

Новые данные по рестриktionному анализу мтДНК популяций байкальского омуля *Coregonus autumnalis migratorius* (Georgi)

Л. В. СУХАНОВА, В. В. СМЕРНОВ, Н. С. СМЕРНОВА-ЗАЛУМИ, С. В. КИРИЛЬЧИК

Лимнологический институт СО РАН
664033 Иркутск, п/я 4199, ул. Улан-Баторская, 3

АННОТАЦИЯ

Методом рестриktionного анализа мтДНК выявлена генетическая обособленность морфологически идентичных омулей, размножающихся в двух реках Северной котловины оз. Байкал. Эти реки при впадении в Байкал образуют в современный период единую систему. Популяции придонно-глубоководного омуля, размножающиеся в притоках Южной и Средней котловин озера, генетически более близки. Полученные результаты согласуются с экологическими особенностями популяций байкальского омуля.

ВВЕДЕНИЕ

Популяционная структура байкальского омуля сложилась в ультраглубоководном водоеме в результате репродуктивной изоляции по нерестовым рекам [1–3] и адаптации групп особей к условиям различных биотопов пелагиали оз. Байкал [4–7]. Сделанный ранее рестриktionный анализ мтДНК трех наиболее многочисленных популяций байкальского омуля (пелагической селенгинской, придонно-глубоководной посольской и прибрежно-пелагической северобайкальской) не выявил существенных генетических различий между ними [8]. Однако полученная информация о дивергенции митохондриальных геномов и их встречаемости в популяциях при сопоставлении с экологическими факторами формирования внутривидовой структуры байкальского омуля позволила сделать предположения о недавнем появлении омуля в Байкале, монофилетичности популяций и близости прибрежно-пелагической северобайкальской популяции к исходной предко-

вой. Наименее полиморфной оказалась многочисленная, практически полностью переведенная на искусственное воспроизводство придонно-глубоководная посольская популяция. Цель настоящей работы – дальнейшее исследование популяции байкальского омуля методом рестриktionного анализа мтДНК.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Омуль чивыркуйской популяции (27 рыб) пойман 26–30 сентября 1995 г. в р. Малый Чивыркуй.

Митохондриальную ДНК выделяли методом дифференциального центрифугирования [9]. Для рестриktionного анализа использовали десять эндонуклеаз рестрикции: Kpn2I, Pvu2, XbaI, Cfr9I, PstI, HpaI, SfeI, Eco130I, Eco47I, Cfr13I. Фрагменты рестрикции мтДНК фракционировали электрофорезом в 0,8–2,0 % агарозном геле [10]. ДНК визуализировали окрашиванием бромистым этидием.

Внутри- и межпопуляционные вероятности идентичности двух случайно выбранных митохондриальных геномов омуля (по данным о рестрикционных фрагментах мтДНК)

Популяция	Селенгинская	Посольская	Чивыркуйская	С/байкальская (р. В. Ангара)	С/байкальская (р. Кичера)
Селенгинская	0,739	0,717	0,715	0,633	0,646
Посольская		0,827	0,822	0,684	0,695
Чивыркуйская			0,864	0,720	0,725
С/байкальская (р. В. Ангара)				0,719	0,668
С/байкальская (р. Кичера)					0,712

Генетические дистанции между популяциями определяли исходя из значений внутри- и межпопуляционной вероятности идентичности рестрикционных фрагментов мтДНК [11]. Для построения филогенетической схемы использовали программу FITCH из пакета программ PHYLIP [12].

РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Новыми в работе являются данные, полученные при рестрикционном анализе мтДНК придонно-глубоководной чивыркуйской популяции байкальского омуля, размножающейся в притоках Чивыркуйского залива (р. Малый Чивыркуй). Кроме того, материал по морфологически однородному [7] прибрежно-пелагическому северобайкальскому омулю разделен в данном анализе на две группы: 1) особи, отлов-

ленные в р. Кичера, и 2) особи, отловленные в р. В. Ангаре. Эти реки являются близко расположенными притоками Северного Байкала, соединенными в устьях протокой Ангаракан (рис. 1, а).

Для чивыркуйской популяции, как и для трех исследованных ранее популяций [8], характерно наличие одного доминирующего гаплотипа № 1 и нескольких редких (рис. 2), что говорит о монофилетичном происхождении популяций байкальского омуля. Наибольшее количество общих гаплотипов выявлено между чивыркуйской и посольской популяциями. Определены внутри- и межпопуляционные вероятности идентичности рестрикционных фрагментов мтДНК (см. таблицу). На их основе вычислены генетические дистанции между популяциями и построена бескорневая дендрограмма (рис. 1, б). При подсчете дистанций "внут-

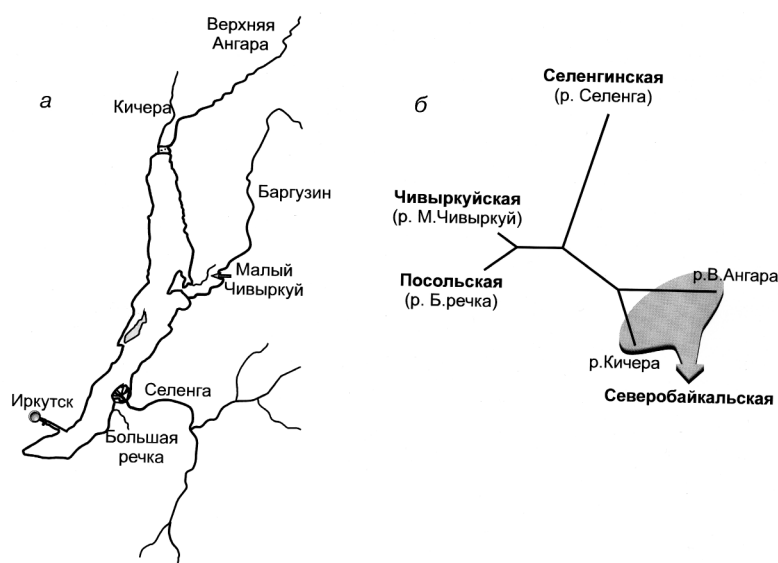


Рис. 1. Схематическая карта оз. Байкал (а): бескорневая FITCH дендрограмма генетических дистанций между популяциями байкальского омуля, вычисленных на основании значений внутри- и межпопуляционной вероятности идентичности рестрикционных фрагментов мтДНК [11] (б).

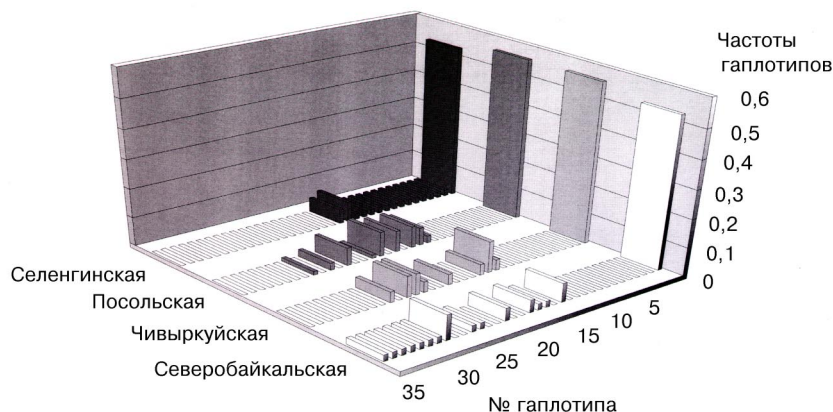


Рис. 2. Распределение гаплотипов мтДНК в популяциях байкальского омуля.

рипопуляционные группы" омуля северобайкальской популяции, размножающиеся в реках В. Ангара и Кичера, оказались более дистантными, чем чивыркуйская и посольская популяции, нерестящиеся в притоках Средней (р. М. Чивыркуй) и Южной (р. Б. Речка) котловин Байкала (см. рис. 1, а). Занимая одну экологическую нишу (прибрежная зона Байкала), определяющую их морфологическое сходство, кичерский и верхнеангарский омули имеют разный нагульный ареал, различные пути нерестовых миграций в Байкале и, соответственно, разные сроки захода на нерест в реки [13]. Во второй половине сентября в р. В. Ангара заходят нерестовые косяки, сформированные в Южном и Среднем Байкале. А в первой половине октября в р. Кичера мигрирует омуль из Северной котловины [3]. Таким образом, интенсивность обмена генами между кичерским и верхнеангарским омулем ограничивается не только пространственной обособленностью нерестилищ, но и сдвигом во времени нерестового хода. Меньший уровень полиморфизма мтДНК у придонно-глубоководного посольского и чивыркуйского омуля (см. таблицу), а также их близость между собой (рис. 2, б) согласуются с экологической схемой микроэволюции омуля в Байкале [7, 14]. По этой схеме внутривидовая дифференциация омуля шла по пути освоения новых экологических ниш, появившихся с увеличением глубины озера, т. е. наиболее специализированные популяции, освоившие склоновую область ультраглубоководного водоема, могли обособиться позднее.

Более того, становление их численности, достаточной для существования самостоятельных популяций, тесно связано с наличием современной прибрежно-соровой зоны озера [15], формирующейся и по сей день [16, 17]. Частью этой зоны является Чивыркуйский залив с сором Рангатуй и Посольский сор – зоны нагула личинок и мальков чивыркуйской и посольской популяций. Однако существует и другая точка зрения, согласно которой близость придонно-глубоководных популяций омуля может быть обусловлена влиянием искусственного разведения, не учитывающего естественной структуры вида [18].

Таким образом, методом рестрикционного анализа мтДНК выявлена генетическая обособленность морфологически идентичных омулей, размножающихся в двух реках (Кичера и В. Ангара). Эти реки при впадении в Байкал образуют в современный период единую систему. Однако популяции придонно-глубоководного омуля, размножающиеся в притоках Южной и Средней котловин озера, генетически более близки. Полученные результаты не противоречат предположению В. В. Смирнова [7] о том, что внутривидовая дифференциация байкальского омуля связана с освоением глубин Байкала.

Работа выполнена при поддержке КО 788 ФЦП "Интеграция".

ЛИТЕРАТУРА

1. Д. Н. Галиев, *Труды Зоол. ин-та АН СССР*, 1941, 6:4, 68–69.

2. К. И. Мишарин, Рыбы и рыбное хозяйство в бассейне оз. Байкал, Иркутск, 1958, 130–287.
3. Ф. Б. Мухомедияров, *Изв. БГНИИ при Иркутском госуниверситете*, 1942, 3–4, 35–96.
4. В. В. Смирнов, *Вопр. ихтиологии*, 1969, 56, 508–515.
5. В. В. Смирнов, Зоологические исследования Сибири и Дальнего Востока, Владивосток, 1974, 145–152.
6. Н. С. Смирнова-Залуми, В. В. Смирнов, Круговорот вещества и энергии в озерах и водохранилищах, Листвничное-на-Байкале, 1973, 2, 92–95.
7. V. V. Smirnov, *Polish Archives of Hydrobiology*, 1992, XXXIX, 3–4, 325–333.
8. Л. В. Суханова, В. В. Смирнов, Н. С. Смирнова-Залуми и др., *Вопр. ихтиологии*, 1996, 667–673.
9. C. S. Jones, H. Tegelstrom, D. S. Latchman and R. J. Berry, *Biochem. Genet.*, 1988, 26, 83–88.
10. J. Sambrook, E. F. Fritsch and T. Maniatis, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. Cold Spring Harbor Laboratory, CSH, NY, 1989, 1626.
11. N. Takahata, S. R. Palumbi, *Genetics*, 1985, 109, 441–457.
12. J. Felsenstein, PHILIP (Phylogeny Inference Package) version 3.5.c. Department of Genetics, University of Washington, Seattle, 1993.
13. В.В. Смирнов, А.М.Щербаков, А.В. Воронов, Проблемы экологии Прибайкалья, Иркутск, 1988, 144–145.
14. В. В. Смирнов, Автореф. дис. ... д-ра биол. наук, Екатеринбург, 1997.
15. Ж. А. Черняев, Воспроизводство байкальского омуля, М., Легкая и пищевая пром-сть, 1982.
16. В. В. Ламакин, Неотектоника байкальской впадины, М., Наука, 1968, 248.
17. Б. Ф. Лут, Геоморфология Прибайкалья и впадины озера Байкал, Новосибирск, Наука, Сиб. отд-ние, 1978, 214.
18. А. М. Мамонтов, V. M. Yakhnenko, *Arch. Hydrobiol. Spec. Issues Advanc. Limnol.* 1998, 50, 375–381.

New Data on Genetic Structure of the Baikal Omul *Coregonus autumnalis migratorius* (Georgi)

L. V. SUKHANOVA, V. V. SMIRNOV, N. S. SMIRNOVA-ZALUMI, S. V. KIRILCHIK

By means of mtDNA restriction analysis, genetic isolation of morphologically identical omuls reproducing in two rivers of the Northern hollow of Lake Baikal was detected. These rivers at their confluence with Baikal form nowadays an integrated system. Populations of benthic-deep water omul that reproduce in tributaries of the Northern and the Middle hollows of the lake are genetically closer to each other. The results obtained are in accordance with the ecological peculiarities of the Baikal omul populations.