митохондриальным и ядерным маркерам. В анализе мтДНК у 457 особей было обнаружено 96 митохондриальных гаплотипов, из которых 17 гаплотипов являются общими между бассейнами, а 79 уникальными для морей. Наибольшее гаплотипическое разнообразие наблюдается у каспийской белуги, азовская и черноморская имеют меньшее число гаплотипов. Многие азово-черноморские гаплотипы встречаются у большого числа рыб. Это указывает на то, что искусственное восстановление численности происходит при участии ограниченной выборки маточного стада. Четкого разделения сети гаплотипов на различные водные бассейны не наблюдается, что свидетельствует о едином древнем Понто-Каспийском происхождении белуги, и ее дальнейшем расселении.

Анализ 96 особей по 14 микросателлитным локусам не позволил выявить четкой дифференциации между бассейнами. Вероятно, это связано с малой полиморфностью локусов у вида, что может быть следствием медленной эволюционной изменчивости белуги. При анализе выборки были обнаружены особи, имеющие видоспецифичные аллели стерляди, что позволяет предположить, что естественная популяция белуги загрязнена гибридными формами, что также является антропогенным фактором воздействия на естественную популяцию вида.

Полученные результаты необходимо учитывать при проведении мероприятий по искусственному воспроизводству белуги, которые ежегодно проводятся осетровыми рыболовными заводами. Также изучение видоспецифичных маркеров для белуги позволит оградить находящуюся в депрессивном состоянии естественную популяцию от опасного загрязнения гибридными формами [2].

Источники и литература

- 1) Барминцева А.Е., Мюге Н.С. К вопросу о природном полиморфизме митохондриальной ДНК осетровых Понто-Каспийского бассейна // тезисы к научной конференции «Актуальный статус и охрана исчезающих натуральных популяций осетровых рыб», Огонки-Гижицко, 8 - 11 апреля 2014 г. стр.145-151.
- 2) Havelka M. et al. Nuclear DNA markers for identification of Beluga and Sterlet sturgeons and their interspecific Bester hybrid //Scientific reports. – 2017. – Т. 7. – №. 1. – С. 1-8.