

ВНУТРИВИДОВОЙ ПОЛИМОРФИЗМ МТДНК САХАЛИНСКОГО ТАЙМЕНЯ *PARAHUSCHO PERRYI*

Маляр В. В., аспирант

ИБМ ДВО РАН, 690059, г. Владивосток

thebotkininc@gmail.com

Сахалинский таймень *Parahucho perryi* (Brevoort, 1856) – относительно редкая рыба семейства Salmonidae. Единственный вид рода *Parahucho* занимает узкий, очаговый и неуклонно сужающийся ареал, включающий западное побережье Японского моря от Татарского пролива до залива Петра

Великого, Сахалин, Южные Курильские острова и остров Хоккайдо.

Работ по морфологическим и биологическим характеристикам, экологии и поведению *Parahucho perryi* вполне достаточно для того, чтобы получить ясное представление о данном виде и амплитуде внутривидовых колебаний названных признаков. В то же время, генетические данные, освещающие внутривидовую структуру сахалинского тайменя, единичны и отражают, в основном, начальный характер этих исследований. Было показано, что микросателлитные локусы являются надежным маркером для дифференциации его внутривидовых группировок, а внутривидовой полиморфизм мтДНК не был обнаружен.

Принимая во внимание сокращение численности популяций сахалинского тайменя и современные представления о необходимости сохранения внутривидового молекулярно-генетического разнообразия, мы продолжили в настоящей работе исследования мтДНК *Parahucho perryi*, дополнив материал новыми образцами, в том числе выборками с о-ва Сахалин, используя ПДРФ-анализ участков митохондриальных генов *Cytb*, *COI*, контрольного региона (*D-loop*) и 1-4 субъединиц надоксид-дегидрогеназы. Кроме того, был использован метод секвенирования нуклеотидных последовательностей мтДНК. Для секвенирования был выбран участок 1-ой субъединицы цитохром с-оксидазного комплекса *COI*, как одного из генов, хорошо пригодных для установления внутри- и межвидовых родственных отношений и наиболее полно представленный в базах данных нуклеотидных последовательностей.

Исследование внутривидового полиморфизма сахалинского тайменя *Parahucho perryi*, проведенное двумя разными методами, выявило статистически значимую генетическую дифференциацию популяций материкового побережья Японского моря, западного и восточного побережий острова Сахалин. По данным ПДРФ-анализа средние значения гаплотипического и нуклеотидного разнообразия составляют $0,6589 \pm 0,18985$ и $0,0011986$ соответственно. Секвенирование

гена *COI* показало, что популяция Набильского залива характеризуется уникальным набором гаплотипов: четыре особи из пяти имеют гаплотипы, не обнаруженные в выборках из других популяций. Наиболее изменчивой является популяция о. Айнского, где встречаются четыре гаплотипа из шести. Оценки дивергенции нуклеотидных последовательностей гена *COI* между группами особей сахалинского тайменя не превышают 1,0%.

Более высокий уровень гаплотипического разнообразия сахалинских популяций по сравнению с приморскими и структура генеалогий гаплотипов указывают на то, что все популяции *Parahucho perryi* произошли от одного общего предка, обитавшего, вероятнее всего, на западном побережье Сахалина.

Полученные генетические данные будут полезны для разработки стратегии сохранения вида.

ОПЫТ ВЫРАЩИВАНИЯ БОКОПЛАВОВ *LACUSTOGAMMARUS LOCUSTOIDES* В ИСКУССТВЕННЫХ УСЛОВИЯХ

Манькова Д. А., Соловьёва М. А., Шляхтина К. К.,
учащиеся; Мамаева Г. Н., учитель

ООШ № 6, 683004, г. Петропавловск-Камчатский
Mamaeva-pk@yandex.ru, school6_pkgo_41@mail.ru

Lacustogammarus locustoides (Brandt, 1851) – бореальный широко распространённый вид прибрежных бокоплавов из семейства Anisogammaridae (видовое название определено кандидатом биологических наук Седовой Н. А.). Распространен данный вид вдоль всего побережья Тихого океана, от зал. Петра Великого до северной Америки на юг до о-ва Ванкувер. Обитает на различных горизонтах литорали. Рачки длиной 2-3 см переносят резкие колебания различных абиотических факторов. В отлив бокоплавов могут выдерживать понижение солености до 10‰.

Широко известно кормовое значение бокоплавов для рыб. Они служат рыболовам-любителям прекрасной наживкой. В