

**ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ЛЕЩА ОБЫКНОВЕННОГО  
*ABRAMIS BRAMA* ВОДНЫХ ОБЪЕКТОВ БЕЛАРУСИ**

**Гайдученко Елена Сергеевна, к.б.н., доцент, зав. лабораторией ихтиологии,**

**Охременко Юлия Ивановна, м.н.с. лаборатории ихтиологии**

**ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам»**

Gajduchenko Helen, PhD, head of the laboratory of ichthyology, Okhremenko Yuliya,

junior researcher of the laboratory of ichthyology

SRPA «SPC of the NAS of Belarus for bioresources», [gajduchenko@tut.by](mailto:gajduchenko@tut.by)

**Аннотация.** Проведен анализ генетического разнообразия леща обыкновенного *Abramis brama* водных объектов Беларуси по фрагменту митохондриального гена *COI*. Установлено низкое генетическое разнообразие у особей, отловленных в водных объектах Беларуси и особей Западной Европы в целом, что может быть результатом внезапной послеледниковой пространственной колонизации, последовавшей за сокращением ареала вида в течение четвертичных ледниковых периодов.

**Ключевые слова:** лещ обыкновенный, *A. brama*, Беларусь, генетическое разнообразие, *mtCOI*.

В водных объектах Беларуси одним из наиболее распространенных видов рыб является лещ обыкновенный *Abramis brama*. Данный вид встречается во всех крупных и средних реках, водохранилищах, пойменных водоемах и многих озерах, различающихся по величине, гидрологическому и гидрохимическому режиму. Почти везде он является одним из самых многочисленных видов, во многом определяя биологические параметры и структурные особенности ихтиоценоза водных объектов. Повсеместно лещ обыкновенный является одним из основных промысловых видов рыб [1,2]. Так, в последние годы на долю леща приходится около  $\frac{1}{4}$  массы всего промыслового вылова рыбы в Беларуси.

Помимо традиционного обитания леща обыкновенного на значительной части территории Центральной и Восточной Европы, его распространение существенно расширилось. Так, лещ обыкновенный не встречался в Италии до 1990 года и лишь недавно был зарегистрирован на Пиренейском полуострове [3]. Несмотря на то, что лещ обитает в Великобритании, в Ирландии он зарегистрирован в 1940-х годах [4], при этом дата его интродукции на остров, как полагают, произошла веками раньше [5].

В последние годы в связи с широким применением в биологии генетических методов исследования интерес к изучению внутривидовой изменчивости и филогеографии рыб значительно повысился. Митохондриальный ген цитохромоксидазы (*mtCOI*) – популярный и эффективный инструмент в генетических и филогеографических исследованиях карповых [6, 7]. В связи с этим особый интерес вызывает изучение генетического разнообразия леща обыкновенного водных объектов Беларуси, ввиду наличия на территории водораздела, делящего все водные объекты на бассейн Черного и Балтийского моря.

Нами проанализированы 90 особей леща обыкновенного, обитающего в водных объектах Беларуси: река Днепр, река Котра и 12 озер. Для получения целевого фрагмента по гену *mtCOI* использовали пару праймеров [8]:

FISH-F6 5' TGTAACACGACGGCCAGTACYAAAYCACAAAGAYATTGGCA 3';

FISH-R7 5' CAGGAAACAGCTATGACCTARACTTCTGGRTGDC CRAAGAAAYCA 3'

Для анализа и сравнения с европейскими популяциями из NCBI GenBank были взяты 33 последовательности гена *mtCOI*. Образцы леща обыкновенного, включенные в анализ, а также сопроводительная информация (координаты, объем выборки, место сбора и номер образцов в NCBI GenBank) приведены в таблице 1.

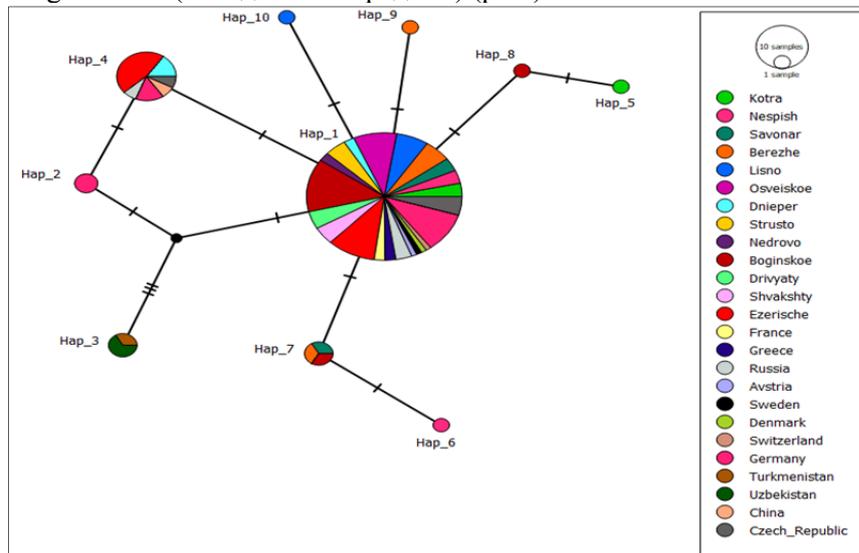
Таблица 1. – Образцы леща обыкновенного (фрагмент гена *mtCOI*), включенные в анализ

Место сбора	Координаты, номер в NCBI GenBank
<i>Бассейн Северного моря</i>	
р. Хвидберг, Дания	56.84 8.37 AP018425
Озеро Венерн, Швеция	59.29 14.04 KJ128399
р. Эльба, Германия	53.04 11.35 KM286419, KM286417
р. Зиг, Германия	50.79 7.23 KM286411, KM286410 50.80 7.17 KM286416, KM286415, KM286414
Озеро Невшатель, Швейцария	46.84 6.71 ON934039
Озеро Лангер Зее, Германия	53.05 14.31 KM286418
р. Бланице, Чехия	49.17 14.21 HQ960496
Констанцское озеро, Германия	47.68 9.21 KR476987, KR476988
<i>Бассейн Средиземного моря</i>	
р. Сона, Франция	46.98 5.14 AP009305 46.50 4.93 KJ552381
<i>Бассейн Эгейского моря</i>	
Озеро Волви, Греция	40.66 23.54 HQ600663, HQ600662
<i>Бассейн Каспийского моря</i>	
Озеро Плещеево, Россия	56.79 38.80 KT989761, KT989760
<i>Бассейн Черного моря</i>	
р. Зульцбах, Австрия	46.76 15.88 ON097436
р. Дунай, Германия	48.77 13.01 HM391986
р. Бечва, Чехия	49.44 17.40 HQ960921
Пруд Большой каменщик, Чехия	49.86 18.36 HQ960635
р. Морава, Чехия	49.31 17.37 HQ960454
р. Свратка, Чехия	49.23 16.52 HQ960441
р. Альтмюль, Германия	49.20 10.54 HM391984
р. Днепр, Могилевская обл, РБ	53.58 30.26 96-98, 75 Dniepr
<i>Бассейн Азовского моря</i>	
Цимлянское водохр., р. Дон	47.82 42.28 MF135862, MF135863
<i>Бассейн Аральского моря</i>	
Тудакульское водохранилище, Узбекистан	39.80 64.77 MW649448, MW649449
оз. Яскха, Туркменистан	39.69, 55.56 KF029670

Бассейн Карского моря	
р. Иртыш, Китай	48.02, 85.53 KT716374
<i>Бассейн Балтийского моря</i>	
оз. Недрово	55.40 27.08 1-4 Nedrovo
оз. Струсто	55.42 27.01 21-24 Strusto
оз. Береже	55.39 27.00 95-98, 91-94, 61-64 Bereze
оз. Савонар	55.39 26.52 115-116, 148-149 Savonar
оз. Б. Швакшты	54.58 26.34 28-31 Shvakshy
оз. Освейское	56.03 28.09 30-31, 20 Osveiskoe, 10, 14-16 Osveja
р. Котра	54.00 24.38 38-41 Kotra
оз. Богинское	55.24 26.49 71-73, 75 Boginskoe
оз. Лисно	56.06 28.41 66, 68-69, 74, 76, 78-82 Lisno, 66 Lisno
оз. Езерище	55.85 30.01 05, 07, 08, 34, 36, 38, 39, 18, 23, 24, 26, 1-3, 8 Ezerische
оз. Дривяты	55.61 27.03 20-21, 23, 27 Drivyaty
оз. Неспиш	55.65, 27.10 1-4 Nesphish
оз. Богинское	55.40, 26.81 76, 78-80, 82, 84, 85, 87 Boginskoe

Примечание – В графе «Место сбора» полужирным шрифтом отмечены наши данные

С целью проведения кластеризации гаплотипов леща была построена медианная сеть по алгоритму Median Joining network (объединение средних) (рис.).



**Рисунок - Медианная сеть последовательностей фрагмента гена *mtCOI A. brama***

Цветные кружки обозначают гаплотипы, обнаруженные в образцах леща обыкновенного, собранных в Беларуси и других странах Европы (частоты этих гаплотипов не представлены). Штрихи между узлами указывают на число мутаций. Радиус кругов пропорционален частоте гаплотипов

Установлено 10 гаплотипов с четко выделенным центральным гаплотипом (Hap\_1). Также посредством узловой замены отдельно выделяется гаплотип (Hap\_3), представленный последовательностями бассейна Аральского моря (Узбекистан и Туркменистан). К предположительно предковому, центральному гаплотипу Hap\_1 наряду с образцами из стран Западной и Южной Европы (Германия, Франция, Чехия, Австрия, Швеция, Дания, Швейцария и Греция), бассейна р. Волга и р. Дон России относятся практически все образцы леща обыкновенного из озер Браславской группы (Дривяты, Береже, Недрово, Савонар, Неспиш, Струсто), оз. Большие Швакшты Нарочанской группы озер, а также р. Котра и р. Днепр.

У образцов леща обыкновенного, отловленного в водных объектах Беларуси, ряд гаплотипов также являются уникальными в пределах одного озера, и не встречались в ходе исследования в других озерах (Hap\_5, Hap\_6, Hap\_8, Hap\_9, Hap\_10). При этом, гаплотипы Hap\_8, Hap\_5 и

*Нар\_6*, *Нар\_7* отличаются друг от друга на одну нуклеотидную замену и группируются отдельно. Особи с гаплотипом *Нар\_7* обитали в нескольких озерах Браславской группы (Савонар, Недрово, Береже).

Наличие предкового гаплотипа, а также уникальных гаплотипов у особей в водных объектах Беларуси может быть объяснено присутствием Черноморско-Балтийского водораздела с широко разветвленной гидрографической сетью, в ходе чего происходит активный обмен генетической информацией в процессе воспроизводства популяции.

Для проведения анализа генетического разнообразия по фрагменту гена *mtCOI* леща обыкновенного все имеющиеся образцы (как собственные, так и полученные из NCBI GenBank) были разделены на 5 групп с учетом морских и речных бассейнов (таблица 2).

Особи леща обыкновенного, отловленные в озерах Браславской группы (Струсто, Неспиш, Савонар, Береже, Недрово, Дривяты) для анализа были объединены в одну группу. Озера Освейское и Лисно также были объединены в одну группу (таблица 2).

Таблица 2. – Показатели генетического разнообразия фрагмента гена *mtCOI* леща обыкновенного водных объектов Беларуси и прилегающих территорий

Бассейн/Регион	n	S	H	Hd ±SD	$\pi$ ±SD	K	p	T's D
Бассейн Северного моря, Дания, Швеция, Германия, Швейцария, Чехия	14	2	3	0,484±0,142	0,00115±0,00036	0,703	0,0012	0,32098
Бассейн Черного моря, Австрия, Германия, Чехия	7	1	2	0,286±0,196	0,00047±0,00032	0,286	0,0004	-1,00623
Балтийское море, сист. Браславских озер	32	4	5	0,339±0,104	0,00067±0,00023	0,413	0,0007	-1,4738
Балтийское море, Зап. Двина, Освейское, Лисно	19	1	2	0,105±0,092	0,00017±0,00015	0,105	0,0002	-1,1649
Балтийское море, Зап. Двина, Езерище	15	1	2	0,514±0,069	0,00084±0,00011	0,514	0,0008	1,3759

Примечание – n – число последовательностей; S – число переменных сайтов; H – число гаплотипов; Hd – гаплотипическое разнообразие;  $\pi$  – нуклеотидное разнообразие; K – среднее число нуклеотидных различий; p – общая генетическая дистанция; SD – стандартное отклонение, T's D – тест Таджимы.

Можно заметить, что особи леща обыкновенного, отловленные в водных объектах Беларуси, характеризуются низким генетическим разнообразием. Результаты теста Таджимы всех исследованных групп (таблица 2) указывают на отсутствие в водных объектах Беларуси редких гаплотипов и на возможный всплеск численности и рост популяции.

Низкое генетическое разнообразие популяций *A. brama* на территории Западной Европы может быть результатом внезапного послеледникового пространственного и демографического расширения, последовавшего за сокращением ареала вида в течение четвертичных ледниковых периодов.

Считается, что Восточная Европа являлась основным рефугиумом для *A. brama* [9], хотя в Дунайско-Черноморском регионе возможно существование ледникового рефугиума в более восточных и более южных районах, чем считалось ранее. Как правило, наличие нескольких рефугиумов приводят в итоге к нескольким аллопатрически развившимся линиям, которые могут вступать во вторичные контакты во время их послеледниковой экспансии [6]. Отсутствие таких аллопатрических линий предполагает, что, либо некоторые линии не были отобраны, что маловероятно из-за широкого распространения мест отбора проб или то, что западноевропейские популяции *A. brama* ограничиваются одним происхождением. Ввиду наличия Черноморско-Балтийского водораздела, а также множества трансграничных рек, лещ заселял территорию Беларуси многократно из разных участков Европы, что и может объяснять наличие как предкового, так и уникальных гаплотипов.

#### Список использованных источников

1. Lammens, E. H. Differences in the exploitation of bream in three shallow lake systems and their relation to water quality / E. H. Lammens [et al.] // *Freshwater Biology*. – 2002. – 47. – P. 2435-2442.

2. Wolnomiejski, N. Food of common bream (*Abramis brama* L.) in the Szczecin Lagoon (Great Lagoon) / N. Wolnomiejski, I. Grygiel // Bulletin of the Sea Fisheries Institute 155. – 2002. – P. 58-65.
3. Kottelat, M. HANDBOOK of European Freshwater Fishes / M. Kottelat, J. Freyhof // Publications Kottelat, Cornol. – 2016. – 646 p.
4. Went, A. E. J. Notes on the introduction of some freshwater fish into Ireland / A.E.J. Went // Journal of the Department of Agriculture. – 1950. – 47. – P. 2-8.
5. Wheeler, A. Origin and distribution of freshwater fishes of British-Isles / A. Wheeler // Journal of Biogeography. – 1977. – 4. – P. 1-24.
6. Kotlik, P. Phylogeography of the barbel (*Barbus barbus*) assessed by mitochondrial DNA variation / P. Kotlik, P. Berrebi // Molecular Ecology. – 2001. – 10. – P. 2177-2185.
7. Mesquita, N. Phylogeography of the cyprinid *Squalius aradensis* and implications for conservation of the endemic freshwater fauna of southern Portugal / N. Mesquita [et al.] // Molecular Ecology. – 2005. – 14. – P. 1939-1954.
8. Ivanova, N.V. Universal primer cocktails for fish DNA barcoding / N.V. Ivanova [et al.] // Molecular Ecology Notes. – 2007. – 7(4). – P.544–548.
9. Ciesielski, S. Ancient and modern mitochondrial haplotypes of common bream (*Abramis brama* L.) in Poland / S. Ciesielski, D. Makowiecki // Ecology of Freshwater Fish. – 2005. – 14. – P. 278-282.