

ИССЛЕДОВАНИЯ ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ КИТООБРАЗНЫХ АРКТИЧЕСКИХ И ДАЛЬНЕВОСТОЧНЫХ МОРЕЙ РОССИИ

Мещерский Илья Григорьевич, Рожнов Вячеслав Владимирович
Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва

Разработка и совершенствование методов молекулярно-генетического анализа открывает качественно новые возможности для исследования популяционной структуры и принципов пространственного распределения морских млекопитающих. Традиционные методы, основанные на наблюдениях и учете китообразных с берега или с борта судна, имеют естественные ограничения, связанные с небольшим размером сканируемого наблюдателем пространства. Авиационные учеты позволяют охватывать значительно большие площади, однако, в силу значительных финансовых затрат, не могут проводиться с достаточной регулярностью. Ситуация осложняется высокой подвижностью и свойственными практически всем видам морских млекопитающих протяженными сезонными миграциями. Зачастую места нагула китообразных отделены от мест размножения сотнями и тысячами километров. Молекулярно-генетические исследования позволяют определять принадлежность особей, встречаемых в разное время в тех или иных районах, к одной или разным популяциям (эволюционным единицам – evolutionary units), а также группам, устойчиво придерживающимся определенных участков акватории и определяемым как единицы управления (management units). Кроме того, определение уровня генетического разнообразия дает основание для оценки благополучия популяции и ее возможности противостоять неблагоприятным внешним воздействиям.

За рубежом – в первую очередь, в США и Канаде, а также в странах Европы, молекулярно-генетические исследования популяционной структуры морских млекопитающих проводятся на протяжении уже более, чем двух десятилетий. Однако, в России, к сожалению, эти работы остаются редкими и осуществляются крайне ограниченным числом научных лабораторий.

На протяжении ряда лет молекулярно-генетические исследования китообразных проводятся в кабинете молекулярной диагностики ИПЭЭ им. А.Н.Северцова РАН при широком сотрудничестве с рядом других научных организаций: Постоянно действующей экспедицией РАН по изучению животных Красной книги Российской Федерации и других особо важных животных фауны России, Советом по морским млекопитающим, Институтом океанологии РАН, Камчатским филиалом Тихоокеанского института географии ДВО РАН, биологическим факультетом МГУ, кафедрой зоологии и экологии МПГУ, Чукотским филиалом Тихоокеанского научно-исследовательского рыбохозяйственного центра. Специалисты из этих организаций одновременно со сбором образцов для генетического анализа проводят оценку встречаемости и распределения китообразных в разные сезоны, наблюдения за поведением и состоянием животных, учет их численности. Подобные комплексные исследования позволяют правильно оценивать состояние популяций; определять риски, выявлять угрожаемые районы и оценивать качество и уровень угроз; дают основания для расчета квот, выделяемых для аборигенного промысла, позволяют определять единицы управления – популяции, субпопуляции, стада и локальные группировки.

Наиболее активно ведется работа по следующим направлениям.

Гренландский кит (*Balaena mysticetus*). В российских водах встречается в Баренцовом и Карском на западе, в Чукотском и Беринговом морях на востоке и в Охотском море. В последнем случае мы имеем дело с уникальной популяцией, обитающей в умеренных водах и географически изолированной от остальных представителей своего вида. Численность гренландского кита была катастрофически подорвана в период

промысла, однако к настоящему времени в ряде регионов в определенной степени восстановилась. Нами было проведено исследование охотоморской популяции вида (Мещерский и др., 2014). Подтвержден отмеченный ранее (Givens et al., 2010) факт не только географической, но и реальной генетической (т.е. отсутствие скрещивания с особями из арктических морей) изоляции гренландских китов Охотского моря. Показано, что несмотря на существенное падение численности в недалеком прошлом, популяция сохранила достаточно высокий уровень генетического разнообразия, что позволяет более оптимистично смотреть на возможности ее дальнейшего восстановления. Важным достижением является создание базы индивидуальных генотипов охотоморских гренландских китов, выложенной нами в открытый доступ (<http://www.sevin.ru/news/676.html>) и охватывающей, исходя из разных оценок численности, от 15 до 30% общего числа особей в популяции. Такой охват открывает перспективы для дальнейшего мониторинга состояния и пространственной структуры популяции на уровне, учитывающим состояние и распределение отдельных индивидуумов.

Для дальнейшего исследования интерес представляют гренландские киты из Чукотского и Берингова морей. Хотя эти популяции в достаточной степени изучены зарубежными исследователями, желательно иметь свои данные, т.к. в ряде случаев совмещение результатов, полученных в разных лабораториях, вызывает методические трудности. Однако наибольшую ценность, безусловно, представляли бы сведения о генетических особенностях особей, встречающихся в западном секторе российской Арктики, в Баренцовом и Карском морях. Эта группа гренландских китов была истреблена практически полностью и так и не смогла восстановиться. Ее современная численность оценивается в несколько десятков особей и сведения об их генетических особенностях полностью отсутствуют. Между тем именно западный сектор Арктики в наибольшей степени подвержен прессу разработки морских месторождений углеводородов и инвентаризация обитающих здесь популяций морских млекопитающих, включающая и генетическую характеристику животных, остро необходима.

Серый кит (*Eschrichtius robustus*). В водах России встречается в период нагула и миграций в Чукотском, Беринговом и Охотском морях и вдоль тихоокеанского побережья Камчатки. Известные места размножения серого кита в настоящее время – заливы Калифорнийского полуострова в Северной Америке. Однако известно, что еще в начале XX в. серые киты размножались и у берегов азиатского материка. Считается, что к концу второй трети XX в. эта группировка, представлявшая из себя обособленную охотско-корейскую популяцию, была полностью или почти полностью истреблена. Однако через некоторое время серых китов вновь стали встречать в местах нагула особей этой популяции в – Охотском море и у восточных берегов Камчатки. Проведенное совместной американо-русской командой исследование показало, что соотношение частот линий митохондриальной ДНК в этой группе существенно отличается от известного для основной (чукотско-калифорнийской) популяции (LeDuc et al., 2002). Этого факта, однако, недостаточно для решения вопроса о восстановлении аборигенной – охотско-корейской – популяции, либо о вторичном освоении этого кормового района китами, размножающимися у берегов Калифорнии.

Нами проведено исследование встречаемости митохондриальных линий у китов на всем протяжении их миграционных путей в российских водах – от Чукотки до о. Сахалин, подтвердившее неопределенный статус "охотоморских" и "камчатских" серых китов – встречаемость отдельных линий митохондриальной ДНК при продвижении с севера на юг и запад резко меняется, однако сам набор этих линий остается неизменным (Мещерский и др., 2015). В данном случае следует констатировать, что высокая генетическая изменчивость, свойственная данному виду и относительно короткое, в геологическом масштабе, время раздельного существования чукотско-калифорнийской и охотско-корейской популяций приводят к тому, что разрешающая способность молекулярно-генетического анализа оказывается недостаточной для определения характера современной популяционной структуры. Предпочтение в этой ситуации должно быть отдано следует отдать

спутниковому мечению и установлению факта размножения китов у берегов Азии с помощью прослеживания миграционных путей отдельных особей.

Косатка (*Orcinus orca*). У берегов России встречается вдоль тихоокеанского побережья, в Чукотском, Баренцовом, Белом морях и западной части Карского моря. Для косаток, встречающихся вдоль побережий Северной Америки, установлено существование двух обособленных экотипов, отличающихся поведением и пищедобывательной стратегией (Saulitis et al., 2000). Оба данных экотипа встречаются и в наших морях, – на Дальнем Востоке и в прилегающих районах Арктики. На основании молекулярно-генетического анализа нами установлен факт их репродуктивной изоляции в этих районах, – несмотря на возможность совместного использования акваторий (Филатова и др., 2014).

Белуха (*Delphinapterus leucas*). В отличие от перечисленных видов имеет практически циркумполярное распространение и широко представлена, в том числе, и в морях центральной части российской Арктики. Генетическая структура населения белух восточной части Северной Пацифики, северной Атлантики и прилегающих районов Арктики была подробно изучена зарубежными исследователями (O’Corry_Crowe et al., 1997; 2010). Нами (Чернецкий и др., 2012; Мещерский и др., 2013) исследованы популяции белухи дальневосточных морей и Белого моря. Показано наличие жесткой филогеографической структуры – привязанности отдельных групп (стад) к определенным местам летнего нагула, а также возможность существования репродуктивно изолированных групп (популяций) даже в пределах одного бассейна (Охотского моря).

Благодаря своей относительной многочисленности и широкому распространению белуха лучше всех других китообразных подходит на роль вида-индикатора для оценки благополучия северных морей, как среды обитания морских млекопитающих. Однако генетические особенности особей, встречающихся в центральной части российской Арктики – в морях Карском, Лаптевых, Восточно-Сибирском – до сегодняшнего дня остаются неизвестными. Получение и генетический анализ образцов от особей белух, населяющих эти моря, представляется крайне важной задачей. Эти данные позволят давать заключения о популяционной и территориально-групповой принадлежности особей из районов, прилегающих в местах проведения морских геолого-разведочных работ и разработки уже известных месторождений. В силу свойственных виду продолжительных сезонных миграций отсутствие наблюдений белух в каком-либо районе в определенный период не дает оснований для заключений о малой значимости этого участка для поддержания устойчивой численности и территориальной структуры популяций. И напротив, из факта наблюдения большого количества особей в определенном месте в один из сезонов не следует вывод о многочисленности популяции, населяющей данный регион в целом. Вполне возможно, что отмечаемые наблюдателями многосотенные и тысячные группы включают в себя подавляющее число белух, в другое время рассредотачивающихся на гораздо более обширной акватории. Ответы на эти вопросы, важные для оценки состояния и благополучия популяций вида, как раз и могут быть получены с использованием молекулярно-генетических методов исследования.

Источники информации

1. Мещерский И.Г., Кулешова М.А., Литовка Д.И., Бурканов В.Н., Эндрюс Р.Д., Цидулко Г.А., Рожнов В.В., Ильяшенко В.Ю. Состав и распределение митохондриальных линий серых китов (*Eschrichtius robustus*) в морях Дальнего Востока России // Известия РАН. Серия Биологическая. 2015. Т.42, № 1. (в печати).
2. Мещерский И.Г., Чичкина А.Н., Шпак О.В., Рожнов В.В. Молекулярно-генетическая характеристика шантарской летней группы гренландского кита (*Balaena mysticetus* L.) Охотского моря // Генетика. 2014, Т. 50. № 4. С. 452–463.

3. Мещерский И.Г., Шпак О.В., Литовка Д.И., Глазов Д.М., Борисова Е.А., Рожнов В.В. Генетический анализ белухи *Delphinapterus leucas* (Cetacea: Monodontidae) из летних скоплений на Дальнем Востоке России // Биология моря. 2013. Т. 39, № 2, С 126–135.
4. Филатова О.А., Борисова Е.А., Шпак О.В., Мещерский И.Г., Тиунов А.В., Гончаров А.А., Федутин И.Д., Бурдин А.М. Репродуктивно изолированные экотипы косаток *Orcinus orca* в морях Дальнего Востока России // Зоологический журнал. 2014. Т. 93, № 11. (в печати).
5. Чернецкий А.Д., Мещерский И.Г., Самсонов Д.П., Краснова В.В., Братанов А.А., Белькович В.М. Предварительные результаты анализа проб тканей белух (*Delphinapterus leucas*) соловецкого репродуктивного скопления, Онежский залив Белого моря // Морские млекопитающие Голарктики. Сборник научных трудов по материалам VII международной конференции. Том 2. М.: Совет по морским млекопитающим. 2012. С. 347–349.
6. Givens G.H., Huebinger R.M., Patton J.C., Postma L.D., Lindsay M., Suydam R.S., George J.C., Matson C.W., Bickham J.W. Population Genetics of Bowhead Whales (*Balaena mysticetus*) in the Western Arctic // Arctic. 2010. V. 63. № 1. P. 1–12.
7. LeDuc R.G., Weller D.W., Hyde J., Burdin A.M., Rosel P.E., Brownell R.L. (Jr.), Würsig B., Dizon A.E. Genetic differences between western and eastern gray whales (*Eschrichtius robustus*). // J. of Cetacean Research and Management. 2002. V. 4. № 1. P. 1–5.
8. Saulitis E.L., Matkin C.O., Barrett-Lennard L.G., Heise K., Ellis G.M. Foraging strategies of sympatric killer whale (*Orcinus orca*) populations in Prince William Sound, Alaska // Marine Mammal Science. 2000. V. 16. P. 94–109.
9. O’Corry_Crowe G.M., Lydersen C., Heide-Jørgensen M.P., Hansen L, Mukhametov L.M., Dove O., Kovacs K.M. Population genetic structure and evolutionary history of north atlantic beluga whales (*Delphinapterus leucas*) from West Greenland, Svalbard and the White Sea // Polar Biology. 2010, V. 33, P. 1179–1194.
10. O’Corry_Crowe, G.M., Suydam, R.S., Rosenberg, A., Frost K.J., Dizon A.E. Phylogeography, population structure and dispersal patterns of the beluga whale *Delphinapterus leucas* in the western nearctic revealed by mitochondrial DNA // Molecular Ecology. 1997. V.. 6, P 955–970.