

Генетическая эволюция сахалинского тайменя *Parahucho perryi* (Salmonidae) и возможные пути его расселения

В.В. Маляр,¹ Л.А. Скурихина¹, А.Г. Олейник¹, А.Д. Кухлевский^{1,2}, В.А. Брыков^{1,2}

¹ Учреждение Российской академии наук Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского Дальневосточного отделения РАН, Владивосток 690059

² Дальневосточный федеральный университет, кафедра генетики, Владивосток 690600

Сахалинский таймень *Parahuchoperryi* (Brevoort, 1856) – уникальная, относительно редкая рыба, внесенная в Красные книги Сахалинской области, Российской Федерации и Мира. Этот вид занимает узкий, очаговый и неуклонно сокращающийся ареал, включающий западное побережье Японского моря от Татарского пролива до залива Петра Великого, Сахалин, Южные Курильские острова и остров Хоккайдо. Современные представления о необходимости сохранения внутривидового молекулярно-генетического разнообразия в ходе хозяйственного использования рыб способны помочь в выборе стратегии проведения охранно-восстановительных мероприятий. Существует два взгляда исследователей на их проведение: одни предлагают направлять основные усилия по восстановлению популяций только на речные бассейны, представляющие лучшие условия для обитания, другие считают, что необходимо срочно принимать меры для восстановления малочисленных популяций, так как заселение мест обитания этих популяций из других районов не способно принести положительных результатов. Второе мнение подтверждается рядом работ, выявивших консервативность генетических адаптаций локальных стад рыб к конкретной окружающей среде, сформировавшихся на протяжении тысяч поколений и представляется более обоснованным.

В связи с этим, была исследована генетическая изменчивость семи выборок *P. perryi*, общей численностью 56 экземпляров рыб, из водоемов западного и восточного Сахалина и материкового побережья Приморья. Мы провели ПДРФ-анализ гена *Cytb*, контрольного региона (*D-loop*), 1–4 субъединиц надоксид-дегидрогеназы и прямое секвенирование гена *COI* митохондриальной ДНК, как наиболее быстро эволюционирующей части генома. Оба метода выявили внутривидовой полиморфизм исследованных участков существенно более высокий уровень гаплотипического разнообразия *Parahuchoperryi* в сахалинских популяциях (Набильский залив, оз. Айнское) по сравнению с приморскими (реки Тумнин, Максимовка и Киевка) (0.8250 ± 0.11927 и 0.5482 ± 0.23691 соответственно). Уровень нуклеотидного разнообразия сахалинских популяций, на порядок превысил нуклеотидное разнообразие популяций материкового побережья (0.00251 и 0.0003243 соответственно). Тестирование выборок объединенных в группы по принадлежности к

разным регионам (материковое побережье – о. Сахалин) на достоверность генетических различий по частотам гаплотипов с использованием χ^2 и по критерию F_{ST} показало достоверные различия по χ^2 при $p < 0.05$. Наиболее близкими по гаплотипическому составу оказались выборки из оз. Айнское (западное побережье о. Сахалин) и р. Тумнин (северо-восток Приморского края), районов периодически имевших сухопутную связь в плейстоцене. Сахалинские выборки, представляющие западное (оз. Айнское) и восточное (Набильский зал.) побережья о. Сахалин по частотам гаплотипов достоверно различаются.

Генетические различия между популяциями материкового побережья и о. Сахалин подтверждаются также бимодальным распределением числа нуклеотидных замен между гаплотипами. Такое распределение свойственно для конспецифичных представителей пространственно изолированных популяций. При этом значения внутривидовой дивергенции, рассчитанные на основании данных ПДРФ-анализа и секвенирования нуклеотидных последовательностей не превышают 1%.

Количественная оценка величины генетических различий между всеми парами выборок, заключающаяся в разложении общей молекулярной дисперсии частот гаплотипов на иерархические уровни и последующее определение степени генетической дифференциации в рамках выделенной иерархии показала, что большая часть молекулярного разнообразия *P. perryi* связана с генетическим разнообразием внутри выборок. При этом гипотеза разделения ареала на две части не была подтверждена. Причиной неоднозначности результатов проведенных анализов могут свидетельствовать как ошибка выборочности (обусловленная краснокнижным статусом вида), так и сложная картина пространственной генетической дифференциации популяций.

Топологии построенных МР и ВА деревьев и структура генеалогий гаплотипов указывают на то, что все популяции *Parahuchoperryi* произошли от одного общего предка, обитавшего, вероятнее всего, на западном побережье Сахалина. Как известно, наибольшее генетическое разнообразие видов встречается в регионах, расположенных около или в местах предполагаемых предковых рефугиумов. При этом прослеживается тенденция уменьшения разнообразия по мере удаления от рефугиума, что вероятно отражает действие дрейфа генов (эффект основателя и “горлышка бутылки”) в процессе расширения ареала. Оба проведенных нами анализа выявившие более значительную гаплотипическую изменчивость сахалинских популяций по сравнению с приморскими, свидетельствуют о том, что сахалинские популяции *P. perryi* являются более древними.

Таким образом, основываясь на полученных результатах и принимая во внимание особенности формирования бассейна Японского моря и ихтиофауны о. Сахалин, можно

сделать следующие выводы: 1 – сахалинские и приморские популяции *P.perryi* имеют достоверные генетические различия, что безусловно должно учитываться при проведении охранно-восстановительных мероприятий; 2 – сахалинские популяции являются более древними по сравнению с приморскими, и это позволяет предположить, что эволюция вида началась с лагун пологих сахалинских побережий; 3 – расселение популяций вдоль приморского побережья осуществлялось, вероятнее всего, с севера на юг; 4 – расселение *P.perryi* вдоль западного и восточного побережий о. Сахалин обусловлено палеогеологической историей острова и нуждается в дополнительном уточнении; 5 – создание единого банка ДНК сахалинского тайменя или обмен имеющимся материалом между группами исследователей для более полного изучения разными методами может позволить наиболее достоверно выявить пути эволюции этого краснокнижного вида.