

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ БЕЛУХИ *DELPHINAPTERUS LEUCAS* (СЕТАСЕА: MONODONTIDAE) ИЗ ЛЕТНИХ СКОПЛЕНИЙ НА ДАЛЬНЕМ ВОСТОКЕ РОССИИ¹

© 2013 г. И. Г. Мещерский¹, О. В. Шпак¹, Д. И. Литовка², Д. М. Глазов¹,
Е. А. Борисова³, В. В. Рожнов¹

¹Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва 119071;

²Чукотский филиал ФГУП "ТИНРО-Центр", Анадырь 689000;

³Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва 119234
e-mail: molecoldna@gmail.com

Статья принята к печати 20.09.2012 г.

Методами определения нуклеотидной последовательности контрольного региона митохондриальной ДНК и аллельного состава девяти микросателлитных локусов ядерной ДНК анализировали генетическую структуру четырех летних скоплений белухи *Delphinapterus leucas* в Сахалинском заливе, Удской губе, у западного побережья п-ва Камчатка (Охотское море) и в Анадырском лимане (Берингово море). Показано, что каждое скопление характеризуется обособленным набором материнских линий, что свидетельствует о высокой степени филопатрии этого вида. Белухи Анадырского лимана генетически изолированы от белух Охотского моря. Белухи летних скоплений Сахалинского залива и Удской губы имеют общий генетический пул и относятся к единой популяции, однако белухи, летующие у западного побережья Камчатки, с высокой степенью вероятности относятся к другой популяции. На основании сравнения нуклеотидных последовательностей мтДНК белух из разных регионов российского Дальнего Востока и североамериканского побережья высказано предположение о формировании структуры населения белух Северной Пацифики в послеледниковое время.

Ключевые слова: белуха, *Delphinapterus leucas*, популяционная структура, митохондриальная ДНК, микросателлитные локусы.

Genetic analysis of beluga whale *Delphinapterus leucas* (Cetacea: Monodontidae) summer aggregations in the Russian Far East. I. G. Meschersky¹, O. V. Shpak¹, D. I. Litovka², D. M. Glazov¹, E. A. Borisova³, V. V. Rozhnov¹ (¹A.N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution, Russian Academy of Sciences, Moscow 119071; ²Chukot Branch of the Pacific Fisheries Research Center, Anadyr 689000; ³Faculty of Biology, Lomonosov Moscow State University, Moscow 119234)

Using data on mitochondrial DNA control-region sequences and the allelic composition of 9 nuclear DNA microsatellite loci, we analyzed the genetic structure of four summer aggregations of the beluga whale *Delphinapterus leucas*: in Sakhalin Bay, Udsкая Guba Bay, at the western coast of the Kamchatka Peninsula (Sea of Okhotsk), and in the Anadyr Estuary (Bering Sea). Each of the aggregations is characterized by a distinct composition of maternal lines, thus proving the high level of philopatry in this species. Anadyr Estuary beluga whales are genetically isolated from Sea of Okhotsk belugas. Summer beluga whale aggregations in Sakhalin Bay and Udsкая Guba Bay have a common genetic pool and belong to a single population; however, there is strong evidence that beluga whales summering off western Kamchatka belong to a different population. Based on comparison of the mtDNA sequences of beluga whales from different regions of the Russian Far East and North America, a view on the formation of North Pacific beluga whale population structure in the post-Glacial period is proposed. (Biologiya Morya, 2013, vol. 39, no. 2, pp. 126–135).

Keywords: beluga whale, *Delphinapterus leucas*, population structure, mitochondrial DNA, microsatellite loci.