

Гудман С. Дж., Кларк Л., Джексон Э., Брук Т., Стеннаус Э., Статозцулу М., Кыдырманов А., Карамандин К., Баймуканов М.

Оценка генетической изменчивости, популяционной структуры и демографической истории каспийского тюленя (*Pusa caspica*) на основе анализа микросателлитных локусов и варьирования нуклеотидных последовательностей митохондриальной ДНК

1. Школа биологии, Университет Лидса, Лидс, Соединенное Королевство
 2. Институт микробиологии и вирусологии, Алматы, Казахстан
 3. Институт гидробиологии и экологии, Карасайский район, Алматы, Казахстан
-

Goodman S.J., Clarke L., Jackson A., Brooke T., Stenhouse E., Stathopoulou M., Kydyrmanov A., Karamendin K., Baimukanov M.

Assessment of genetic variation, population structure and demographic history of Caspian seals (*Pusa caspica*) using microsatellites and mitochondrial sequence variation

1. School of Biology, University of Leeds, Leeds, UK
2. Institute of Microbiology & Virology, Almaty, Kazakhstan
3. Institute of Hydrobiology & Ecology, Karasaysky Raion, Almaty, Kazakhstan

Понимание генетической изменчивости популяций является основополагающим для управления популяциями и планирования мер по охране многих видов, находящихся под угрозой исчезновения, в то время как демографическая история предоставляет данные о том, как виды реагировали на изменения окружающей среды и экологии в целом.

Виды, размножающиеся в условиях полярных льдов, обычно характеризуются высоким уровнем генетической изменчивости и простой структурой популяций. В частности, для них характерны популяции с высокой эффективной численностью на протяжении длительного времени при незначительной сегрегации размножающихся групп животных в преимущественно однородных местообитаниях и небольшом количестве препятствий для распространения (Martinez-Bakker et al. 2013). По нашим соображениям, каспийский тюлень обладает такими же характеристиками – у него исторически крупные по размеру популяции при отсутствии препятствий для перемещения по Каспийскому морю, которое является внутриматериковым и небольшим, если принять во внимание возможности перемещения тюленей. Следует также учесть, что вся популяция тюленей размножается в ограниченном районе зимних ледяных полей, что препятствует изоляции различных репродуктивных групп (Dmitrieva et al. 2016).

Understanding patterns of population genetic variation is fundamental for management of stocks and conservation planning for many threatened species, while past demographic history can inform how species responded to past environmental and ecological changes.

Polar ice-breeding seal species typically have high levels of genetic variation and low levels of population structure, reflecting large long term effective population sizes, few barriers to dispersal and little segregation of breeding aggregations in a largely homogeneous habitat (Martinez-Bakker et al. 2013). We would predict Caspian seals to follow a similar pattern due to large historical population sizes; no barriers to movement within the Caspian Sea, which is landlocked and small compared to the dispersal capacity of seals; and because almost the entire population breeds within a small area of the winter ice field in the Northern Caspian, giving limited potential for isolation of different reproductive groups (Dmitrieva et al. 2016).

Here we present an assessment of genetic population structure, levels of genetic variation, and inferences on past demographic history of Caspian seals using 7 microsatellites (40 individuals), a total

Ниже мы представим оценку генетической структуры популяций, уровня генетической изменчивости и выводы о демографической истории каспийского тюленя на основании анализа семи микросателлитных локусов (40 особей), последовательностей первой субъединицы гена цитохром оксидазы (COI - 511 п.о.) и контрольного региона (CR, 496 п.о. мтДНК от 66 особей плюс полные последовательности митохондриального генома от 20 особей). Выборка представляла собой набор проб крови или ткани, взятых у животных на Апшеронском полуострове (Азербайджан), Гуйланской провинции (Иран), а также из Кендирли, бухты Комсомолец и полуострова Мангистау (Казахстан), при этом выборка составляла 6 до 36 особей в каждом исследуемом месте в зависимости от маркера.

Микросателлитные локусы обнаружили высокий уровень изменчивости со средним показателем гетерозиготности, равным 0,8 в среднем по всем локусам. В районах, где брались пробы, не было выявлено какой-либо достоверной структуры ни с использованием критерия F_{st} ($F_{st} = 0,03$, $P > 0,05$), ни методом Байесовского кластерного анализа с использованием программы Structure (Pritchard et al. 2000), продемонстрировавшем наилучшее соответствие полученных данных единому генофонду для всей выборки ($K=1$).

При изучении митохондриальной изменчивости было отмечено 63 гаплотипа CR при значении индекса гаплотипического разнообразия $0,999 (\pm 0,003)$ и индекса нуклеотидного разнообразия $0,02397 \pm (0,00139)$. Для COI было обнаружено 25 гаплотипов при значении индекса гаплотипического разнообразия $0,924 (\pm 0,015)$ и индекса нуклеотидного разнообразия $0,00524 (\pm 0,00041)$. Сходные показатели изменчивости были обнаружены для кодирующих и некодирующих участков при анализе 20 полных митохондриальных геномов, последовательность каждого из которых была уникальна. В целом отмеченный уровень генетической изменчивости сходен с таковым у арктической кольчатой нерпы (Martinez-Bakker et al. 2013).

Анализ молекулярной дисперсии (AMOVA) не выявил какую-либо достоверную популяционную структуру для COI ($F_{st} = -0,00275$, $P = 0,424$), при этом для CR была обнаружена весьма слабая, но достоверная структура ($F_{st} = 0,00384$, $P = 0,002$). Однако к полученному результату следует относиться с большой осторожностью – он, видимо, является результатом высокого содержания уникальных гаплотипов. Об отсутствии структуры также свидетельствует характер медианной сети гаплотипов, построенной методом median joining и филогенетиче-

of 511 and 496 bp of sequence respectively from mitochondrial Cytochrome Oxidase I (COI) and the Control Region (CR) from 66 individuals, plus complete mitochondrial genome sequences for 20 individuals. The sample set consisted of blood or tissue samples collected from Apsheron peninsula, Azerbaijan, Guilan province Iran, plus the Kendirli, Komsomolets Bay, and Mangistau peninsula areas of Kazakhstan, with sample sizes ranging from 6 to 36 individuals per location for different markers.

For the microsatellites, high levels of variation were found with a mean heterozygosity of 0.8 across all loci. No significant population structure was detected among sampling locations using either F_{st} ($F_{st}=0.03$, $P>0.05$) or Bayesian clustering analysis using Structure (Pritchard et al. 2000), with a single genetic pool ($K=1$) having the best fit to the data.

For mitochondrial variation, 63 unique CR haplotypes were obtained, with a haplotype diversity of $0.999 (\pm 0.003)$ and nucleotide diversity of $0.02397 \pm (0.00139)$. For COI, 25 unique haplotypes were found yielding a haplotype diversity of $0.924 (\pm 0.015)$ and nucleotide diversity of $0.00524 (\pm 0.00041)$. Similar patterns of diversity were found for non-coding and coding regions in the 20 complete mitochondrial genomes, which were all unique haplotypes. Overall the level of genetic variation is comparable to Arctic ringed seals (Martinez-Bakker et al. 2013).

An AMOVA analysis found no significant population structure for COI ($F_{st} = -0.00275$, $P = 0.424$), but for the CR very weak but significant structure was detected ($F_{st} = 0.00384$, $P = 0.002$). However, the latter result should be treated very cautiously and is likely to arise due to the high proportion of unique haplotypes. The absence of structure is further supported by median joining haplotype networks and Bayesian phylogenetic tree reconstruction which revealed no geographic clustering of haplotypes, and low support for internal nodes within Caspian seal population trees, for all sequence regions and the complete genomes.

Mismatch distribution and Bayesian Skyline analysis of mitochondrial sequences indicated a significant signal for a population expansion, and further analysis is underway to evaluate the timing of this event. Potentially this demographic change may be related to past episodes of climate or environmental variation in the Caspian Sea region. Further analysis

ского древа, построенного Байесовым алгоритмом, выявившая отсутствие географических кластеров гаплотипов, наряду с низкой поддержкой внутренних узлов в популяционных деревьях каспийского тюленя, реконструированных для последовательностей всех проанализированных участков и для полных геномов.

Рассогласованное распределение и Байесовский контурный анализ митохондриальных последовательностей в значительной мере свидетельствуют о популяционной экспансии, и в настоящее время поводится дальнейшее исследование с тем, чтобы выявить временные рамки названного события. Потенциально указанные демографические изменения могут быть связаны с прошлыми эпизодами изменчивости окружающей среды в регионе Каспийского моря. Требуются дальнейшие исследования для обоснования этого вывода, но имеющиеся данные свидетельствуют о том, что популяция обладает устойчивостью к изменениям окружающей среды.

is required refine this, but it suggests the population may have some resilience to environmental change.

Список использованных источников / References

- Dmitrieva L, Jüssi M, Jüssi I, Kasymbekov Y, Verevkin M, Baimukanov M, Wilson S, Goodman SJ. Individual variation in seasonal movements and foraging strategies of a land-locked, ice-breeding pinniped. *Marine Ecology Progress Series* 554. 2016. P. 241-256.
- Martinez-Bakker ME, Sell SK, Swanson BJ, Kelly BP, Tallmon DA. Combined Genetic and Telemetry Data Reveal High Rates of Gene Flow, Migration, and Long-Distance Dispersal Potential in Arctic Ringed Seals (*Pusa hispida*). *PLoS One* 8: e77125. 2013.
- Pritchard JK, Stephens M and Donnelly P. Inference of Population Structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945-59. 2001.