

УДК 597.115:597.587.1

**Предварительные результаты исследований
генетического разнообразия европейской ставриды
(*Trachurus trachurus*) в водах Марокко**

П. К. Афанасьев, А. И. Глубоков

Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства и океанографии (ФГБНУ «ВНИРО»), г. Москва

В статье описаны предварительные результаты проводимых исследований структуры запасов европейской ставриды в водах Марокко. Материалом исследований являются выборки из траловых уловов европейской ставриды в водах Марокко, собранные в ходе работы научного наблюдателя в 2014 г. Представлены результаты апробации 16 микросателлитных локусов, впервые обнаруженных на различных видах рыб рода *Trachurus*, на образцах европейской ставриды. Данна краткая характеристика 16 апробированных локусов. Представлены результаты генотипирования образцов европейской ставриды из уловов в водах Марокко по 3 отобранным для дальнейшей работы микросателлитным локусам. Представлены данные по размеру ГДЦР продуктов, количеству обнаруженных аллелей и дифференцирующей способности отобранных локусов. Статья содержит предварительные результаты статистического анализа генетического разнообразия уловов ставриды в водах Марокко, а также результаты расчета генетических дистанций между исследованными выборками. Сделаны предположения о возможных причинах наличия генетической неоднородности исследованных выборок европейской ставриды.

Ключевые слова: европейская ставрида *Trachurus trachurus*, популяционная структура, микросателлитные локусы, генетическое разнообразие.

ВВЕДЕНИЕ

Воды Северо-Западной Африки являются районом интенсивного международного и национального промыслов. На Канарское течение и через него на весь субтропический круговорот и Северо-Атлантическое течение существенное влияние оказывает процесс поднятия холодных и богатых биогенами вод, развивающийся под воздействием сгонного северо-восточного пассата у северо-западных берегов Африки. Этот процесс определяет высокую продуктивность района.

Основными объектами пелагического промысла в ИЭЗ Марокко являются обыкновенная ставрида, скумбрия, а также плоская и круглая сардинеллы и сардина [Глубоковский и др., 2013; Глубоковский и др., 2015]. Для российских рыбаков наиболее экономически привлекателен промысел ставриды.

Структура запасов ставриды у побережья северо-западной Африки изучалась как морфологическими методами, так и с применением генетических маркеров, в том числе мтДНК и микросателлитов [Murta, 2000; Murta

et al., 2008; Abuanza et al., 2008; Галактионова, Доманевский, 1989; Cimmaruta et al., 2008; Karaiskou et al., 2003, 2004; Kasapidis, Magoulas, 2008], однако в большинстве опубликованных работ внимание, главным образом, сосредоточено на северной части ареала обитания ставриды.

Основной целью нашей работы является изучение популяционно-генетической структуры европейской ставриды в водах Марокко, где российский промысел ведется наиболее интенсивно.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В ходе работы было исследовано пять выборок ставриды (*Trachurus trachurus L.*) из четырех локальностей, собранных в период с 5 по 22 августа 2014 г. на глубинах от 56 до 300 м. Лов производили тралом с борта промыслово-

го судна «Капитан Богомолов» в южной части ИЭЗ Марокко вдоль побережья, северо-западнее Нуадибу (Мыс Кап Блан). Выборки представлены половозрелыми особями европейской ставриды, видовая принадлежность которых определялась научным наблюдателем, осуществляющим сбор материала. Места взятия проб представлены на рис. 1. Каждая выборка включала 48 особей ставриды (всего 240 особей), отобранных случайным образом из тралового улова. Характеристика выборок представлена в табл. 1.

В качестве маркеров для изучения популяционной структуры были выбраны микросателлиты. Микросателлитные маркеры широко применяются в популяционных исследованиях и обладают рядом преимуществ по сравнению с белковыми и SNP-маркерами. В частности, микросателлитные маркеры активно применяются для выявления единиц запасов наиболее значимых объектов промысла [Глубоков 2005; Шубина и др., 2009]. Микросателлитные маркеры нередко выявляют генетическую дифференциацию в тех случаях, когда она не обнаруживается по аллозимным маркерам. К примеру, у организмов с низкой изменчивостью ферментных локусов, у активно мигрирующих морских рыб [Shaw et al., 1999; Wirth et al., 2001]. Разработаны статистические методы и подходы, позволяющие на основе микросателлитной изменчивости идентифицировать эффекты прохождения популяции «горлышка бутылки», оценивать степень смешиваемости особей различных группировок активно мигрирующих гидробионтов, определять родителей и родство среди особей, определять принадлежность отдельных особей к конкретным

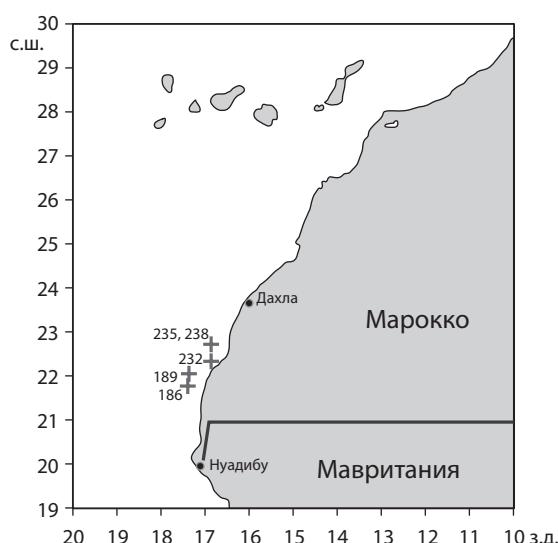


Рис. 1. Места отбора генетических проб ставриды

Таблица 1. Характеристика выборок ставриды для генетических исследований

№	Номер трала	Дата	Координаты		Глубина	Объем выборки
			широта	долгота		
1	186	05.08.2014	21°48' с.ш.	17°25' з.д.	300	48
2	189	06.08.2014	22°05' с.ш.	17°24' з.д.	140	48
3	232	16.08.2014	22°24' с.ш.	16°57' з.д.	63	48
4	235	17.08.2014	22°46' с.ш.	16°53' з.д.	56	48
5	238	22.08.2014	22°45' с.ш.	16°53' з.д.	56	48
Всего						240

популяциям [Banks et al., 2000], при достаточном количестве используемых микросателлитных маркеров, с высокой точностью [Afanasiev et al., 2011].

Для генетического анализа использовались кусочки грудного плавника, зафиксированные 96-процентным раствором этилового спирта. Выделение тотальной ДНК из плавников проводилось по стандартной методике с помощью набора реактивов «Diatom DNA Prep 200» фирмы ООО «Лаборатория Изоген» (Россия). Количество и качество полученных препаратов ДНК определяли путем электрофореза в 0,7-процентном агарозном геле в буфере ТВЕ (трис-ЭДТА-бортная система), а затем, после окраски бромистым этидием (5 мкг/мл, 10–15 мин), пробы просматривали в УФ-свете. Для определения концентрации ДНК интенсивность свечения исследуемых образцов сравнивалась с интенсивностью свечения ДНК фага λ известной концентрации. После определения количества ДНК её разводили до концентрации 50–100 нг/мкл денионизированной водой. Полученные препараты ДНК использовали для проведения дальнейших исследований.

Для ПЦР-амплификации использовали лиофилизированные наборы Gene Park PCR Core (ООО «Лаборатория Изоген», Россия), к которым добавляли по 5 мкл смеси праймеров (конечная концентрация каждого — 0,5 мкМ) и 5 мкл исследуемой ДНК. Амплификация микросателлитных локусов проводилась в термоциклире Veriti фирмы — Applied Biosystems США при температуре отжига 50 °C.

Аликвоты амплифицированных продуктов разделяли в вертикальном блоке 6% не-денатурирующего полиакриламидного геля

в 0,5 × ТВЕ буфере рН 8,0 [Маниатис и др., 1992] при 300 В и силе тока 50 мА в течение 2–5 часов.

Полученные электрофорограммы визуализировали путем окрашивания бромистым этидием (5 мкг/мл, 10–15 мин) и фотографировали в УФ-свете на ультрахемископе. В качестве маркеров длин фрагментов использовали ДНК плазмида ρ Br322, обработанную рестриктазой НралII. Размеры аллелей по каждому локусу определяли с использованием программы 1D Image Analysis Software Version 3.5 фирмы «Кодак».

Статистическая обработка результатов проводилась в программе GDA [Lewis, Zaykin, 2001]. В программе проводили расчет частот аллелей, значений ожидаемой (HE) и наблюдаемой (HO) гетерозиготности, среднего числа аллелей на локус, индекса фиксации (f) [Вейр, 1995], межпопуляционной дифференциации ($\theta\rho$ (Θ - ρ), FST) [Вейр, 1995], а также проведение статистических тестов на соответствие наблюдавших по каждому локусу генотипических распределений равновесию Харди-Вайнберга. На основе полученных частот аллелей были рассчитаны попарные генетические дистанции [Nei, 1972] между исследованными выборками. На основе матрицы попарных генетических дистанций в программе Splits Tree v. 4.13.1 [Huson, Bryant, 2006] была построена безкорневая дендрограмма.

В ходе работы было апробировано 16 микросателлитных локусов, обнаруженных у различных видов рода *Trachurus*. Для некоторых из них были разработаны альтернативные праймеры с целью уменьшения размеров ПЦР продуктов и более стабильной амплификации (табл. 2).

Таблица 2. Последовательность праймеров исследованных локусов

№	Локус	Последовательность праймеров	Источник
1	Tt29*	F-5'-atg-act-cct-tca-cac-aga-aac-a-3' R-5'-tga-ctt-ggc-agc-atg-gaa-t-3'	Kasapidis P. and Magoulas A., 2008
2	Tt62*	F-5'-acc-ggt-tag-tct-ccg-gat-g-3' R-5'-atc-cag-taa-cca-gga-aaa-acc-t-3'	Kasapidis P. and Magoulas A., 2008
3	Tt74*	F-5'-gtg-tct-caa-gtg-ctg-aat-gc-3' R-5'-gct-cca-atg-tgg-atg-tta-ctc-3'	Cardenas L. et al., 2009

№	Локус	Последовательность праймеров	Источник
4	Tt133*	F-5'-gat-ctc-aga-ctc-tcc-acc-gta-3' R-5'- agt-ggc-aga-gga-aac-tca-aaa-3'	Kasapidis P. and Magoulas A., 2008
5	TmurA101*	F-5'-gtc-act-cca-gag-ata-aag-gca-a-3' R-5'-agc-aat-aag-aag-cat-aca-gtg-taa-g-3'	Canales-Aguirre et al., 2010
6	TmurA115*	F-ggt-tag-tga-tgg-tat-gta-aag-tat-g-3' R-tgg-aca-ata-ccc-ttc-tcg-c-3'	Canales-Aguirre et al., 2009
7	TmurB6*	F-5'-cca-cgg-agg-taa-aca-cac-tta-3' R-5'-ctg-tag-tat-agt-gtg-tca-lct-gtt -3'	Canales-Aguirre et al., 2010
8	TmurC4*	F-5'-ctc-ctc-tca-cat-tgc-cca-t-3' R-5'-gtt-ctt-tcc-agc-act-aat-gga-a-3'	Canales-Aguirre et al., 2010
9	TmurB104	F-5'-tga-agc-aca-agt-ttc-caa-atc-3' R-5'-aaa-ggt-cag-aga-gag-aac-aac-g-3'	Canales-Aguirre et al., 2010
10	TmurB116	F-5'-ctc-tcg-tct-tca-ttg-agg-tca-c-3' R-5'-aag-tcg-tct-gac-tca-tct-gtg-c-3'	Canales-Aguirre et al., 2010
11	Ktj13	F-5'-cca-att-cac-ctg-tct-gac-t-3' R-5'-cgt-ttt-gtt-ctt-gtt-ttc-tg-3'	Dae Soo Chang et al., 2009
12	Ktj16	F-5'-ttc-act-ccc-gtc-ata-cac-a-3' R-5'-ggt-ccg-ctc-tta-caa-cat-aa-3'	Dae Soo Chang et al., 2009
13	Tt48*	F-5'-gca-tca-gat-gtc-tca-tag-tgg-att-3' R'-5'-caa-aca-cca-cat-gca-tac-ata-ca-3'	Kasapidis P. and Magoulas A., 2008
14	TmurB2*	F-5'-aat-ctt-cat-gtc-aca-taa-aca-c-3' R-5'-tcg-aca-ctg-ttg-agt-cat-c-3'	Canales-Aguirre et al., 2010
15	Ktj33	F-5'-agc-gtg-atg-tag-gac-agt-gt-3' R-5'-ccg-gtg-gag-aaa-tgc-tc-3'	Dae Soo Chang et al., 2009
16	Ktj5	F-5'-acg-ctg-aca-cac-ctg-aa-3' R-5'-gtc-aaa-cgt-gca-tgt-aag-tg-3'	Dae Soo Chang et al., 2009

*Локусы, для которых были разработаны альтернативные праймеры.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Апробация и выбор локусов для дальнейшего анализа. По результатам апробации ПЦР-продукты были получены для 13 из 16 локусов. Все апробированные локусы оказались полиморфны у европейской ставриды. Размеры продуктов амплификации варьировали от 55 до 200 п.н. (табл. 3).

Для дальнейшей работы было выбрано 3 полиморфных, наиболее удобных микросателлитных локуса. Критериями отбора локусов, помимо наличия полиморфизма, были надежность амплификации и размер продуктов амплификации, пригодный для анализа в по-

лиакриламидном геле. Критериям отбора наиболее соответствовали локусы TmurB6, Ktj13 и Ktj33.

Результаты генотипирования. По 3 отобранным микросателлитным локусам были проанализированы 5 исследуемых выборок европейской ставриды. Исследованные микросателлитные локусы характеризуются динуклеотидными повторами. Размеры ПЦР-продуктов исследованных локусов колебались от 60 до 200 п.н. Все исследованные локусы характеризовались большим количеством обнаруженных аллелей (табл. 4).

Таблица 3. Результаты апробации локусов на образцах европейской ставриды

№	Локус	Наличие продукта	Длина (пар нуклеотидов)	Полиморфизм
1	Tt29	+	80–110	+
2	Tt62	+	100–130	+
3	Tt74	+	60–110	+
4	Tt133	+	70–150	+
5	TmurA101	+	55–200	+
6	TmurA115	+	80–140	+
7	TmurB6	+	60–150	+
8	TmurC4	+	60–150	+
9	TmurB104	+	130–180	+
10	TmurB116	–	–	–
11	Ktj13	+	80–120	+
12	Ktj16	–	–	–
13	Tt48	–	–	–
14	TmurB2	+	100–200	+
15	Ktj33	+	50–100	+
16	Ktj5	+	140–200	+

Среднее число аллелей на локус по пяти выборкам составило 31 аллель. Наибольшей дифференцирующей способностью в исследованных выборках ставриды характеризовался локус Ktj13 (значение Theta-Р составило 0,225). Наименьшая дифференцирующая способность характерна для локуса TmurB6 0,004. Тест на соответствие равновесию Харди-Вайнберга показал достоверные отклонения в сторону избытка гомозигот по всем используемым локусам в выборках из траолов 235 и 238. Локус Ktj13 характеризовался достоверными отклонениями в сторону избытка гомозигот в 4 из 5 исследованных выборок. Вероятная причина обнаруженных отклонений от равновесия Харди-Вайнберга, по нашему мнению, связана с эффектом Валунда.

Среднее значение Theta-Р по 3 локусам — 0,09 с доверительным интервалом: нижним 0,004; верхним 0,225, при $\alpha = 0,05$. Таким

Таблица 4. Общая характеристика исследованных локусов

Локус	Кол-во аллелей	Не	Но	Theta-Р
TmurB6	37	0,90	0,66	0,004
Ktj13	34	0,72	0,42	0,225
Ktj33	22	0,92	0,80	0,064

образом, можно сделать вывод о наличии достоверных отличий между исследованными выборками.

На рис. 2 представлена безкорневая дендрограмма, построенная на основе матрицы попарных генетических расстояний между исследованными выборками.

Анализируя полученную дендрограмму можно отметить, что выборки сгруппировались в два кластера, сильно отличных друг от друга. В первый кластер попали выборки из траолов

**Рис. 2.** Безкорневая дендрограмма, построенная на основе попарных значений генетических расстояний

232, 235 и 238, во втором кластере сгруппировались выборки из тралов 186 и 189. Группировка выборок на дендрограмме соответствует как географическому распределению выборок, так и батиметрическому. Выборки из тралов 186 и 189 собраны при тралениях на глубинах более 140 м, а из тралов 232, 235 и 238 на глубинах менее 70 м. Расстояние между крайними выборками превышает 120 км.

Для более детального анализа с помощью программного пакета «R» выборки были распределены в пространстве главных компонент на основе рассчитанных попарных дистанций и значений F_{ST} . В обоих случаях картина распределения была аналогична. Выборки из тралов формировали два кластера. В один кластер входили выборки из тралов 186 и 189, в другой — выборки из тралов 232, 235 и 238 (рис. 3).

Полученные результаты могут свидетельствовать о некоторой генетической подразделённости группировок ставриды в водах Марокко, возможно связанной с глубинами обитания. На сегодняшний день данных о популяционной организации европейской ставриды в Марокканских водах, полученных с использованием молекулярных маркеров, крайне мало. Результаты изучения генетического разнообразия с применением микросателлитных (Kasapidis, Magoulas, 2008) или митохондриальных (Comesana et al., 2008) маркеров не показали

наличия гетерогенности между исследованными выборками. Стоит отметить, что в упомянутых работах, главным образом, присутствовали выборки ставриды с северной части ареала, а также вод Мавритании и отсутствовали выборки из вод Марокко. В целом в работах, посвящённых изучению популяционной структуры европейской ставриды, с применением молекулярных маркеров отмечается низкий уровень генетического разнообразия. В работах, посвященных исследованию популяционной структуры европейской ставриды на основе морфометрических и общебиологических данных (таких как периоды нереста, темпы роста и т.д.), рядом исследователей выделяются две популяции европейской ставриды в водах Северо-Западной Африки — «мароккано-сахарская» и «сенегало-мавританская» (Галактионова, Доманевский, 1989). Граница ареалов двух популяций проходит по 23° с.ш., однако, может смещаться в зависимости от сезонной изменчивости гидрологического режима.

Генетические различия между группировками пелагических видов рыб, привязанные к глубинам обитания, отмечаются рядом исследователей у других видов морских рыб, например, у окуня-клювача (*Sebastes mentella*) [Shum et al., 2014; Johansen et al., 2000; Johansen, 2003; Schmidt, 2005; Danielsdóttir et al., 2008; Stefansson et al., 2009]. Стоит отметить, что в вопросе исследования популяционной струк-

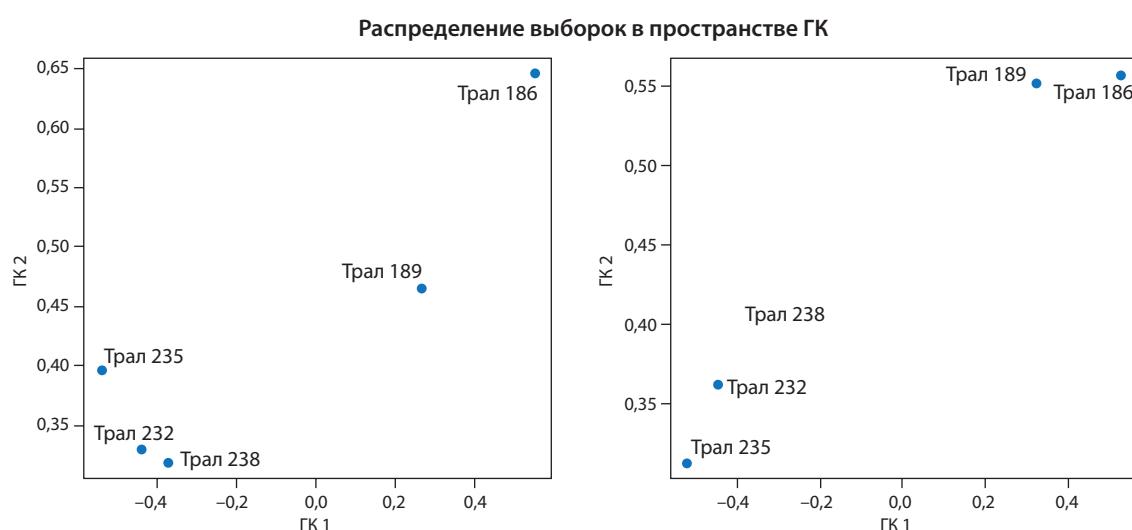


Рис. 3. Распределение выборок в пространстве главных компонент на основе попарных генетических дистанций (слева) и F_{ST} (справа)

туры окуня-клювача имеются и альтернативные мнения. В работе, посвящённой исследованию полиморфизма 10 микросателлитных локусов (Зеленина и др., 2011) окуня-клювача, полученные данные не подтвердили наличия пространственной дифференциации выборок из моря Ирмингера и сопредельных вод, что может свидетельствовать в пользу существования единой пелагической популяции окуня-клювача по всей исследованной акватории.

Стоит отметить, однако, что с учетом малого количества выборок и использованных маркеров, делать серьезные выводы преждевременно. Для дальнейшего изучения структуры скоплений ставриды в водах стран Западной Африки и взаимосвязей выявленных различий с батиметрией необходимо расширить район исследований, увеличить количество используемых маркеров, сопоставляя получаемые результаты с морфологическими маркерами и биологией вида, включая функциональную структуру ареала.

ЛИТЕРАТУРА

- Вейр Б. 1995. Анализ генетических данных. М.: Мир. 400 с. (Weir B. S. 1990. Genetic data analysis: Methods for Discrete Population Genetic Data. Sinauer Associates Incorporated, California).
- Галактионова А.И., Доманевский Л.Н. 1989. Морфологическая характеристика европейской ставриды Центрально-Восточной Атлантики // Вопросы ихтиологии. Т. 29. Вып. 1. С. 38–45.
- Глубоковский М.К., Глубоков А.И., Орлов А.М., Петров А.Ф., Бизиков В.А. 2013. Международное рыболовство — интересы России. М.: Изд-во ВНИРО. 260 с.
- Глубоковский М.К., Глубоков А.И., Мельников С.П., Афанасьев П.К., Бекяшев Д.К. 2015. Международное рыболовство в Атлантике — интересы России. М.: Изд-во ВНИРО. 184 с.
- Глубоков А.И. 2005. Биология и популяционная структура минтая *Theragra chalcogramma* северной части Берингова моря: Автореф. дис. ... докт. биол. наук. М. 312 с.
- Зеленина Д.А., Щепетов Д.М., Волков А.А., Барминцева А.Е., Мельников С.П., Мюге Н.С. 2011. Популяционная структура окуня-клювача (*Sebastodes mentella* Travin, 1951) моря Ирмингера и сопредельных вод по данным микросателлитного анализа // Генетика. Т. 47. № 11. С. 1501–1513.
- Маниатис Т., Фрич Э., Сэмбрюк Дж. 1984. Методы генетической инженерии. Молекулярное клонирование. М.: Мир. 480 с. (Maniatis T., Fritsch E. F., Sambrook J. 1982. Molecular Cloning: A Laboratory Manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press. Cold Spring Harbor).
- Шубина Е.А., Пономарева Е.В., Глубоков А.И. 2009. Популяционно-генетический анализ минтая *Theragra halcogramma* (Teleostei, Gadidae) из Берингова и Охотского морей // Молекулярная биология. Т. 43. № 5. С. 918–930.
- Abuanza P., Murta A. G., Campbell N., Cimmaruta R., Comesana A. S., Dahle G., Garcia Santamaría M. T., Gordo L. S., Iversen S. A., MacKenzie K., Magoulas A., Mattiucci S., Molloy J., Nascetti G., Pinto A. L., Quinta R., Ramos P., Sanjuan A., Santos A. T., Stransky C., Zimmermann C. 2008. Stock identity of horse mackerel (*Trachurus trachurus*) in the Northeast Atlantic and Mediterranean Sea: Integrating the results from different stock identification approaches // Fish. Res. V. 89. Р. 196–209.
- Afanasiev P. K., Rubtsova L. A., Shitova M. V., Shaykhaev E. G., and Zhivotovsky L. A. 2011. Extension of a Set of Microsatellite Markers for More Precise Identification of Chum Salmon *Oncorhynchus keta* Walbaum // Russian Journal of Genetics. Moscow. V. 47. № 11. Р. 1–7.
- Banks M. A., Rashbrook V. K., Calavetta M. J. 2000. Analysis of microsatellite DNA resolves genetic structure and diversity of chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) in California's Central Valley // Cfn. J. Fish. Aquat. Sci. V. 57. Р. 915–927.
- Dae Soo Chang, Hye Suck An, Taeg Yun Oh, Jae Bong Lee, Jung Youn Park and Kyung Kil Kim. 2009. Eleven new microsatellite markers in jack mackerel (*Trachurus japonicus*) derived from an enriched genomic library // Genes and genomics. V. 6. № 31. Р. 397–402.
- Danielsdóttir A. K., Gíslason D., Kristinsson K. 2008. Population Structure of Deep-Sea and Oceanic Phenotypes of Deepwater Redfish in the Irminger Sea and Icelandic Continental Slope: Are They Cryptic Species? // Transactions of the American Fisheries Society. V. 137. № 6. Р. 1723–1740.
- Canales-Aguirre C.B., Ferrada S. and Galleguillos R. 2010. Isolation and characterization of microsatellite loci for the jack mackerel (*Trachurus murphyi* Nichols, 1920) // Conservation Genetic. V. 3. № 11. Р. 1235–1237.
- Cardenas L., Silva A. X., Magoulas A., Cabezas J., Poulin E., Ojeda F. P. 2009. Genetic population structure in the Chilean jack mackerel (*Trachurus murphyi* Nichols, 1920) across the South-eastern Pacific Ocean // Fisheries Research. V. 100. Р. 109–115.
- Cimmaruta R., Bondanelli P., Ruggi A., Nascetti G. 2008. Genetic structure and temporal stability in the

- horse mackerel (*Trachurus trachurus*) // Fish. Res. V. 89. P. 114–121.
- Comesana A.S., Martinez-Areal M.T., Sanjuan A. 2008. Genetic variation in the mitochondrial DNA control region among horse mackerel (*Trachurus trachurus*) from the Atlantic and Mediterranean areas // Fisheries Research. V. 89. P. 122–131.
- Johansen T., Danielsdóttir A.K., Meland K., Nævdal G. 2000. Studies of the genetic relationship between deep-sea and oceanic *Sebastes mentella* in the Irminger Sea // Fish. Res. V. 49. № 2. P. 179–192.
- Johansen T. 2003. Genetic study of genus *Sebastes* (redfish) in the North Atlantic with emphasis on the stock complex in the Irminger Sea // Thesis for the partial fulfilment of the Dr. Scient. Degree. Bergen: University of Bergen. 44 p.
- Karaiskou N., Apostolidis A., Triantafyllidis A., Kouvatsi A., Triantafyllidis C. 2003. Genetic identification and phylogeny of three species of the genus *Trachurus* based on mitochondrial DNA analysis // Mar. Biotech. V. 5. P. 493–504.
- Karaiskou N., Triantafyllidis A., Triantafyllidis C. 2004. Shallow genetic structure of three species of the genus *Trachurus* in European waters // Mar. Ecol. Prog. Ser. V. 281. P. 193–205.
- Kasapidis P., Magoulas A. 2008. Development and application of microsatellite markers to address the population structure of the horse mackerel (*Trachurus trachurus*) // Fisheries Research. V. 89. P. 132–135.
- Lewis P.O., Zaykin D. 2001. Genetic Data Analysis: Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0 (d16c). Free program distributed by the authors over the internet from <http://lewis.eeb.uconn.edu/lewishome/software.html>.
- Murta G.A. 2000. Morphological variation of horse mackerel (*Trachurus trachurus*) in the Iberian and North African Atlantic: implications for stock identification // ICES J. of Mar. Sci. V. 57. P. 1240–1248.
- Murta G.A., Pinto A.L., Abuanza P. 2008. Stock identification of horse mackerel (*Trachurus trachurus*) through the analysis of body shape // Fish. Res. V. 89. P. 152–158.
- Nei M. 1972. Genetic distances between populations // The American Naturalist. V. 106. № 949. P. 283–292.
- Shaw P.W., Turan C., Wright J.M., O'Connell M., Carvalho G.R. 1999. Microsatellite DNA analysis of population structure in atlantic herring (*Clupea harengus*), with direct comparison to allozyme and mtDNA RFLP analysis // Heredity. V. 83. P. 490–499.
- Schmidt C. 2005. Molecular genetic studies on species and population structure of North Atlantic redfish (genus *Sebastes*; Cuvier 1829) / PhD thesis. University of Hamburg. 303 p.
- Shum P., Pampoulie C., Sacchi C., Mariani S. 2014. Divergence by depth in an oceanic fish // Peer J. V. 2. 13 p. Accessible via: <https://doi.org/10.7717/peerj.525>.
- Stefansson M.O., Sigurdsson T., Pampoulie P. 2009. Pleistocene genetic legacy suggests incipient species of *Sebastes mentella* in the Irminger Sea // Heredity. 2009. V. 102. № 5. P. 514–524.
- Huson D.H., Bryant D. 2006. Application of Phylogenetic Networks in Evolutionary Studies // Molecular Biology and Evolution. V. 23(2). P. 254–267.
- Wirth T., Bernatchez L. 2001. Genetics evidence against panmixia in the European eel // Nature. V. 409. P. 1037–1040.
- REFERENCES**
- Galaktionova A.I., Domanovsky L.N. 1989. Morfologicheskaya harakteristika stavrivid central'novo-vostochnoj Atlantiki [Morphoecological characteristic of horse mackerel of Central-East Atlantic] // Voprosy Ichtiologii. V. 29. P. 38.
- Glubokovskiy M.K., Glubokov A.I., Orlov A.M., Petrov A.F., Bizikov V.A. 2013. Mezhdunarodnoe rybołovstvo — interesy Rossii. International fisheries — Russia's interests. M.: Izd-vo VNIRO. 260 s.
- Glubokovskiy M.K., Glubokov A.I., Melnikov S.P., Afanasiev P.K., Bekyashev D.K. 2015. Mezhdunarodnoe rybołovstvo v Atlantike — interesy Rossii [International fisheries in the Atlantic — Russia's interests]. M.: Izd-vo VNIRO. 184 s.
- Glubokov A.I. 2005. Biologiya i populyacionnaya struktura mintaya *Theragra chalcogramma* severnoj chasti Beringova morya [Biology and population structure of alaska Pollock *Theragra chalcogramma* of north Bering sea]: Avtoreferat dissertatsii doctora biologicheskikh nauk. M. 312 s.
- Zelenina D.A., Shepetov D.M., Volkov A.A., Barmintseva A.E., Melnikov S.P., Myuge N.S. 2011. Population structure of beaked redfish (*Sebastes mentella* Travin, 1951) in the Irminger Sea and adjacent waters inferred from microsatellite data // Russian Journal of Genetics. T. 47. № 11. P. 1333–1344.
- Shubina E.A., Ponomareva E.V., Glubokov A.I. 2009. Populyacionno-geneticheskij analiz mintaya *Theragra halogramma* (Teleostei, Gadidae) iz Beringova i Ohotskogo morej [Population genetic structure of walleye pollock *Theragra chalcogramma* (Teleostei, Gadidae) from the Bering Sea and Sea of Okhotsk] // Molekulyarnaya biologiya. T. 43. № 5. S. 918–930.

Поступила в редакцию 24.06.2016 г.
Принята после рецензии 12.10.2016 г.

Preliminary results of studies for European horse mackerel (*Trachurus trachurus*) genetic diversity in the Moroccan waters

P. K. Afanasyev, A. I. Glubokov

Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography (FSBSI «VNIRO»), Moscow

The preliminary results of ongoing research of horse mackerel stocks structure in the waters of Morocco are described in this article. As a material for researches were the samples from trawl catches of horse mackerel in Moroccan waters. The results of the testing of 16 microsatellite loci, first time detected on different species of genus *Trachurus*, on the samples of horse mackerel are presented. The general characteristics of 16 tested loci are described. The results of genotyping of horse mackerel catches in the waters of Morocco using 3 selected microsatellite loci are presented. The information on size of PCR products, number of alleles and differentiation power of selected loci are described. The preliminary results of statistical analysis of genetic diversity of horse mackerel catches from Moroccan waters, as well as genetic distances between samples are described in this article. The assumptions about the possible causes of genetic heterogeneity of the studied samples of horse mackerel are presented.

Key words: Horse mackerel, stocks structure, microsatellite loci, genetic diversity.