

Мещерский И.Г., Шпак О.В., Глазов Д.М., Соловьев Б.А., Рожнов В.В.

К вопросу о филогеографии белухи (*Delphinapterus leucas*)

Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва, Россия

В настоящее время основные заключения о филогенетической структуре белухи базируются на данных о нуклеотидных последовательностях контрольного региона мтДНК (O'Corry-Crowe et al. 2010, Мещерский и др. 2013). Использование еще одного маркера – гена цитохрома б мтДНК, позволило подтвердить, что группы белух, летующих в Сахалинском заливе и вдоль западного побережья Камчатки в основном состоят из особей, относящихся к двум разным, значительно дистанцированным филогенетическим линиям. В российских водах белухи «камчатской» филогруппы встречаются также в северо-западной части Берингова моря (и, возможно, в восточной части арктического побережья Евразии, – находка близкого варианта последовательности контрольного региона в районе архипелага Норденшельда в Карском море). Белухи «сахалинской» филогруппы, помимо Охотского, отмечены в Беринговом и Чукотском морях. Известные данные о последовательности контрольного региона мтДНК (O'Corry-Crowe et al., 2010 и др.) позволяют предполагать широкое распространение этой филогруппы в арктических морях Западного полушария, хотя идентичность ряда гаплотипов, известных одновременно из разных регионов, нуждается в подтверждении анализом более протяженных участков митохондриального генома. В отношении ряда других митохондриальных линий, известных для белух из Арктики (в российских водах – Берингово, Чукотское и Белое моря), филогенетический анализ с использованием последовательностей гена цитохрома б, напротив, ставит под сомнение возможность объединения их в единую филогруппу. Возможно, современное население белух Арктики представлено не только известными, но и другими, пока не выявленными, филогенетическими линиями в составе данного вида.

Meschersky I.G., Shpak O.V., Glazov D.M., Solovyev B.A., Rozhnov V.V.

To study of beluga whale (*Delphinapterus leucas*) phylogeography

All-Russian Research Institute of Fisheries and Oceanography (VNIRO), Moscow, Russia

At present, the main conclusions about of beluga whale phylogeography are based on data of nucleotide sequences of the mtDNA control region (O'Corry-Crowe et al. 2010, Meschersky et al. 2013). Our analysis using an additional genetic marker – mtDNA cytochrome b gene, proved the fact what the most of belugas summering in Sakhalin Gulf and off the west Kamchatka coast belong to two different distant phylogenetic lineages. In Russian seas belugas of «kamchatka» phylogroup also known from north-western part of the Bering Sea, and, possibly, occur eastern part of Eurasia Arctic coast (close-related control region sequence was found in beluga in Nordensheld Archipelago in the Kara Sea). Belugas of «sakhalin» phylogenetic lineage are known, besides the Okhotsk Sea, in Bering and Chukchi seas. Known data of mtDNA control region sequences (O'Corry-Crowe et al., 2010, etc.) allows to suggest wide distribution of this phylogroup across Arctic seas of Western Hemisphere, although the identity of some haplotypes found in more than one region should be confirmed by analysis of additional parts of mitochondrial genome. Regarding some other mitochondrial lineages known for arctic belugas (off the Russian coasts – Bering, Chukchi and White seas), the using of cytochrome b sequences, on the contrary, casts doubts upon their relatedness and possibility to combine them into a single phylogroup. It is possible that modern arctic beluga's populations include, besides known ones, some others phylogenetic lineages, not revealed for today.