

Видовой состав зоопланктона представлен 25 видами. Доминирующий комплекс образован видами *Thermocyclops oithonoides*, *Chydorus sphaericus*, *Daphnia cristata*, *Kellicottia longispina*. Уровень количественного развития определяли циклопиды, которые составляли около 70% численности и биомассы зоопланктона. Средняя численность организмов зоопланктона составляла 8.47 тыс. экз./м³, биомасса – 0.07 г/м³. По уровню трофности озеро относится к ультраолиготрофному, по качеству воды озера классифицируются как β-мезосапробные или умеренно загрязненные.

В донной фауне обнаружено 28 таксонов беспозвоночных из 8 групп. Доминирующее положение как по видовому разнообразию, так и по количественному развитию занимали личинки хиромид (64 % численности и 38% биомассы). Руководящими видами были *Cladotanytarsus mancus*, *Tanytarsus gr. gregarius*, *Cryptochironomus gr. conjungens*. Заметное место в ценозах занимали олигохеты (30 % численности и 27% биомассы). Средняя численность бентоса составляла 2638 экз./м² при средней биомассе 1.88 г/м². По уровню развития донной фауны озеро относится к олиготрофным водоемам. Водные массы по показателям зообентоса характеризуются как олиго-β-мезосапробные или переходные от чистых к умеренно загрязненным.

Результаты исследований объектов озерно-речной системы реки Хиитоланйоки показали, что по химическим параметрам они мезогумозные, переходные от олиготрофных до мезотрофных, относятся к классу водоемов с хорошим качеством вод.

По уровню развития основных звеньев трофической цепи (фито-, зоопланктона и зообентоса) практически все изученные водоемы можно отнести к олиготрофным, только озеро Тюрьянъярви по фитопланктону является α-мезотрофным. Водные массы по качеству в целом характеризуются как переходные от чистых к умеренно загрязненным.

Проведенные комплексные исследования водоемов системы реки Хиитоланйоки показали, что экологическое состояние их вполне благоприятно для развития рыбного хозяйства, в частности садкового рыбоводства, спортивного и любительского рыболовства, туризма.

Литература

- Балушкина Е.В., Винберг Г.Г., 1979. Зависимость между длиной и массой тела плактонных ракообразных // Экспериментальные и полевые исследования биологических основ продуктивности озер. Л.: Наука. С. 58 – 79.
- Карпечко В.А., 1985. Водные ресурсы // Водное хозяйство Карельского Приладожья. Петрозаводск. С. 12–22.
- Каталог озер и рек Карелии, 2001. / Под ред. Н.Н. Филатова и А.В. Литвиненко Петрозаводск: Карельский научный центр РАН. С. 10–15.
- Китаев С.П., 2007. Основы лимнологии для гидробиологов и ихтиологов. Петрозаводск: Карельский научный центр РАН. С. 205–211.
- Макрушин А.В., 1974. Биологический анализ качества вод. Л.: Наука. 60 с.
- Методика изучения биоценозов внутренних водоемов, 1975. М.: Наука. С. 73–84.
- Новиков Ю.В. и др., 1990. Методы исследования качества воды водоемов. М.: Медицина. 400 с.
- Оценка качества поверхностных вод Кольского Севера по гидробиологическим показателям и данным биотестирования (практические рекомендации), 1988. Апатиты: АН СССР. 25 с.
- Ресурсы поверхностных вод СССР. Карелия и Северо-Запад, 1978. Т.2, ч.3. Л.: Гидрометеиздат. 983 с.
- Руководство по методам гидробиологического анализа поверхностных вод и донных отложений, 1983. Л.: Гидрометеиздат. 239 с.
- Рыжков Л.П., 1999. Озера бассейна Северной Ладogi. Петрозаводск: Петрозаводский университет. 204 с.
- Семенов А.Д., 1977. Руководство по химическому анализу поверхностных вод суши. Л.: Гидрометеиздат. 541 с.

К ВОПРОСУ ИЗУЧЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ПОПУЛЯЦИЙ ГИДРОБИОНТОВ НА СЕВЕРНОМ БАССЕЙНЕ

К.С. Рысакова, И.И. Лыжов, В.А. Мухин, В.Ю. Новиков

Полярный научно-исследовательский институт морского рыбного хозяйства и океанографии им. Н. М. Книповича (ПИНРО), Мурманск, Россия
e-mail: rysakova@pinro.ru

Актуальной практической задачей популяционной генетики промысловых рыб является выявление особенностей генетической структуры популяции, и тем самым определение реальной подразделенности вида на дискретные единицы воспроизводства. Это в свою очередь по-

звolyет равномерно распределить промысловые нагрузки на локальные стада в пределах рационального изъятия, не нарушающего их способности к восстановлению.

Прикладные направления рыбохозяйственной генетики могут успешно развиваться лишь на теоретической базе фундаментальных дисциплин общей и частной генетики – биохимической и молекулярной генетики. Следует отметить, что генетические исследования объектов промысла и аквакультуры выполняются не только в академических, но и в отраслевых институтах.

На Северном рыбопромысловом бассейне, учитывая состояние запасов, объемы вылова, а также сложившуюся международную ситуацию по разделу водных биоресурсов, представляется, что ввиду особой ценности данных видов и сокращением их численности, первоочередными объектами исследований генетической структуры популяций могут являться следующие виды гидробионтов: атлантический лосось, черный палтус, морской окунь и камчатский краб.

Атлантический лосось

Является важным компонентом экосистем северных рек и ценным объектом промысла и аквакультуры. Образует как пресноводные, так и проходные формы (на Севере России проходную форму называют семгой). Генетические исследования атлантического лосося ведутся уже более 70 лет. В настоящее время создан международный банк данных по генетической структуре лосося.

Черный палтус

С 50-х годов XX в. является объектом специализированного ярусного и тралового лова в Баренцевом море. Уменьшение нерестового запаса черного палтуса до уровня ниже биологически безопасного побудило СРНК (Смешанную российско-норвежскую комиссию по рыболовству) ввести в 1992 г. запрет на специализированный траловый промысел этого объекта.

В 2004–2007 гг. норвежскими властями были внесены в одностороннем порядке поправки в решение СРНК, смягчающие меры регулирования промысла палтуса (отмена 12 % ограничения прилова в каждом отдельном улове) для норвежских рыбаков в зонах юрисдикции Норвегии. 37-я сессия СРНК по рыболовству приняла решение о продлении запрета прямого тралового промысла палтуса на 2009 г. и поэтому добыча палтуса отечественным флотом по-прежнему осуществляется лишь за счет его прилова на промысле других донных рыб, а также в ходе выполнения исследовательских программ (Состояние биологических сырьевых..., 2009).

Изучение популяционной структуры черного палтуса позволит изучить пути его распространения (Экосистема Карского..., 2008) и аргументировать распределение допустимых уловов черного палтуса между Норвегией и Россией.

Морской окунь

В Баренцевом море и сопредельных водах отечественным флотом добывается два вида морских окуней рода *Sebastes* – окунь-клювач (*S. mentella*) и золотистый окунь (*S. marinus*). Запасы морских окуней стабилизировались на низком уровне, что в последние годы привело к снижению как международного, так и отечественного вылова (Древетняк, 1998). На 37-й сессии СРНК по рыболовству меры регулирования по окуню-клювачу оставлены без изменений.

Основное направление генетических исследований – выявление внутривидовых различий окуня Баренцева моря и открытой части Норвежского моря.

Камчатский краб

К концу 1960-х годов камчатский краб был интродуцирован в Баренцево море. Начиная с 1974 года, этот вид стал регулярно встречаться у мурманского побережья Баренцева моря. В 1977 г. камчатский краб был впервые обнаружен в норвежских водах (Зеленина, 2008). Отечественный промысел камчатского краба в российских водах Баренцева моря ведется на лицензионной основе и регламентируется Правилами рыболовства для Северного рыбохозяйственного бассейна.

Актуальность проведения генетических исследований камчатского краба обусловлена необходимостью определения внутривидовых различий краба Баренцева моря (Мухин и др., 1997). Также особый интерес вызывают еще один вселенец – краб-стригун.

Таким образом, назрела явная необходимость проведения генетических исследований по установлению структуры популяций гидробионтов на Северном бассейне.

Изучение генетической структуры возможно проводить кариологическим (хромосомным) анализом, исследованием изоферментов (аллозимов), либо непосредственно изучая последовательность нуклеотидов в ДНК.

Разрешающая способность кариологического анализа, как правило, невелика, а у целого ряда видов, имеющих полиплоидное происхождение, область его применения ограничена еще и тем, что метод не всегда позволяет получать абсолютно надежные результаты. Кроме того, никаких определенных закономерностей в географическом распределении хромосомных вариантов выявить не удастся. В то же время различия по модальному набору хромосом между некоторыми географически удаленными или изолированными популяциями выступают иногда вполне отчетливо, причем даже тогда, когда две изолированные популяции обитают в пределах одной водной системы (Зелинский, 1985).

Практическое использование хромосомных маркеров очень ограничено и в настоящее время в популяционных исследованиях их почти не используют (Артамонова, 2007).

По сравнению с кариологическим анализом анализ белков обладает существенно более высокой разрешающей способностью. Он менее трудоемок и позволяет анализировать большие выборки материала по нескольким генетическим маркерам одновременно. В исследованиях, связанных с задачами систематики, а также в популяционно-генетических исследованиях нашел применение анализ аллозимов – аллельных вариантов белков (Инге-Вечтомов, 1989). При этом под аллельными вариантами в данном виде анализа понимают белки, кодируемые одним и тем же генетическим локусом не только у одного вида, но и у разных, систематически близких видов.

Так, например, благодаря аллозимному анализу появился надежный и доступный способ отличать атлантического лосося от близкого вида – кумжи. В некоторых локусах у этих видов фиксированы разные аллельные варианты ферментов, а для других локусов наборы аллелей, характерные для каждого из видов, не совпадают (Артамонова, 2007).

В настоящее время самым распространенным методом аллозимного анализа является электрофоретическое разделение в крахмальном или полиакриламидном геле. В результате изозимы одного фермента обнаруживаются на электрофореграммах в виде окрашенных полос, занимающих различное положение по отношению к стартовой позиции. Однако в ходе исследований выяснились ограничения в применении этого типа маркеров. Прежде всего, это то, что анализ белков позволяет исследовать полиморфизм только белок-кодирующих последовательностей и только у экспрессирующихся генов. Если учесть, что у высших эукариот всего около 1% генома составляют белок-кодирующие последовательности, очевидно, что от внимания исследователей ускользает основная часть генома. При этом из анализа исключаются такие функционально-значимые участки, как промоторные области, энхансеры, различные сайты регуляции, расположенные в интронах, нетранслируемых областях генов, а также вне генов, часто на значительном расстоянии от кодирующей последовательности.

Более перспективным представляется использование в качестве маркерных систем полиморфных нуклеотидных последовательностей ДНК, позволяющих тестировать генетический полиморфизм непосредственно на уровне генов, а не на уровне продуктов генов, как в случае использования метода белкового полиморфизма.

Распространению методов ДНК-анализа способствует и то, что с их помощью можно определять генотипы рыб прижизненно: достаточное количество ДНК можно получить из чешуи или нескольких капель крови.

Полиморфизм у самых различных видов обнаружен за последние 10–15 лет при изучении первичной структуры ДНК – как ядерной, так и неядерной (например, митохондриальной). Однако продолжительность и высокая стоимость ДНК-тестов пока еще ограничивают их широкое применение. С помощью метода ДНК-анализа возможно решение многих важных задач: определение видовой принадлежности, выявление межвидовых гибридов, изучение путей расселения вида, изучение различий между популяциями, изучение внутривидовой структуры, оценка генетического разнообразия и его мониторинг, установления родственных связей между особями. Для проведения более тонких популяционных исследований структуры популяций возможно исследование матричной ДНК ПДРФ-анализом (полиморфизм длины рестриктных фрагментов) и изучение митохондриальной ДНК. Тем не менее, известно, что разрешающая способность ПДРФ-анализа сопоставима с разрешающей способностью аллозимного анализа.

Разрешающая способность микросателлитного анализа столь высока, что позволяет надежно (88 – 95,8%, в среднем – более 90%) определять принадлежность отдельных особей к той или иной конкретной популяции, если эти популяции были предварительно охарактеризованы. Надежность идентификации повышается с увеличением числа тестируемых локусов, однако большинство исследователей сходятся на том, что для практики достаточно шести-восьми наиболее высоковариабельных микросателлитов (Артамонова, 2007).

Несмотря на массу достоинств у микросателлитного анализа, как и у любого другого метода, имеются свои ограничения. Его возможности ограничены, когда речь идет о путях расселения вида и выявлении различий между популяциями разных регионов.

Тем не менее, в последнее время все большую популярность приобретает именно метод микросателлитного анализа. Из применяемых в популяционной генетике маркеров для изучения популяционной структуры больше всего подходят микросателлиты, представляющие собой нейтральные и, как правило, высокополиморфные маркеры с высокой частотой мутаций и являющиеся оптимальными для изучения эволюционных процессов в родственных популяциях (Зеленина, 2008).

В общем, хотя генетические исследования являются достаточно сложными и дорогостоящими, назрела насущная необходимость их внедрения в рыбохозяйственную науку. Они должны стать общеупотребительной методикой изучения популяционного разнообразия промысловых гидробионтов, только таким образом будет возможно отстаивание государственных интересов на международной арене.

Литература

Артамонова В. С. Генетические маркеры в популяционных исследованиях атлантического лосося (*Salmo salar* L.). Признаки кариотипа и аллозимы. Генетика, 2007, т.43, № 3, с.1–14.

Груздев А.И., Мухин В.А., Кузьмин С.А. Первые результаты генетических исследований камчатского краба *Paralithodes camtschatica* Баренцева моря. Исследования промысловых беспозвоночных Баренцева моря: Сб. науч. тр. ПИНРО. Мурманск: Издательство ПИНРО, 1997. С. 72–79.

Древевтняк К.В. Современное состояние запаса окуня-клювача норвежско-баренцевоморской популяции // Материалы отчетной сессии ПИНРО по итогам НИР в 1996–97 гг. Мурманск, 1998. С. 7–14.

Зеленина Д. А. Камчатский краб (*Paralithodes camtschaticus*) в Баренцевом море: сравнительное исследование интродуцированных и нативных популяций / Д. А. Зеленина, Н. С. Мюге, А. А. Волков, В. И. Соколов // Генетика, 2008.- Т. 44, № 7, с.983–991.

Зелинский Ю. П. Структура и дифференциация популяций и форм атлантического лосося. Л.: Наука, 1985. 128 с.

Состояние биологических сырьевых ресурсов Баренцева моря и Северной Атлантики на 2008 г. Мурманск: Издательство ПИНРО, 2009

Экосистема Карского моря. Мурманск: Издательство ПИНРО, 2008. 261 с.

Genetic structure of Red King Crab populations in Alaska facilitates enforcement of fishing regulations – Seeb J. etc. Proc. Int. Symp. King and Tanner Crabs Nov.1989, Anchorage, Alaska. P.491–502.

TO A QUESTION OF STUDYING OF GENETIC STRUCTURE OF HYDROBIONTS' POPULATIONS ON NORTHERN BASIN

K.S. Rysakova, I.I. Lyzhov, V.A. Mukhin, V.Yu. Novikov

Polar Research Institute of Marine Fisheries and Oceanography (PINRO),

Murmansk, Russia, e-mail: rysakova@pinro.ru

This analytical review is devoted to one of the hot issues of genetic research of population structure of hydrobionts. The choice of prime objects of research can be justified taking into account a condition of stocks, volumes of catching, and also a difficult international situation concerning allocation of water biological resources. The review of present methods of population genetic researches is given in the present study. The necessity to carry out genetic researches of population structure of hydrobionts in the Northern Basin is proved.