

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ В ПОПУЛЯЦИЯХ ИГЛЫ-РЫБЫ *SYNGNATHUS NIGROLINEATUS* EICHWALD 1831 И ПУТИ РАССЕЛЕНИЯ В ВОДОЁМЫ БАССЕЙНА ВОЛГИ НА ОСНОВАНИИ АНАЛИЗА ПОСЛЕДОВА- ТЕЛЬНОСТЕЙ МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК

© 2013 Кирюхина Н.А.

Институт проблем экологии и эволюции им. А. Н. Северцова,
Москва 119071, nkiryukhina@gmail.com

Поступила в редакцию 20.06.2013

Изучены выборки из 5 популяций *S. nigrolineatus*: Куйбышевское вдхр., Волгоградское вдхр., дельта Волги, Каспийское море, Чёрное море. Получено 92 последовательности фрагмента гена цитохрома *b* мтДНК (507 п. н.). Найдены общие гаплотипы для популяций волжских водохранилищ, дельты Волги и Чёрного моря. Популяция из Каспийского моря не имеет общих гаплотипов с другими популяциями. Популяции Чёрного и Каспийского морей представляют собой генетически обособленные группы. Популяции волжских водохранилищ по происхождению являются черноморскими.

Ключевые слова: игла-рыба, *Syngnathus nigrolineatus*, цитохром *b*, мтДНК, понто-каспийский регион.

Введение

Стремительное распространение видов-вселенцев несёт в себе опасность как для экосистем, так и для общества. Изучение генетики видов-вселенцев, с одной стороны, может дать новые знания о ранних этапах дифференцировки популяций, о механизмах, лежащих в основе успеха колонизации, с другой стороны – помогает находить пути и источники инвазии, что имеет большое значение для прогнозирования и проведения превентивных мероприятий [Lee, 2002].

Одним из видов рыб, распространяющихся по водоёмам европейской части России, является черноморская пухлощёкая игла-рыба *Syngnathus nigrolineatus* Eichwald 1831. До недавнего времени этот вид населял только прибрежные воды Чёрного, Азовского и Каспийского морей и устья впадающих в них рек. Выделяют каспийский и

черноморский подвиды этого вида (*S. nigrolineatus caspius* и *S. nigrolineatus nigrolineatus*), которые по морфологическим признакам различаются слабо [Берг, 1949]. После создания водохранилищ в бассейнах Днепра, Дона и Волги игла-рыба образовала в них устойчивые популяции [Кудерский, 1971; Евланов и др., 1998; Завьялов и др., 2007].

Существуют различные версии относительно путей проникновения пухлощёкой игла-рыбы в Волгу. Кудерский полагал, что поскольку каспийский подвид высоко в реки не поднимается, происходило саморасселение этого вида в волжские водохранилища из Чёрного моря, [Кудерский, 1971]. Абрамов с соавторами [2002] считали, что игла-рыба могла быть случайно завезена при интродукции беспозвоночных из Цимлянского водохранилища или же расселение каспий-

ского подвида происходило из низовьев Волги. Обозначенные ранее пути расширения ареала пухлощёкой иглы-рыбы основывались на сравнительном анализе морфологии материнских и инвазионных популяций и документированных случаях преднамеренной интродукции гидробионтов в бассейны Днепра, Дона и Волги. Однако ввиду незначительности морфологических отличий каспийского и черноморского подвидов и перекрываемости диагностических признаков, результаты морфологического анализа не могут трактоваться однозначно [Кирюхина, 2013]. В связи с этим представляется целесообразным использование молекулярно-генетических методов, обладающих большим разрешением и часто применяемых для выяснения путей инвазий рыб [Nelson, Stepien, 2011; Brown, Stepien, 2009].

Основной целью настоящего исследования является: оценка молекулярно-генетического разнообразия гена цитохрома *b* мтДНК в аборигенных и инвазионных популяциях пухлощёкой иглы-рыбы *Syngnathus nigrolineatus*, а также выяснение путей расселения этого вида.

Материалы и методы

При рассмотрении молекулярно-генетического разнообразия был использован материал из 3-х нативных популяций *S. nigrolineatus*: Каспийское море (бухта Сулак, устье Терека, 2008, 14 экз.), Чёрное море (Таманский залив, 2007, 29 экз.) и дельта Волги (р. Кривой Бузан, 2008, 11 экз.) и 2-х инвазионных популяций: Куйбышевское вдхр. (2010, 29 экз.) и Волгоградское вдхр. (в черте г. Саратова, 2006, 19 экз.). Кроме того, были собраны два экземпляра *S. typhle* (Таманский залив, 2007). Все образцы фиксировались в 96%-м спирте.

Экстракция ДНК проводилась из кусочка ткани туловищного отдела рыбы с помощью набора реагентов Diatom Prep (Изоген, Москва, Россия) согласно протоколу производителя.

Для амплификации гена цитохрома *b* мтДНК *S. nigrolineatus* были разработаны праймеры: (Fcytb 14295)

5' – СТТГАААААССАССГТТГТААТ – 3' и (Rcytb 15135) 5' – ААГААГТАТСАТТСТГГСТТААТАТГ – 3'.

Определение первичной последовательности ДНК в исследуемом фрагменте мтДНК проводили на автоматическом анализаторе ABI 310 с использованием соответствующих праймеров и набора ABI PRISM Big Dye Terminator Cycle sequencing kit v.3.1 (Applied Biosystems, США) в соответствии с протоколами фирмы изготовителя.

Сравнение с образцами рода *Syngnathus* из базы Genbank производилось с помощью программы «Blast» на сайте NCBI (National Center for Biotechnology Information) www.ncbi.nlm.nih.gov.

Лабораторная часть работы проведена в Кабинете методов молекулярной диагностики ИПЭЭ РАН, а определение последовательности ДНК – в Межинститутском Центре коллективного пользования «ГЕНОМ» ИМБ РАН www.genome-centre.narod.ru.

Полученные последовательности были выравнены с помощью программы BioEdit 7.0.9.0. [Hall, 1999]. В программе DNASP v5 [Librado, Rozas, 2009] были реконструированы гаплотипы и посчитано нуклеотидное (π) и гаплотипическое разнообразие. Расчёт индексов F_{st} (бутстреп тест 5000 повторностей) и тест Рэймонда и Роуссета [Raymond, Rousset, 1995] (для проверки гипотезы о равенстве распределений гаплотипов между популяциями) проводились в программе Arlequin v.3.5.1.2 [Excoffier, Lischer, 2010]. Сети гаплотипов строились в программе TSC 1.21 [Clement et al., 2000]. С помощью программы Jmodel Test 2.0.2 [Guindon, Gascuel, 2003; Durrin et al., 2012] была выбрана модель нуклеотидных замен для фрагмента гена цитохрома *b* (TIM2+G). В программе MrBayes 3.1.2 [Ronquist, Huelsenbeck, 2003] был проведён байесовский филогенетический анализ с использованием приведённых выше моделей (2 запуска, 5 000 000 генераций алгоритма MCMCMC, 50 000 деревьев для расчёта достоверности).

Таблица 1. Генетическое разнообразие в различных популяциях *S. nigrolineatus*

Выборка	N	S	π	Nh	Hd
Куйбышевское водохранилище	22	1	0.0007 \pm 0.0002	2	0.368 \pm 0.100
Волгоградское водохранилище	19	6	0.0019 \pm 0.0005	5	0.620 \pm 0.099
Дельта Волги	11	1	0.0010 \pm 0.0002	2	0.509 \pm 0.101
Каспийское море	14	20	0.0079 \pm 0.0019	10	0.890 \pm 0.081
Чёрное море	26	11	0.0027 \pm 0.0005	11	0.797 \pm 0.070

Примечания: S – число полиморфных сайтов; π – нуклеотидное разнообразие; Nh – количество гаплотипов; Hd – гаплотипическое разнообразие.

Результаты

В результате проведённого исследования были получены последовательности фрагмента гена цитохрома b мтДНК (507 п. н.) *S. nigrolineatus* (N=92) и *S. typhle* (N=2). Всего для последовательностей *S. nigrolineatus* было обнаружено 39 полиморфных сайтов. В таблице 1 приведены данные по нуклеотидному и гаплотипическому разнообразию.

Наибольшим уровнем нуклеотидного разнообразия характеризуется выборка из Каспийского моря. На втором месте по этому показателю стоит выборка из Чёрного моря. В волжских популяциях (Куйбышевское и Волгоградское водохранилища, дельта Волги) наблюдается самый низкий уровень нуклеотидного разнообразия.

Нами было описано 25 гаплотипов. Среди них 21 гаплотип уникален, гаплотип a24 встречается у двух особей выборки из Чёрного моря, а гаплотип a7 – у пяти особей выборки из Каспийского моря. Гаплотипы (a1, a2) обнаружены во всех выборках за исключением выборки из Каспийского моря. В выборках из дельты Волги и Куйбышевского вдхр. были описаны только эти два гаплотипа, в выборках из Волгоградского вдхр. и Чёрного моря у большей части особей обнаружены гаплотип a1 или a2 (Волгоградское вдхр.: a1 – 26%, a2 – 53%; Чёрное море: a1 – 19%, a2 – 42%).

Гаплотипическое разнообразие более высокое в выборках Чёрного и Каспийского морей.

Для установления степени родства между гаплотипами были построены сети гаплотипов (рис. 1). На полученных сетях гаплотипов выделяются два кластера «каспийский» и «черноморский», отстоящие друг от друга на 7 нуклеотидных замен. К «каспийскому» кластеру принадлежат особи из каспийской популяции, а «черноморский» кластер включает в себя представителей оставшихся выборок. Оба кластера имеют звёздчатую структуру, в центре расположены общие гаплотипы, вокруг которых группируются все остальные.

Инвизионные популяции волжских водохранилищ на сетях оказываются родственными черноморским популяциям и даже имеют общие гаплотипы. Интересно, что популяция из дельты Волги также принадлежит к «черноморскому» кластеру. Возможно, она могла образоваться при вторичной инвазии из водохранилищ вниз по Волге. С другой стороны «черноморские» гаплотипы могли проникнуть в дельту Волги во время последнего контакта Чёрного и Каспийского морей около 9000 лет назад.

В качестве меры дифференциации популяций мы использовали парные индексы Fst, а для проверки гипотезы об идентичности распределений гаплотипов среди популяций использовался тест Рэймонда и Роуссета [Raymond, Rousset, 1995] (табл. 2). Этот тест показал значимые различия в распределении гаплотипов между каспийской и остальными выборками.

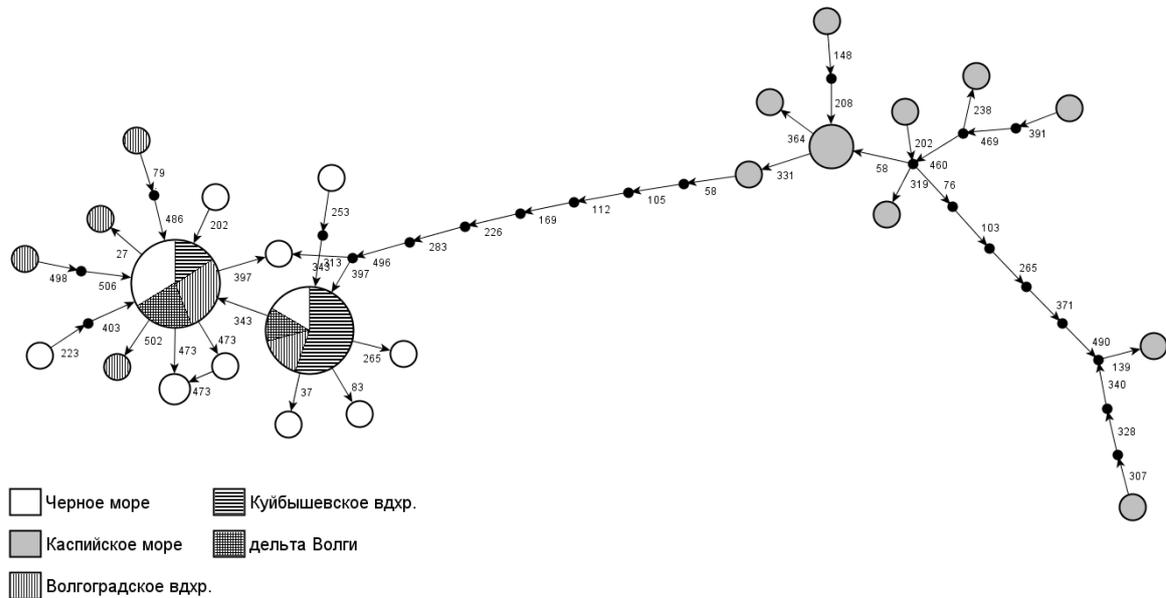


Рис. 1. Парсимониальная сеть гаплотипов *S. nigrolineatus* на основании фрагмента гена цитохрома b.

Таблица 2. Парные генетические расстояния между популяциями *S. nigrolineatus*

Выборка	Куйбышевское вдхр.	Волгоградское вдхр.	Волга	Каспийское море	Чёрное море
Куйбышевское водохранилище		+**	–	+***	+**
Волгоградское водохранилище	0.264***		–	+***	–
Волга	0.251	-0.042		+***	–
Каспийское море	0.816***	0.783***	0.764***		+***
Чёрное море	0.153**	-0.008	0.045	0.780***	

Примечания. В таблице под диагональю приведены индексы Fst, над диагональю – результаты теста Рэймонда и Роуссета (+ найдены значимые отличия в распределении гаплотипов, – нет значимых отличий), звёздочками указан уровень значимости: * – $P < 0,05$; ** – $P < 0,01$; *** – $P < 0,001$. Поправка на множественные сравнения не вводилась.

Выборка Каспийского моря наиболее «удалена» от остальных. Низкие и не достоверные значения Fst между выборками из Чёрного моря, Волги и Волгоградского вдхр. свидетельствуют о существовании ограниченного потока генов между этими популяциями. Сходство между выборками Волги и Волгоградского вдхр. говорит в пользу гипотезы о вторичном заселении дельты Волги из водохранилищ.

Для уточнения филогенетических отношений между каспийским и черноморским подвидами *S. nigrolineatus* мы построили дерево гаплотипов (рис. 2) на основании байесовского анализа (BI). В качестве внешней группы был взят другой вид рода *Syngnathus* – *S. typhle*. На дереве выделяются два кластера с

высокой степенью поддержки, соответствующие каспийским и черноморским гаплотипам *S. nigrolineatus*, что говорит о генетической обособленности подвидов иглы-рыбы. На дереве *S. typhle* также входит в один кластер с черноморскими *S. nigrolineatus*. Интересно, что в статье Санна с соавторами [Sanna et al., 2013] представлена аналогичная ситуация с *S. taenionotus*, которая на сетях и деревьях кластеризуется вместе с западно-средиземноморской группой *S. abaster*, что может говорить о полифилии *S. abaster*. Фанк и Омланд [Funk, Omland 2003], проанализировав литературу по построению филогений животных на основании мтДНК (584 п. н.), обнаружили 23% полифилий или парафилий на видовом уровне. Причинами

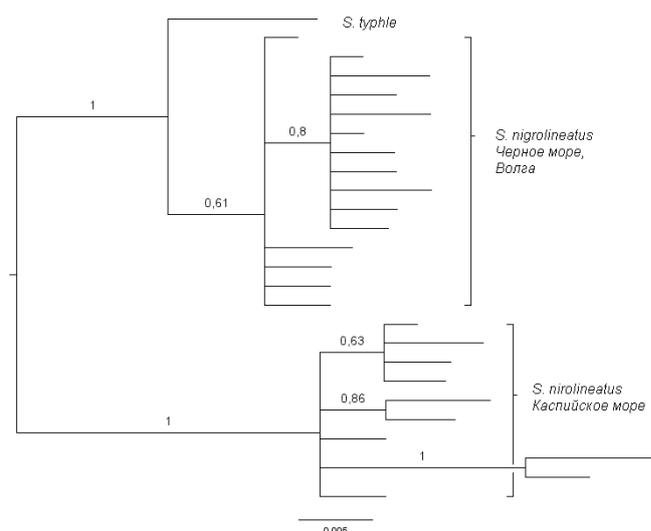


Рис. 2. Байесовское консенсусное дерево, основанное на анализе гаплотипов фрагмента гена цитохрома b мтДНК (507 п. н.) *S. nigrolineatus*.

поли- или парафилии может быть несовершенная таксономия, гибридизация, неполная сортировка линий во время видообразования (incomplete lineage sorting).

Обсуждение

В нашем исследовании мы обнаружили существование генетически обособленных групп *S. nigrolineatus* в Чёрном и Каспийском морях, ранее сходные данные получены нами для контрольного региона мтДНК [Кирюхина, Холодова, 2011]. Для других видов рода *Syngnathus* также выявлена сложная внутривидовая структура на ареале. В недавней статье Санна с соавторами [Sanna et al., 2013] для *S. abaster* в Средиземном море выявлено три генетически обособленных группировки (Тунисская, Итальянская (побережье Италии, Венеция), Западно-средиземноморская (побережье Франции, Испании)), которые, по мнению авторов, могут рассматриваться как отдельные виды. Для *S. typhle* на основании мтДНК выделяются черноморский и средиземноатлантический кластеры, последний также подразделяется на более мелкие группировки [Wilson, Eigenmann, 2010]. Кроме того, этот факт согласуется с геологической историей понтокаспийского региона: бассейны Чёрного и Каспийского морей разделились в начале плиоцена (4–5 млн лет назад)

[Reid, Orlova, 2002]. Несмотря на существование периодической связи между морями, для ряда других видов также показано существование генетической дивергенции между черноморскими и каспийскими популяциями. Например, филогенетический анализ понтокаспийских ракообразных (*Cercopagis pengoi*, *Podonevadne trigona*, *Cornigerius maeoticus*, *Pontogammarus maeoticus*, *P. crassus*, *P. robustoides*) показал существование каспийской и черноморской клад у всех шести видов [Cristescu et al., 2003], аналогичный филогеографический паттерн показан для рыб *Neogobius melanostomus* [Brown, Stepien, 2009], *N. fluviatilis* [Nelson, Stepien, 2011], *Leuciscus cephalus* [Durand et al., 1999].

Проведённый нами филогенетический анализ подтверждает гипотезу о черноморском происхождении инвазивных популяций волжских водохранилищ. Собранные нами образцы из дельты Волги также вошли в «черноморский» кластер. Возможно иглы-рыбы «черноморского происхождения» проникли в дельту Волги в результате нисходящей инвазии из водохранилищ. Также известно, что до строительства водохранилищ каспийские пухлощёкие иглы-рыбы заходили в дельту Волги и поднимались до Астрахани [Берг, 1949], поэтому в настоящее время дельта Волги может являться зоной контакта

каспийского и черноморского подвидов. С другой стороны пухлощёкие иглы-рыбы могли проникнуть в дельту Волги во время последнего контакта Чёрного и Каспийского морей через Кумо-Манычскую впадину (~ 9000 лет назад) [Зенкевич, 1963]. Мэй с соавторами [May et al., 2006] предполагает аналогичный путь проникновения гаплотипов А и В моллюска *Dreissena polymorpha* в северо-западную часть Каспийского моря.

Интересно, что путь заселения Волги из Чёрного моря описан для ряда видов. Так, новообразованные популяции ракообразных *Cercopagis pengoi*, *Cornigerius maeoticus* Волгоградского вдхр. происходят из Чёрного моря [Cristescu et al., 2003]. Аналогичная ситуация наблюдается для моллюска *Lithoglyphus naticoides* [Яковлев и др., 2009]. Распространению черноморской фауны в Волге способствовало строительство Волго-Донского канала и преднамеренная, а также сопряжённая с ней случайная интродукция гидробионтов из дельты Дона и Днепра в волжские водохранилища. Кроме того, возможно существует некоторое сходство экологических условий лиманов и опреснённых участков Чёрного моря и волжских водохранилищ. Популяции, населяющие бассейны Чёрного и Каспийского морей, приспособлены к различным условиям. Например, для ряда видов ракообразных (распространённых в бассейнах обоих морей) известно, что черноморские популяции населяют опреснённые местообитания, а каспийские популяции обитают в местах с большей солёностью [Зенкевич, 1963].

Исследованные нами популяции волжских водохранилищ характеризовались сниженным генетическим разнообразием в сравнении с аборигенными популяциями. Снижение генетического разнообразия часто наблюдается в новообразованных популяциях, что может быть связано с небольшим числом основателей и различными случайными событиями. Так, например, в инвазионных популяциях рачка *Echinogammarus ischnus* описан только один гаплотип

[Cristescu et al., 2004]. Популяция *S. nigrolineatus* дельты Волги также характеризуется низким генетическим разнообразием, что может говорить о её недавнем происхождении.

Заключение

1. По данным, полученным на основании анализа последовательностей фрагмента гена цитохрома b мтДНК, популяции пухлощёкой иглы-рыбы *S. nigrolineatus* Каспийского и Чёрного морей представляют генетически обособленные группы.

2. Исследованные популяции *S. nigrolineatus* волжских водохранилищ генетически близки к популяциям бассейна Чёрного моря и происходят от них.

3. Выборки *S. nigrolineatus* из волжских водохранилищ и дельты Волги характеризуются сниженным гаплотипическим и нуклеотидным разнообразием. Вероятно, из водохранилищ произошло вторичное заселение низовьев Волги.

Благодарности

Автор благодарен всем коллегам, оказавшим помощь в сборе материала: А.К. Устарбекову, Ю.А. Малининой, В.В. Осипову, Е.Д. Васильевой, В.П. Васильеву.

Работа выполнена при финансовой поддержке Программы Президиума РАН «Живая природа: современное состояние и проблемы развития» (подпрограмма «Динамика и сохранение генофондов») и Соглашением № 8051 между МинобрНауки, РАН и ИПЭЭ РАН.

Литература

- Абрамов К.В., Зусмановский Г.С., Михеев В.А. О черноморской игле-рыбе *Syngnathus nigrolineatus* Eichwald, 1831, в Куйбышевском и Саратовском водохранилищах // В сб.: Природа Симбирского Поволжья / Ред. О.Е. Бородин и др. Ульяновск, 2002. Вып. 3. С. 191–193.
- Берг Л.С. *Syngnathus nigrolineatus* Eichwald. – Черноморская игла-рыба // В кн.: Рыбы пресных вод СССР и

- сопредельных стран. М.; Л.: Изд-во АН СССР, 1949. Ч. 3. С. 927–1382.
- Евланов И.А., Козловский С.В., Антонов П.И. Кадастр рыб Самарской области. Тольятти: ИЭВБ РАН, 1998. 222 с.
- Завьялов Е.В., Ручин А.Б., Шляхтин Г.В. и др. Рыбы севера Нижнего Поволжья. Кн. 1. Состав ихтиофауны, методы изучения // Саратов: Изд-во Саратов. ун-та, 2007. 208 с.
- Зенкевич Л.А. Биология морей // М.: Изд-во АН СССР, 1963. 740 с.
- Кирюхина Н.А. Морфологическая изменчивость пухлощёкой иглы-рыбы *Syngnathus nigrolineatus* в связи с её инвазией в водоёмы бассейна Волги // Российский журнал биологических инвазий. 2013. № 2. С. 149–155.
- Кирюхина Н.А., Холодова М.В. Анализ полиморфизма контрольного региона митохондриальной ДНК в аборигенных и инвазийной популяциях черноморской пухлощёкой иглы-рыбы *Syngnathus nigrolineatus* Eichwald 1831 // Доклады Академии Наук. 2011 Т. 436 № 6 С. 1–3.
- Кудерский Л.А. Ещё о саморасселении рыб // Рыбохозяйственное изучение внутренних водоёмов. 1971. Сб. 6. С. 22–25.
- Яковлев В.А., Ахметзянова Н.Ш., Яковлева А.В. Встречаемость, распределение и размерно-весовые характеристики [Gastropoda: Hydrobiidae] в верхней части Куйбышевского водохранилища // Российский журнал биологических инвазий. 2009. № 1. С. 50–64.
- Brown J.E., Stepien C.A. Invasion genetics of the Eurasian round goby in North America: tracing sources and spread patterns // *Molecular Ecology*. 2009. V. 18. P. 64–79.
- Clement M., Posada D., Crandall K. TCS: a computer program to estimate gene genealogies // *Molecular Ecology*. 2000. V. 9[10]. P. 1657–1660.
- Cristescu M.E.A., Hebert P.D.N., Onciu T.M. Phylogeography of Ponto-Caspian crustaceans: a benthic-planktonic comparison // *Molecular Ecology*. 2003. V. 12. P. 985–996.
- Cristescu M.E.A., Witt J.D.S., Grigorovich I.A., Hebert P.D.N., MacIsaac H.J. Dispersal of the Ponto-Caspian amphipod *Echinogammarus ischnus*: invasion waves from the Pleistocene to the present // *Heredity*. 2004. V. 92. P. 197–203.
- Darriba D., Taboada G.L., Doallo R., Posada D. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing // *Nature Methods*. 2012. 9[8].P. 772.
- Durand J.D., Persat H., Bouvet Y. Phylogeography and postglacial dispersion of the chub [*Leuciscus cephalus*] in Europe // *Molecular Ecology*. 1999. V. 8 P. 989–997.
- Excoffier L., Lischer H.E. L. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows // *Molecular Ecology Resources*. 2010. V. 10. P. 564–567.
- Funk D.J., Omland K.E. Species-Level paraphyly and polyphyly: frequency, causes, and consequences, with insights from animal mitochondrial DNA // *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics*. 2003. V. 34. P. 397–423.
- Guindon S., Gascuel O. A simple, fast and accurate method to estimate large phylogenies by maximum-likelihood // *Systematic Biology*. 2003. V. 52. P. 696–704.
- Hall T.A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT // *Nucl. Acids. Symp.* 1999. Ser. 41. P. 95–98.
- Lee C.E. Evolutionary genetics of invasive species // *Trends in Ecology and Evolution*. 2002. V. 17. №. 8. P. 386–391.
- Librado P., Rozas J. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data // *Bioinformatics*. 2009. V. 25. P. 1451–1452.
- May G.E., Gelembiuk G.W., Panov V.E., Orlova M.I., Lee C.E. Molecular ecology of zebra mussel invasions // *Molecular Ecology*. 2006. V. 15. P. 1021–1031.

- Neilson, M.E., Stepien C.A. Historic speciation and recent colonization of Eurasian monkey gobies (*Neogobius fluviatilis* and *N. pallasii*) revealed by DNA sequences, microsatellites, and morphology // *Diversity and Distributions*. 2011. P. 1–15.
- Raymond M., Rousset F. An exact test for population differentiation // *Evolution*. 1995. V. 49. P. 1280–1283.
- Reid D.F., Orlova M.I. Geological and evolutionary underpinnings for success of Ponto-Caspian species invasions in Baltic Sea and North American Great Lakes // *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 2002. V. 49. P. 1280–1283.
- Ronquist F., Huelsenbeck J.P. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models // *Bioinformatics*. 2003. V. 19[12]. P. 1572–1574.
- Sanna D., Biagi F., Alaya H.B., Maltagliati F., Addis A., Romero A., De Juan J., Quignard J-P., Castelli A., Franzoi P., Torricelli P., Casu M., Carcupino M., Francalacci P. Mitochondrial DNA variability of the pipefish *Syngnathus abaster* // *Journal of Fish Biology*. 2013. V. 82. P. 856–876.
- Wilson A.B., Eigenmann V.I. The impact of Pleistocene glaciation across the range of a widespread European coastal species // *Molecular Ecology*. 2010. V. 19. P. 4535–4553.

MOLECULAR AND GENETIC VARIABILITY IN POPULATIONS OF *SYNGNATHUS NIGROLINEATUS* EICHWALD 1831 AND THE WAYS OF SETTLING INTO THE VOLGA RIVER BASINS ON THE BASIS OF MITOCHONDRIAL DNA SEQUENCE ANALYSIS

© 2013 Kiryukhina N.A.

A.N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution, Moscow
119071, nkiryukhina@gmail.com

The samplings from 5 populations of *S. nigrolineatus*: Kuibyshev Reservoir, Volgograd Reservoir, the Volga delta, the Caspian Sea, and the Black Sea are studied. Ninety two sequences of the gene cytochrome b mitochondrial DNA (507 b.p.) were obtained. The common haplotypes for the populations of the Volga reservoirs, delta of the Volga and the Black Sea are found. The population from the Caspian Sea has no common haplotypes with the other ones. The populations of the Black and Caspian seas represent genetically isolated groups. The populations of the Volga reservoirs are the Black Sea ones in their origin.

Key words: black-striped pipefish, *Syngnathus nigrolineatus*, cytochrome b, mitochondrial DNA, Ponto-Caspian Region.