

К ТАКСОНОМИИ РОДА *Gadus* (Gadidae): ФОРМИРОВАНИЕ СОВРЕМЕННОЙ СТРУКТУРЫ

© 2017 г. А. Н. Строганов*, А. В. Семенова, Н. Н. Черенкова

Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, кафедра ихтиологии, Москва 119991

*e-mail: andrei_str@mail.ru

Поступила в редакцию 14.02.2017 г.

В соответствии с результатами анализа генетической дифференциации и байесовского иерархического кластерного анализа полиморфизма микросателлитных локусов показано, что образование краевых группировок, представленных таксонами подвидового уровня — гренландской (*Gadus macrocephalus ogac*) и беломорской (*Gadus morhua marisalbi*) треской, происходило в позднем голоцене по сходному сценарию, но в различных регионах и от разных исходных форм. Формирование этих репродуктивно самостоятельных группировок трески было результатом физиологических адаптаций к арктическим условиям в прибрежных северных акваториях, сформировавшимся при глобальном похолодании в суббореале.

Ключевые слова: беломорская треска *Gadus morhua marisalbi*, гренландская треска *Gadus macrocephalus ogac*, микросателлитные локусы, таксономический статус.

DOI: 10.7868/S0016675817120128

Представители рода *Gadus* — морские, образующие скопления, придонные, придонно-пелагические рыбы, освоившие шельф и верхнюю батиналь арктической и высокобореальной областей Северного Ледовитого, Атлантического и Тихого океанов. Треска на видовом, подвидовом, популяционном уровнях образует ряд форм, в том числе представляющих большую народнохозяйственную ценность [1].

Треска не только заселяет в Северном полушарии практически все шельфовые бореальные акватории, но и распространяется в арктические воды. При этом, “демонстрируя” хорошее подтверждение представлениям о зоогеографических фаунистических комплексах [2, 3], переход в арктический комплекс треска осуществляет путем образования специализированных по ряду характеристик отдельных таксонов: беломорская и гренландская.

Различные условия жизни, высокая биологическая изменчивость трески порождают разнообразие форм и приводят к определенным сложностям в интерпретации статуса отдельных таксонов. Не менее сложные задачи возникают при анализе популяционной структуры трески, путей ее расселения и особенностей формообразования.

За более чем столетний период исследователи, используя разные подходы к систематике в роде *Gadus*, применяя различные методы (от фиксации внешнего вида и морфобиологических характеристик, исследования миграций до изуче-

ния особенностей структуры генома), предлагали различные модификации его структуры. Так, гренландская треска и беломорская треска рассматривались как разные виды [4], представляли подвиды одного вида [1], сводились к синонимии внутри единого таксона [5]. Несмотря на многолетние усилия, и в настоящее время ситуация остается неоднозначной. Так, например, используя, в том числе, результаты морфогенетических исследований [6, 7], основываясь на материалах Световидова [8], было уточнено их систематическое положение. Это нашло отражение в последней версии электронного каталога рыб Калифорнийской академии наук [9], где беломорская и гренландская треска представлены в качестве таксонов подвидового уровня: *Gadus morhua marisalbi* и *Gadus macrocephalus ogac*, соответственно. Однако международные интернет-ресурсы (FishBase, FAO Fish Finder, ITIS), основываясь на материалах Валтерса [10], Коэна с соавт. [11], до сих пор не признают беломорскую треску в качестве самостоятельного таксона, а воспринимают ее как расширившую в восточном направлении ареал гренландскую треску. Соответственно, нет единого в достаточной степени детализированного представления об особенностях формирования этих таксонов, этапах, хронологии, факторах и механизмах воздействия на них.

Цель данной работы — выявление особенностей формирования современной структуры рода *Gadus* на основе анализа полиморфизма микроса-

ющая североатлантические, ледовитоморские, североатлантические, ледовитоморские, североатлантические популяции. Отправной точкой (около 3.2–3.0 млн лет назад) независимой друг от друга эволюции североатлантической и североатлантической популяций трески является среднеплиоценовая регрессия, приведшая к закрытию Берингова пролива и разрыву единого ареала трески. Представленные материалы отрицают другие существующие сценарии формирования рода *Gadus*: с монотипической и трехвидовой структурами [1, 9].

В соответствии с результатами генетического анализа показано, что образование краевых, адаптированных к арктическим условиям, группировок, представленных таксонами подвидового уровня – гренландской треской (*G. macrocephalus ogac*) и беломорской треской (*G. morhua marisalbi*), происходило в позднем голоцене по сходному сценарию, но в различных регионах и от разных исходных форм.

Работа выполнена при частичной финансовой поддержке гранта РФФИ № 16-05-00317 (камеральная обработка материала, подготовка сводных таблиц и рукописи); лабораторный анализ образцов выполнен за счет средств Российского научного фонда (грант “Научные основы создания национального банка-депозитария живых систем” № 14-50-00029).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Световидов А.Н. Трескообразные. Фауна СССР. Рыбы. М.; Л.: Изд-во АН СССР, 1948. Т. 9. Вып. 4. 221 с.
2. Виноградов Л.Г., Нейман А.А. Зоогеографические комплексы, трофические зоны и морские донные биоценозы // Тр. ВНИРО. 1965. Т. 57. С. 425–445.
3. Никольский Г.В. Частная ихтиология. М.: Высш. шк., 1971. 472 с.
4. Бозуцкая Н.Г. Отряд XI. Трескообразные // Аннотированный каталог круглоротых и рыб континентальных вод России / Под ред. Решетникова Ю.С. М.: Изд-во Наука, 1998. С. 109–111.
5. Mecklenburg C.W., Møller P.R., Steinke D. Biodiversity of Arctic marine fishes: taxonomy and zoogeography // Mar. Biodiv. 2011. V. 41. № 1. P. 109–140.
6. Евсеенко С.А., Лорель Б., Браун Д.А., Маликова Д.Ю. К таксономии рода *Gadus*: онтогенетические свидетельства // Вопр. ихтиологии. 2006. Т. 46. № 3. С. 326–333.
7. Строганов А.Н., Афанасьев К.И., Иорстад К.Е. и др. Данные по изменчивости микросателлитных локусов у гренландской трески *Gadus ogac* Richardson, 1836: сравнение с представителями рода *Gadus* (Gadidae) // Вопр. ихтиологии. 2011. Т. 51. № 6. С. 770–777.
8. Svetovidov A.N. Gadidae // Check-List of the Fishes of the North-Eastern Atlantic and of the Mediterranean / Eds Hureau J.-C., Monod T. Paris: UNESCO, 1973. V. 1. P. 303–320.
9. Catalog of Fishes: Genera, Species, References / Eds Eschmeyer W.N., Fricke R. Electronic version accessed 2016. <http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp>.
10. Walters V. Fishes of western Arctic America and eastern Arctic Siberia // Bull. Amer. Mus. Natur. Hist. 1955. V. 106. № 5. P. 255–368.
11. Cohen D.M., Inada T., Iwamoto T., Scialabba N. Gadiform fishes of the world (Order Gadiformes). An annotated and illustrated catalogue of cods, hakes, grenadiers and other gadiform fishes known to date. FAO species catalogue. V. 10. FAO Fish. Synop. № 125. 1990. 442 p.
12. Jakobsdottir K.B., Jorundsdottir D.D., Skirnisdottir S. et al. Nine new polymorphic microsatellite loci for the amplification of archived otolith DNA of Atlantic cod, *Gadus morhua* L. // Mol. Ecol. Notes. 2006. V. 6. P. 337–339.
13. Wesmajervi M.S., Tafese T., Stenvik J. et al. Eight new microsatellite markers in Atlantic cod (*Gadus morhua* L.) derived from an enriched genomic library // Mol. Ecol. Notes. 2007. V. 7. P. 138–140.
14. Lewis P.O., Zaykin D. Genetic data analysis: computer program for the analysis of allelic data. 2001. Version 1.0 (d16c). Free program distributed by the authors over the Internet from <http://lewis.eeb.uconn.edu/lewis/home/software.html>.
15. Weir B.S. Genetic Data Analysis II. Methods for Discrete Population Genetic Data. Massachusetts: Sinauer Ass. Sunderland, 1996. 445 p.
16. Животовский Л.А. Популяционная биометрия. М.: Наука, 1991. 276 с.
17. Джеффри Ч. Биологическая номенклатура. М.: Мир, 1980. 120 с.
18. Wright S. The genetical structure of populations // Annals Eugenics. 1951. V. 15. P. 323–354.
19. Raymond M., Rousset F. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism // J. Heredity. 1995. V. 86. P. 248–249.
20. Guo S., Thompson E.A. Performing the exact test of Hardy–Weinberg proportion for multiple alleles // Biometrics. 1992. V. 48. P. 361–372.
21. Rice W.R. Analyzing tables of statistical tests // Evolution. 1989. V. 43. P. 223–225.
22. van Oosterhout C., Hutchinson W.F., Wills D.P.M., Shipley P. MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data // Mol. Ecol. Notes. 2004. V. 4. P. 535–538.
23. Antao T., Lopes A., Lopes R.J. et al. LOSITAN: a workbench to detect molecular adaptation based on a F_{st} -outlier method // BMC Bioinforma. 2008. V. 9. P. 323.
24. Ohta T., Kimura M. A model of mutation appropriate to estimate the number of electrophoretically detectable alleles in a finite population // Genet. Res. 1973. V. 22. P. 201–204.