

С. П. Пустовойт

Нуклеотидное разнообразие фрагмента гена цитохромоксидазы субъединицы 1 митохондриальной ДНК в популяциях нерки (*Oncorhynchus Nerka*)

Аннотация.

Цель: проанализировать нуклеотидное разнообразие фрагмента гена цитохромоксидазы субъединицы 1 мт ДНК в азиатских и американских популяциях нерки.

Материалы и методы. Материалом для анализа являются нуклеотидные последовательности как полученные автором для популяции нерки р. Ола, так и для ряда азиатских и американских популяций нерки, размещенные в Генетическом Банке (www.ncbi.nlm.nih.gov). Проанализировано 139 секвенсов, унифицированное количество нуклеотидов – 640. Статистические параметры следующие: p_s – доля полиморфных сайтов, θ – доля полиморфных сайтов с учетом числа сайтов (i) p_s/a_i , $a_i = 1/\sum 1/i$, $= 1/1 + 1/2 + 1/3 + \dots + 1/i$, π_T – нуклеотидное разнообразие, π_s – среднее нуклеотидное разнообразие внутри популяции, δ_{ST} – межпопуляционное нуклеотидное разнообразие, NST – коэффициент нуклеотидной дифференциации $N_{ST} = \delta_{ST}/\pi_T$. Дендрограмма построена по величинам так называемых p -дистанций, метод кластеризации UPGMA.

Результаты. Нуклеотидное разнообразие нерки р. Ола ($\pi_T = 0,00505$ ($s=0,000080$)) оказалось несколько выше чем в американских популяциях ($\pi_T = 0,00403$ ($s=0,000002$)). Коэффициент нуклеотидной дифференциации N_{ST} и количество полиморфных сайтов в азиатских популяциях выше, чем в американских. Благодаря этому обнаружен более высокий уровень нуклеотидного разнообразия в азиатских популяциях нерки ($0,00504$ ($s=0,000004$)), чем в североамериканских ($0,00403$ ($s=0,000002$)). Нуклеотидные последовательности всех особей делятся на 2 группы. Особи данных группировок не имеют территориальной привязанности, т.е. отмечены как в азиатских, так и в американских популяциях. Наиболее вероятно, что указанные группировки сформировались в результате позднеплейстоценовых колебаний климата и связанных с этим наличие 2 рефугиумов на азиатском побережье – реки северного побережья Охотского моря и реки п-ва Камчатка. Для американских популяций нерки также предполагается существование в период похолодания климата двух рефугиумов, один в районе п-ва Аляски, второй в районе острова Ванкувер. Практически все крупные популяции нерки находятся под влиянием промысла и во многих случаях искусственного разведения. Для надежного различения заводской рыбы, разводимой на рыбоводных заводах, от нерки, воспроизводящейся в природных нерестилищах, можно использовать характерную нуклеотидную последовательность гена цитохромоксидазы мтДНК.

Ключевые слова: нерка, искусственное разведение, цитохромоксидаза мтДНК, Охотское море.

Автор:

Пустовойт С. П. — кандидат биологических наук; e-mail: kafbio@svgu.ru; Северо-Восточный государственный университет; 685000, Россия, Магадан, ул. Портовая, 13.

Введение. Нерка или красная (*Oncorhynchus nerka* (Walbaum)) – важнейший объект не только промысла, но и искусственного разведения на рыбоводных заводах на азиатском и американском побережьях Тихого океана. На северном побережье Охотского моря промысловые популяции нерки приурочены к рекам Охота и Ола. Река Ола среди прочих рек Тауйской губы находится наиболее близко к областному центру (г. Магадан), поэтому промысел в этой реке в первую очередь обеспечивает свежей рыбной продукцией жителей города. Для увеличения численности тихоокеанских лососей (горбуша, кета и нерка) в р. Ола их искусственно разводят на Ольском рыбноводном заводе (Ольская ЭПАБ). Промысловая популяция нерки р. Ола регулярно исследуется ихтиологами [1, 2] и ге-

нетиками [3–5]. На примере нерки данной популяции разработана методика сбора и инкубации икры на рыбноводном заводе [6].

В последнее время генетический мониторинг популяций нерки проводится с использованием некоторых генов митохондриальной ДНК (мтДНК). Геном митохондрий животных содержит 22 гена, из них 13 генов, кодирующих белки дыхательных комплексов – цитохром b, три субъединицы цитохромоксидазы, одна из субъединиц АТФазы, семь субъединиц NADH-дегидрогеназы [7]. Из 13 генов мтДНК, кодирующих белки, в генетических исследованиях рыб наиболее часто используются цитохромоксидаза субъединицы 1 и цитохром b. Ген цитохромоксидазы рассматривался как видоспецифичный маркер, позволяющий дифференцировать виды [8, 9], поэтому для дан-

ного гена накоплено наибольшее количество информации по сравнению с прочими (в том числе и с геном цитохром b). Нуклеотидные последовательности генов мтДНК рыб размещены как на специализированном сайте по ДНК штрих-кодированию живых систем (BOLD, www.boldsystems.org), так и на сайте Национального Центра Биотехнологической Информации (NCBI, www.ncbi.nlm.nih.gov). Имеющаяся информация о нуклеотидных последовательностях генов мтДНК промысловых рыб имеет не только фундаментальное, но и прикладное значение [9].

Цель исследований — проанализировать нуклеотидное разнообразие фрагмента гена цитохромоксидазы субъединицы 1 мт ДНК в азиатских и американских популяциях нерки.

Материалы и методы. Материалом для анализа являются нуклеотидные последовательности (секвенсы) из ряда азиатских и американских популяций нерки, размещенные в Генетическом Банке. Секвенсы, обозначенные буквенными кодами как SSNA .../FJ ... (первый код — авторское обозначения, второй — из генетического банка) получены у особей, отловленных в популяциях п-ва Аляска [14], N .../KF(KP)... — популяции

азиатского побережья России, ONOL... — популяция р. Ола (частично опубликованы в статье [5], все прочие из популяций ряда североамериканских рек тихоокеанского побережья. Проанализировано 139 секвенсов, унифицированное количество нуклеотидов — 640.

Статистические параметры следующие: p_s — доля полиморфных сайтов, θ — доля полиморфных сайтов с учетом числа сайтов (i) p_s/a_1 , $a_1 = 1/\sum 1/i$, $= 1/1 + 1/2 + 1/3 + \dots + 1/i$, π_T — нуклеотидное разнообразие, π_s — среднее нуклеотидное разнообразие внутри популяции, δ_{ST} — межпопуляционное нуклеотидное разнообразие, N_{ST} — коэффициент нуклеотидной дифференциации $N_{ST} = \delta_{ST} / \pi_T$. Дендрограмма построена по величинам так называемых r -дистанций, метод кластеризации UPGMA. Формулы приведены в монографии Ней, Кумар [10], а также рассмотрены в статье Ю. Ф. Картавцева [11]. Вычисления выполнены при помощи программ MEGA 11 [12] и DnaSP [13].

Результаты и обсуждение. 139 особей распределяются в 22 гаплотипические группировки (табл. 1). Гаплотип 1 (*Hap1*) содержит 2 особи: (SSNA240-08/FJ999179, SSNA237-08/FJ999173).

Таблица 1. Гаплотипы гена цитохромоксидазы субъединицы 1 мт ДНК нерки. Обозначение нуклеотидов: А — аденин, G — гуанин, С — цитозин, Т — тимин.

№	Гаплотипы	№52	№94	№108	№115	№156	№159	№171	№177	№198	№222	№231	№354	№480	№526	№529	№535	№537	№543	№558	№624	№630
1	<i>Hap1</i>	С	G	T	A	T	A	С	A	С	G	A	T	G	С	С	С	T	A	A	A	G
2	<i>Hap2</i>	-	-	-	-	С	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
3	<i>Hap3</i>	-	-	-	-	С	-	-	-	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
4	<i>Hap4</i>	-	-	-	-	С	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	-	-	-
5	<i>Hap5</i>	-	-	-	-	С	G	-	-	T	-	-	-	-	-	-	-	С	С	-	T	-
6	<i>Hap6</i>	-	-	-	-	-	G	-	G	T	-	-	-	-	-	-	-	С	С	-	T	-
7	<i>Hap7</i>	-	-	-	-	-	G	-	-	T	-	-	-	-	-	-	-	С	С	-	T	-
8	<i>Hap8</i>	-	-	-	-	С	G	-	-	T	-	-	-	-	-	-	-	С	С	-	T	-
9	<i>Hap9</i>	-	-	-	G	С	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	<i>Hap10</i>	T	-	-	-	С	-	-	-	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11	<i>Hap11</i>	-	-	С	-	С	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
12	<i>Hap12</i>	-	-	-	-	С	G	-	-	T	A	-	-	-	-	-	-	С	С	G	T	-
13	<i>Hap13</i>	-	-	-	-	С	G	-	-	T	-	-	A	-	-	-	-	С	С	-	T	-
14	<i>Hap14</i>	-	A	-	-	С	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
15	<i>Hap15</i>	-	-	-	-	С	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A
16	<i>Hap16</i>	-	-	-	-	С	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	-
17	<i>Hap17</i>	-	-	-	-	С	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-
18	<i>Hap18</i>	-	-	-	-	С	G	-	-	T	A	-	-	-	-	-	-	С	С	-	T	-
19	<i>Hap19</i>	-	-	-	-	С	G	-	-	T	-	С	-	-	-	-	-	С	С	-	T	-
20	<i>Hap20</i>	-	-	-	-	С	G	G	-	T	-	С	-	-	-	-	-	С	С	-	T	-
21	<i>Hap21</i>	-	-	-	-	С	G	-	-	T	-	С	-	-	-	-	-	С	С	-	-	-
22	<i>Hap22</i>	-	-	-	-	С	-	-	-	-	-	-	-	-	T	A	A	-	-	-	-	-

Hap2: 47 особей (SSNA239-08/J999180, SSNA235-08/FJ999176, SSNA234-08/FJ999177, SSNA233-08/FJ999178, SSNA232-08/FJ999174, SSNA231-08/FJ999172, SSNA375-08/FJ999189, SSNA374-08/FJ999190, SSNA373-08/FJ999191, SSNA371-08/FJ999186, SSNA367-08/FJ999183, SSNA108-08/FJ999223, SSNA106-08/FJ999210, SSNA105-08/FJ999221, SSNA118-08/FJ999225, SSNA115-08/FJ999227, SSNA114-08/FJ999228, SSNA100-08/FJ999214, SSNA097-08/FJ999217, SSNA096-08/FJ999215, SSNA093-08/FJ999208, SSNA091-08/FJ999207, MOBIL1897-16, UCFMS014-14/MOBIL2069-16, GBGCA3704-13, N26/979441, N23/KM051535, N15/KF278769, N14/KF278768, N11/KF278765, N1/KF278755, ONOL214, ONOL514, ONOL120, ONOL220, ONOL420, ONOL620, ONOL720, ONOL820, ONOL920, ONOL321, ONOL421, ONOL521, ONOL621, ONOL721, ONOL821). *Hap3*: 20 особей (SSNA238-08/FJ999171, SSNA236-

08/FJ999175, SSNA372-08/FJ999184, SSNA370-08/FJ999187, SSNA368-08/FJ999185, SSNA366-08/FJ999182, SSNA107-08/FJ999233, SSNA1065-08/FJ999168, SSNA087-08/FJ999203, SSNA086-08/FJ999205, SSNA084-08/FJ999202, SSNA082-08/FJ999204, SSNA113-08/FJ999229, MOBIL3836-17, BCF451-07, FNAK309-21, MOBIL3669-17, FNAK171-19, N16/KF278770, N13/KF278767). *Hap4*: 1 особь (SSNA369-08/FJ999188). *Hap5*: 44 особи (SSNA110-08/FJ999193, SSNA109-08/FJ999222, SSNA104-08/FJ999211, SSNA103-08/FJ999220, SSNA101-08/FJ999213, SSNA088-08/FJ999201, SSNA085-08/FJ999206, SSNA1066-08/FJ999167, SSNA119-08/FJ999232, SSNA117-08/FJ999226, SSNA116-08/FJ999230, SSNA112-08/FJ999224, SSNA099-08/FJ999218, SSNA098-08/FJ999219, SSNA095-08/FJ999216, SSNA094-08/FJ999197, SSNA092-08/FJ999209, MOBIL1703-16, BCF447-07, BCF449-07, MOBIL3717-17, GBGCA3705-13,

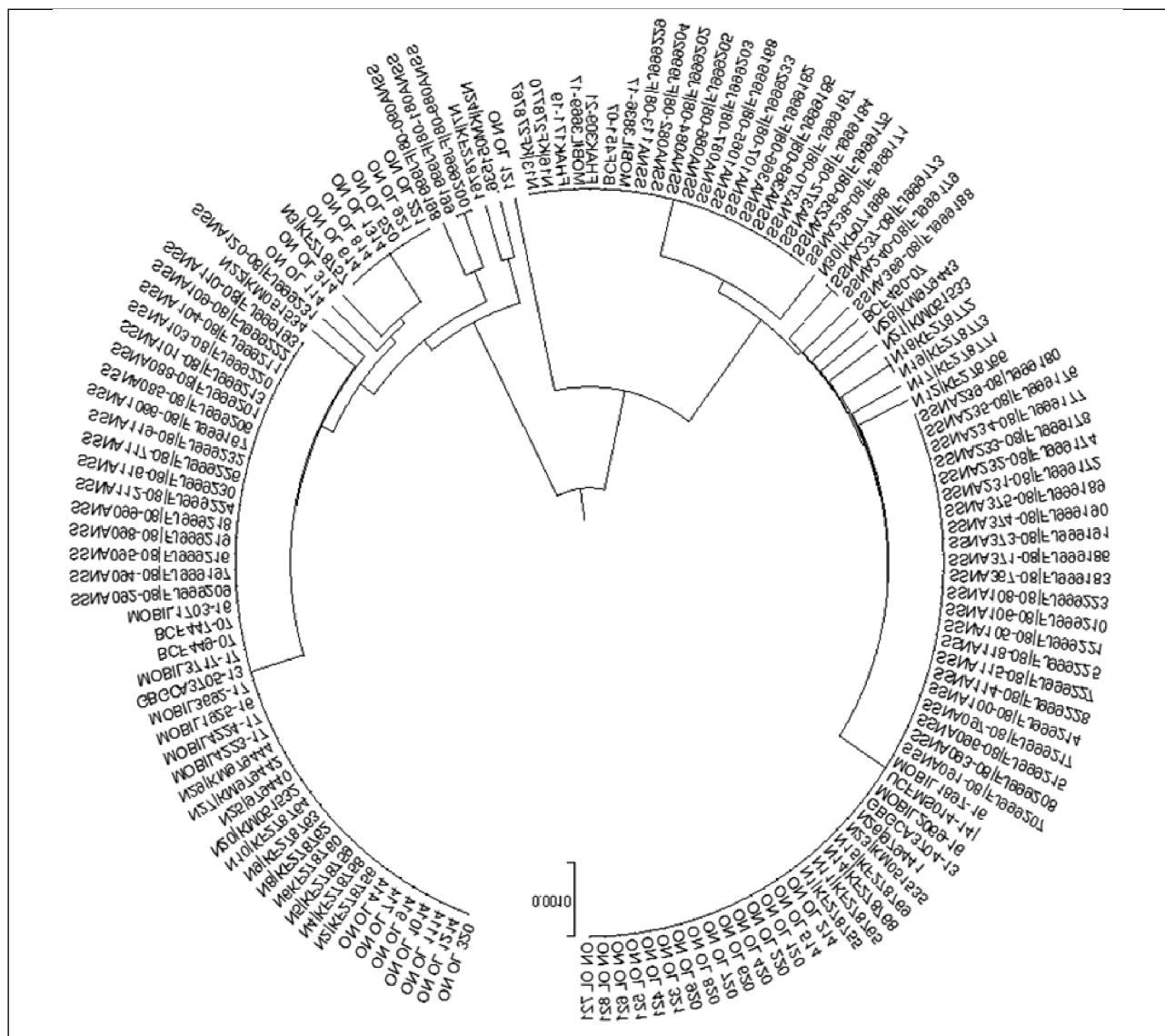


Рис. 1. Круговая дендрограмма, построенная по величинам *p*-расстояний, вычисленных по нуклеотидным последовательностям гена цитохромоксидаза субъединица 1 мт ДНК нерки

MOBIL3692-17, MOBIL1925-16, MOBIL4224-17, MOBIL4223-17, N29/KM979444, N27/KM979442, N25/979440, N20/KM051532, N10/KF278764, N9/KF278763, N8/KF278762, N6/KF278760, N5/KF278759, N4/KF278758, N2/KF278756, ONOL414 ONOL714, ONOL914, ONOL1014, ONOL1114, ONOL1214, ONOL320). *Hap6*: 1 особь (SSNA090-08/FJ999198). *Hap7*: 2 особи (SSNA089-08/FJ999200, SSNA081-08/FJ999199). *Hap8*: 1 особь (SSNA120-08/FJ999231). *Hap9*: 1 особь (BCF450-07). *Hap10*: 1 особь (N30/KP071998). *Hap11*: 1 особь (N28/KM979443). *Hap12*: 1 особь (N24/KM051536). *Hap13*: 1 особь (N22/KM051534). *Hap14*: 1 особь (N21/KM051533). *Hap15*: 2 особи (N19/KF278773, N18/KF278772). *Hap16*: 1 особь (N17/KF278771). *Hap17*: 1 особь (N12/KF278766). *Hap18*: 1 особь (N7/KF278761). *Hap19*: 7 особей (N3/KF278757, ONOL614, ONOL814, ONOL1314, ONOL520, ONOL221, ONOL921). *Hap20*: 1 особь (ONOL114). *Hap21*: 1 особь (ONOL314). *Hap22*: 1 особь (ONOL121).

Среди 21 полиморфного сайта обнаружено синглетонно вариабельных сайта (singleton variable sites) — 12, из них с 2 вариантами сайты с номерами № 52, № 94, № 108, № 115, № 171, № 177, № 354, № 480, № 526, № 529, № 535, № 558. Парсимонично информативные сайты (parsimony informative sites) — 9, из них с 2 вариантами 8 сайтов: № 156, № 159, № 198, № 222, № 231, № 537, № 624, № 630, с 3 вариантами 1 сайт: № 543. Парсимонично информативные сайты позволяют формировать структуру дендрограммы с так называемой максимальной парсимонией (maximum parsimony), т.е. максимально однозначно с определением

анцестральных сайтов, синглетонно информативные сайты позволяют предполагать дендрограммы с разной топологией.

Коэффициент нуклеотидной дифференциации N_{ST} и количество полиморфных сайтов в азиатских популяциях выше, чем в американских (табл. 2). Благодаря этому обнаружен более высокий уровень нуклеотидного разнообразия в азиатских популяциях нерки ($0,00504$ ($s=0,000004$)), чем в североамериканских ($0,00403$ ($s=0,000002$)).

Нуклеотидные последовательности всех особей делятся на 2 группы (рис. 1). Первая группа имеет базовую нуклеотидную последовательность, обозначенную SSNA239-08/J999180 (правая ветвь дендрограммы), возникновение отличных от него секвенсов можно объяснить точковыми мутациями (транзиции и трансверсии). Наибольшее число мутаций (особенно в малополиморфных сайтах) отмечено для особи нерки р. Ола, отловленной в 2021 г (ONOL121), что определило ее максимальное отличие от прочих особей из правой ветви дендрограммы и выделение ее в отдельный гаплотип (*Hap 22*). Вторая группа особей основывается на нуклеотидной последовательности, имеющей обозначение SSNA110-08/FJ999193. Как и в предыдущем случае есть две особи (N7IKF278761, N24IKM051536 — неольские азиатские популяции) отличающиеся от прочих в силу накопления большого числа мутаций. Особи из обеих группировок не имеют территориальной привязанности, т.е. отловлены как из азиатских, так и из американских популяций. Кроме того, образование таких кластеров не связано с нуклеотидными различиями у особей разных рас поскольку особи нерки Ольской популяции по времени хода относятся к рыбам весенней расы.

Таблица 2. Нуклеотидное разнообразие популяций нерки.

Выборки	Кол-во выб.	Кол-во нукл	m	s	ps	θ	π_T (ош-ка)	π_s	δ_{ST}	N_{ST} , %
р. Ола	3		31	11	0,01688	0,00422	0,00505 (0,00008)	-	-	-
Азиатские популяции (без р. Ола)	4	1551	30	31	0,01999	0,00505	0,00437 (0,000018)	0,00106	0,00331	75,72
р. Ола + азиатские популяции	7	552	61	19	0,02914	0,00622	0,00504 (0,000004)	0,00322	0,00181	36,04
Северная Америка (Аляска)	4	644	59	7	0,01087	0,00234	0,00398 (0,000004)	0,00287	0,01111	27,91
Канада	2	646	19	6	0,00929	0,00266	0,00406 (0,000018)			
Северная Америка + Канада	6	640	78	8	0,0125	0,00254	0,00403 (0,000002)	-	-	-
Все выборки	13	640	139	21	0,03281	0,00596	0,00452 (0,000001)	-	-	-

Наиболее вероятно, что указанные группировки особей сформировались в результате позднелейстоценовых колебаний климата — в периоды похолоданий некоторые нерестовые реки североокеанского побережья покрывались льдом, и в них не могли воспроизводиться популяции нерки. Реки, сохранившиеся в периоды похолоданий климата, являлись рефугиумами. Проведенный нами ранее геногеографический анализ аллозимных генов позволил предположить наличие 2 рефугиумов на азиатском побережье: реки северного побережья Охотского моря (Охота, Ола) и реки п-ва Камчатка (Камчатка, Озерная) [14]. Особи, воспроизводящиеся в указанных рефугиумах, приобрели генетические отличия за период временной изоляции. Потепление климата привело к расселению нерки в соседние реки, в которых появились необходимые для нереста нерки условия. Наличие в популяции р. Ола особей из обеих группировок объясняется попаданием в эту реку особей из обоих рефугиумов. Наличие в Ольской популяции особей из указанных выше группировок объясняет самый высокий уровень нуклеотидного разнообразия данной популяции среди прочих (0,00505 ($s=0,000080$)). Для американских популяций нерки также предполагается существование в период похолодания климата двух рефугиумов, один в районе п-ва Аляски, второй в районе острова Ванкувер [15]. Учитывая более высокую численность американских популяций, можно предположить проникновение особей, размножавшихся в реках п-ва Аляски, в азиатские (скорее всего в чукотские) популяции.

Практически все крупные популяции нерки находятся под влиянием промысла и во многих случаях искусственного разведения. Исследованная нами Ольская популяция нерки уже долгое время частично воспроизводится искусственным путем на Ольской ЭПАБ. Несмотря на увеличение численности данной популяции [6], до сих пор не известно, какова доля заводской рыбы, выросшей из инкубированной на Ольской ЭПАБ икры, в составе особей, заходящих на нерест в р. Ола. Следовательно, нет объективных оценок успешности искусственного разведения на Ольской ЭПАБ. Для надежного различения заводской рыбы от воспроизводящейся в природных

нерестилищах необходимая надежная метка. Таковой меткой могла бы быть определенная нуклеотидная последовательность исследованного нами гена мтДНК, поскольку митохондриальные гены наследуются в составе генома митохондрий только в линии самок. В качестве метки можно рекомендовать нуклеотидные последовательности, выявленные у особей, зашедших на нерест в 2014 г., поскольку у этих особей нуклеотидные последовательности наиболее отличны от таковых среди прочих азиатских популяций. Для выполнения указанной задачи необходимо наладить определение нуклеотидных последовательностей у самок до получения икры, икру для инкубации на рыбозаводе следует использовать только от самок с подходящими генетическими особенностями мтДНК. Описанная селекция, возможно, приведет к снижению нуклеотидного разнообразия Ольской нерки, но, по нашему мнению, это существенно не скажется на размерно-весовых параметрах рыбы.

Заключение. В результате проведенных исследований установлено:

1. Нуклеотидное разнообразие нерки р. Ола ($\pi_T = 0,00505$ ($s=0,000080$)) оказалось несколько выше, чем в американских популяциях ($\pi_T = 0,00403$ ($s=0,000002$)).
2. Коэффициент нуклеотидной дифференциации N_{ST} и количество полиморфных сайтов в азиатских популяциях выше, чем в американских. Благодаря этому обнаружен более высокий уровень нуклеотидного разнообразия в азиатских популяциях нерки (0,00504 ($s=0,000004$)), чем в североамериканских (0,00403 ($s=0,000002$)).
3. Нуклеотидные последовательности всех особей делятся на 2 группы. Особи данных группировок не имеют территориальной привязанности, т.е. отмечены как в азиатских, так и в американских популяциях. Наиболее вероятно, что указанные группировки сформировались в результате позднелейстоценовых колебаний климата.
4. Для надежного различения заводской рыбы, разводимой на рыбозаводах, от нерки, воспроизводящейся в природных нерестилищах, можно использовать характерную нуклеотидную последовательность гена цитохромоксидазы мтДНК.

Литература

1. Волобуев В. В. Нерка *Oncorhynchus nerka* (Walbaum) северо-восточной части материкового побережья Охотского моря / В. В. Волобуев, М. Н. Горохов, И. С. Голованов, Л. Т. Хованская, А. В. Ямборко // Вестник Камчатского государственного технического университета. — 2019. — № 48. — С. 49–58.
2. Марченко С. Л. Нерка *Oncorhynchus nerka* (Salmoniformes, Salmonidae) материкового побережья Охотского моря / С. Л. Марченко // Вопросы рыболовства. — 2022. — Т. 23. — №3. — С. 102–121.

3. Пустовойт С. П. Генетическая изменчивость малочисленной популяции нерки *Oncorhynchus nerka* (Walbaum) р. Ола (северное побережье Охотского моря) / С. П. Пустовойт // Генетика. — 2001. — Т. 37. — № 12. — С. 1657–1662.
4. Пустовойт С. П. ДНК штрих-кодирование нерки (*Oncorhynchus nerka*) р. Ола, Охотское море / С. П. Пустовойт // Вестник Северо-Восточного государственного университета. — 2015. — № 23. — С. 54–60.
5. Пустовойт С. П. Генетическое разнообразие некоторых генов митохондриальной ДНК в смешанной популяции нерки (*Oncorhynchus nerka*) р. Ола (северное побережье Охотского моря) / С. П. Пустовойт, П. С. Швеца // Генетика и разведение животных. — 2022. — № 3. — С. 18–23.
6. Хованский И. Е. Эколого-физиологические и биотехнологические факторы эффективности лососеводства / И. Е. Хованский // Хабаровск: Хабаровское книжное издательство, 2004. — 417 с.
7. Гены по Люину / Дж. Кребс, Э. Голдштейн, С. Килпатрик // М.: Лаборатория знаний, 2018. — 919 с.
8. Шнеер В. С. ДНК-штрихкодирование видов животных и растений — способ их молекулярной идентификации и изучения биоразнообразия / В. С. Шнеер // Журнал общей биологии. — 2009. — № 4. — С. 296–315.
9. Ward R. D. The campaign to DNA barcode all fishes, FISH-BOL / R. D. Ward, R. Hanner, P. D. N. Hebert // Journal of Fish Biology. — 2009. — Vol. 74. — № 2. — P. 329–356.
10. Ней М. Молекулярная эволюция и филогенетика. / М. Ней, С. Кумар // К.: КВИЦ, 2004. — 418 с.
11. Картавцев Ю. Ф. Генетическая дивергенция видов и других таксонов, географическое видообразование и генетическая парадигма неодарвинизма в действии / Ю. Ф. Картавцев // Успехи современной биологии. — 2013. — Т. 133. — № 5. — С. 419–451.
12. Tamura K. MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11 / K. Tamura, G. Stecher, S. Kumar // Molecular Biology and Evolution. — 2021. — № 38. — P. 3022–3027.
13. Librado P. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data / P. Librado, J. Rozas // Bioinformatics. — 2009. — № 25. — P. 1451–1452.
14. Пустовойт С. П. Геногеографическое исследование нерки *Oncorhynchus nerka* (Walbaum) / С. П. Пустовойт // Генетика. — 1995. — Т. 31 — № 2. — С. 239–244.
15. Bickham J. W. Biogeographic implications of cytochrome b sequences and allozymes in sockeye (*Oncorhynchus nerka*) / J. W. Bickham, C. C. Wood, J. C. Patton // Journal of Heredity. — 1995. — Vol. 86. — P. 140–144.

Pustovoit S.

Nucleotide diversity of the fragment of cytochrome oxidase gene subunit 1 of mitochondrial DNA in (*Oncorhynchus Nerka*) populations

Abstract.

Purpose: to analyze the nucleotide diversity of the cytochrome oxidase gene fragment of the 1 mt DNA subunit in the Asian and American populations of sockeye salmon.

Materials and methods. The material for analysis is nucleotide sequences obtained by the author for the sockeye salmon population of the Ola River, and for a number of Asian and American sockeye salmon populations, located in the Gene Bank (www.ncbi.nlm.nih.gov). 139 sequences were analyzed, the number of nucleotides was 640. The statistical parameters are as follows: p_s – the proportion of polymorphic sites, θ – the proportion of polymorphic sites taking into account the number of sites (i) $p_s/a_i = 1 \setminus 1/i = 1 \setminus 1 + 1/2 + 1/3 + \dots + 1/i$, π_T – nucleotide diversity, π_s – average nucleotide diversity within a population, δ_{ST} – interpopulation nucleotide diversity. N_{ST} – coefficient of nucleotide differentiation, $N_{ST} = \delta_{ST}/\pi_T$. The dendrogram is built using the values of the so-called p -distances, using the UPGMA clustering method.

Results. The nucleotide diversity of sockeye salmon from the Ola River ($\pi_T = 0,00505$ ($s=0,000080$)) turned out to be slightly higher than in American populations ($\pi_T = 0,00403$ ($s=0,000002$)). The coefficient of nucleotide differentiation N_{ST} and the number of polymorphic sites in Asian populations are higher than in American populations. Due to this, a higher level of nucleotide diversity was found in Asian sockeye salmon populations ($\pi_T = 0,00504$ ($s=0,000004$)) than in North American ones. The nucleotide sequences of all individuals are divided into 2 groups. Individuals of these groups do not have territorial attachment, i.e. noted in both Asian and American populations. It is most likely that these groups formed as a result of Late Pleistocene climate fluctuations and the associated presence of two refugia on the Asian coast – the rivers of the northern coast of the Sea of Okhotsk and the rivers of the Kamchatka Peninsula, the second salmon, it is also assumed that two refugia will exist during the period of climate cooling, one in the area of the Alaska Peninsula, the second in the area of Vancouver Island. Almost all large populations of sockeye salmon are influenced by fishing and, in many cases, artificial farming. To reliably distinguish hatchery fish from sockeye salmon produced in natural spawning grounds, the characteristic nucleotide sequence of the mtDNA cytochrome oxidase gene can be used.

Key words: sockeye salmon, artificial breeding, mtDNA cytochrome oxidase, Sea of Okhotsk.

Authors:

Pustovoit S. – North-Eastern State University; 68500, Russia, Magadan, 13 Portovaya Street; e-mail: kaf-bio@svgu.ru.

References

1. Volobuev V. V. Nerka *Oncorhynchus nerka* (Walbaum) of the north-eastern coast of the Sea of Okhotsk / V. V. Volobuev, M. N. Gorokhov, I. S. Golovanov, L. T. Khovanskaya, A.V. Yamborko // Bulletin of the Kamchatka State Technical University. – 2019. – № 48. – P. 49–58.
2. Marchenko S. L. Nerka *Oncorhynchus nerka* (*Salmoniformes*, *Salmonidae*) of the mainland coast of the Sea of Okhotsk / S. L. Marchenko // Fisheries. – 2022. – Vol. 23. – № 3. – P. 102–121.
3. Pustovoit S. P. Genetic variability of the small population of Nerying *Oncorhynchus nerka* (Walbaum) R. Ola (northern coast of the Sea of Okhotsk) / S.P. Pustovut // Genetics. – 2001. – Vol. 37. – № 12. – P. 1657–1662.
4. Pustovoit S. P. DNA bar-coding; Ola, Okhotsk Sea / S. P. Pustovoit // Bulletin of North-East State University. – 2015. – № 23. – P. 54–60.
5. Pustovoit S. P. The genetic diversity of some genes of mitochondrial DNA in the mixed population of Nerka (*Oncorhynchus nerka*) p. Ola (northern coast of the Sea of Okhotsk) / S. P. Pustovoit, P. S. Shvets // Genetics and breeding of animals. – 2022. – № 3. – P. 18–23.
6. Khovansky I. E. Ecological-physiological and biotechnological factors of the effectiveness of salmon work / I. E. Khovansky // Khabarovsk: Khabarovsk Book Publishing House, 2004. – 417 p.
7. Genes by Luin / J. KROBS, E. Goldstein, S. Kilpatrick // M.: Knowledge Laboratory, 2018. – 919 p.
8. Schneer V. S. DNA-scratkudation of species of animals and plants-a method of their molecular identification and study of biodiversity / V. S. Schneer // Journal of General Biology. – 2009. – № 4. – P. 419–451.
12. Tamura K. MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11/ K.Tamura, G.Stecher, S.Kumar // Molecular Biology and Evolution. – 2021. – № 38. – P. 3022–3027.
13. Librado P. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data / P.Librado, J. Rozas // Bioinformatics. – 2009. – № 25. – P. 1451–1452.
14. Pustovoit S. P. Genogeographic study of nonnucle *oncorhynchus nerka* (Walbaum) / S.P. Pustovoit // Genetics. – 1995. – Vol. 31 – № 2. – P. 239–244.
15. Bickham J. W. Biogeographic implications of cytochrome b sequences and allozymes in sockeye (*Oncorhynchus nerka*) / J. W. Bickham, C. C. Wood, J. C. Patton // Journal of Heredity. – 1995. – Vol. 86. – P. 140–144.