



Биологическое разнообразие сельди (*Clupea pallasii*) Охотского моря

<https://doi.org/10.36038/0131-6184-2024-4-35-42>

Научная статья
УДК 574.22[574.1+597.541]

Горбачев Виктор Валерьевич – исследователь научно-исследовательской лаборатории «Биотехнологии пищевых систем» кафедры пищевых технологий и биоинженерии, Российский экономический университет им. Г.В. Плеханова; Магаданский филиал ГНЦ РФ ФГБНУ «ВНИРО» («МагаданНИРО»), Магадан, Россия

E-mail: genetic2@yandex.ru

Смирнов Андрей Анатольевич – Доктор биологических наук, доцент, Главный научный сотрудник отдела морских рыб Дальнего Востока, Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства и океанографии (ГНЦ РФ ФГБНУ «ВНИРО»); профессор кафедры точных и естественных наук, Северо-Восточный государственный университет (СВГУ); профессор кафедры ихтиологии, Дагестанский государственный университет (ДГУ), Москва, Россия

E-mail: andrsmir@mail.ru

Щербakov Александр Павлович – Начальник управления подготовки кадров высшей квалификации Управления по научной работе, Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: shurbakov.aleksandr@yandex.ru

Метелев Евгений Александрович – Кандидат биологических наук, Руководитель Магаданского филиала ГНЦ РФ ФГБНУ «ВНИРО» («МагаданНИРО»), Магадан, Россия

E-mail: evgeniy_metelyov@mail.ru

Адреса:

1. Российский экономический университет им. Г.В. Плеханова – Россия, 115054, г. Москва, Стремянный переулок, д.36

2. Магаданский филиал ГНЦ РФ ФГБНУ «ВНИРО» («МагаданНИРО») – Россия, 685000, г. Магадан, ул. Портовая, д 36/10

3. Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства и океанографии (ГНЦ РФ ФГБНУ «ВНИРО») – Россия, 105187, г. Москва, Окружной проезд, 19
4. Северо-Восточный государственный университет – Россия, 685000, Магадан, ул. Портовая, д. 13
5. Дагестанский государственный университет – Россия, 367025, Махачкала, ул. Гаджиева, д. 43а
6. Санкт-Петербургский государственный университет – Россия, 199034, Санкт-Петербург, Университетская наб., д. 7-9

Аннотация. В работе приводится сравнительный анализ параметров биологического разнообразия сельди, обитающей в Охотском море, по сравнению с параметрами для скоплений из других акваторий, где обитает данный вид рыб. В качестве сравнения применяются молекулярно-генетические индексы (среднее нуклеотидное разнообразие, значение единичных мутаций), а также ряд экологических индексов (Симпсона, Шеннона, Маргалёфа и т.д.), рассчитанных на основании частот носителей гаплотипических вариантов для каждого из скоплений. Было выявлено, что в ареале данного вида присутствует градиент биологической изменчивости, что трактуется нами как признак наличия благоприятных или не благоприятных экологических условий обитания данного вида. Всего было выявлено 4 области накопления максимального биологического разнообразия для сельди по всему ее ареалу: юго-запад Японского моря, северо-восток Охотского моря, а также область у юго-востока залива Аляска (между островами Баранова и Королевы Шарлотты) и в приустьевом участке р. Колумбия. Была найдена значимая ($p < 0.001$) корреляция между географическим местом обитания (в широтно-долготном положении) и параметрами нуклеотидной изменчивости.

Ключевые слова: индексы биологического разнообразия, широтно-долготное расположение, индекс Шеннона, индекс Симпсона, экология обитания, среднее нуклеотидное разнообразие

Для цитирования: Горбачев В.В., Смирнов А.А., Щербakov А.П., Метелёв Е.А. Биологическое разнообразие сельди (*Clupea pallasii*) Охотского моря // Рыбное хозяйство. 2024. № 4. С. 35-42. <https://doi.org/10.36038/0131-6184-2024-4-35-42>

BIOLOGICAL DIVERSITY OF HERRING (*CLUPEA PALLASII*) FROM SEA OF OKHOTSK

Viktor V. Gorbachev – researcher at the Research Laboratory «Biotechnology of Food Systems» of the Department of Food Technology and Bioengineering, Plekhanov Russian University of Economics; Magadan Branch of VNIRO (MagadanNIRO), Magadan, Russia

Andrey A. Smirnov – Doctor of Biological Sciences, Associate Professor, Chief Researcher of the Department of Marine Fishes of the Far East, Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography (VNIRO); Professor of the Department of Exact and Natural Sciences, Northeastern State University (SVSU); Professor of the Department of Ichthyology, Dagestan State University (DSU), Moscow, Russia

Alexander P. Scherbakov – Head of the Department of Training of Highly Qualified Personnel of the Department of Scientific Work, St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia

Evgeny A. Meteleev – Candidate of Biological Sciences, Head of the Magadan Branch of VNIRO (MagadanNIRO), Magadan, Russia

Addresses:

1. Plekhanov Russian University of Economics – Russia, 115054, Moscow, Stremyanny per., 36
2. Magadan branch of the VNIRO (MagadanNIRO) – Russia, 685000, Magadan, st. Portovaya, 36/10
3. Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography (VNIRO) – Russia, 105187, Moscow, Okruzhny proezd, 19
4. North-Eastern State University – Russia, 685000, Magadan, st. Portovay, 13
5. Dagestan State University – Russia, 367025, Makhachkala, st. Gadzhieva, 43a
6. St. Petersburg State University – Russia, 199034, Saint Petersburg, Universitetskaya nab. 7-9

Annotation. The paper provides a comparative analysis of the parameters of the biological diversity of herring living in the Sea of Okhotsk, compared with the parameters for aggregations from other waters where this species of fish lives. As a comparison, molecular genetic indices (average nucleotide diversity, the value of single mutations), as well as a number of environmental indices (Simpson, Shannon, Margalef, etc.) are used, calculated on the basis of carrier frequencies of haplotypic variants for each cluster. It was revealed that there is a gradient of biological variability in the range of this species, which is interpreted by us as a sign of the presence of favorable or unfavorable environmental conditions for the habitat of this species. In total, 4 areas of accumulation of maximum biological diversity for herring were identified throughout its range: the southwest of the Sea of Japan, the northeast of the Sea of Okhotsk, as well as the area near the southeast of the Gulf of Alaska (between Baranov and Queen Charlotte Islands) and in the estuary section of the Columbia River. A significant ($p < 0.001$) correlation was found between the geographical habitat (in the latitude-longitude position) and the parameters of nucleotide variability.

Keywords: indices of biological diversity, latitude-longitude location, Shannon index, Simpson index, habitat ecology, average nucleotide diversity

For citation: Gorbachev V.V., Smirnov A.A., Scherbakov A.P., Metelev E.A. (2024). Biological diversity of herring (*Clupea pallasii*) Okhotsk Sea // Fisheries. No. 4. Pp. 35-42. <https://doi.org/10.36038/0131-6184-2024-4-35-42>

Рисунки и таблица – авторские / The drawings and table were made by the author

ВВЕДЕНИЕ

Тихоокеанская сельдь – достаточно хорошо исследованный объект, как с применением классических, так и современных методов, таких как морфометрия, токсикология, генетика, цитология, современные математические модели и т.д. [1-4]. Известно, что этот вид имеет протяженный ареал с сильно различающимися условиями обитания и широтно-долготной дислокацией [5; 6]. Основные скопления сельди представлены на рисунке 1.

Столь значимые отличия в экологии обитания могут найти свое отражение и в параметрах биологического разнообразия, особенно при сравнении центральной и краевых областей обитания [8].

Сельдь, обитающая в акваториях Охотского и Берингова морей (рис. 1), находится почти в средней части ее тихоокеанского ареала (по значениям долготы). Несмотря на разнообразные и всесторонние исследования этого вида, проводимые ранее, все еще остаются не исследованными вопросы относительно параметров биологического разнообразия сельди, особенно в сравнении с ее скоплениями в других частях ареала, что особенно важно для понимания экологического оптимума вида [5; 6; 9]. Известно, что в случае, когда вид обитает в неблагоприятных экологических условиях, различные аспекты его биологического разнообразия будут уменьшаться. После принятия международной конвенции о биологическом разнообразии, значимость исследований, пос-

вященных этой тематике, увеличилась [9], так как это связано с выявлением таких географических мест, где тот или иной вид будет находиться в уязвимом положении, что важно при разработке мер его защиты.

Как известно, под биологическим разнообразием понимаются различные аспекты – с одной стороны, как параметры генетического разнообразия, с другой – внутри и межвидовое разнообразие биоценозов [9]. К настоящему времени предложены различные индексы, характеризующие тот или иной аспект биологической изменчивости вида. Наиболее популярными к настоящему времени являются: индекс Симпсона, индекс Шеннона, логарифм биомассы, индекс S , индекс Маргалефа и др. [10].

Помимо указанных, для описания подходят значения индексов, принятых в молекулярно-генетических исследованиях, например, среднего молекулярного разнообразия – θ_w и θ_s – среднего гармонического числа единичных мутаций в выборке, характеризующих темпы и направленность селективного отбора [6]. В связи с тем, что подобные исследования для сельди ранее не проводились, представляется не только возможным, но и необходимым произвести сравнение между некоторыми из перечисленных параметров, для установления возможной корреляции между ними, а также сопоставления индексов сельди Охотского моря (как почти центральной части ареала) с индексами данного вида из других акваторий.

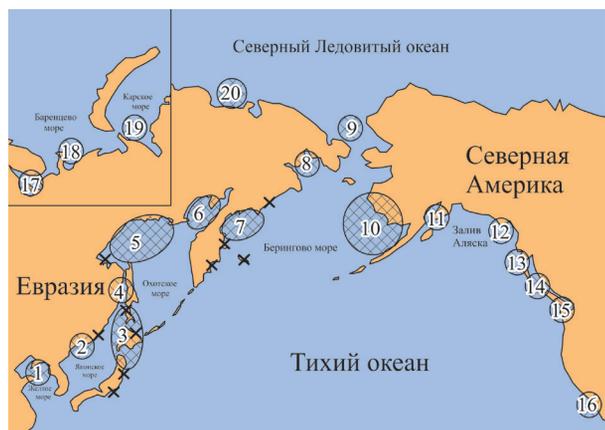


Рисунок 1. Карта-схема, суммирующая представления о внутривидовой структуре сельди на основании исследований, проводимых ранее [5–8].

Примечание. Популяции, выделенные на основании литературных источников: 1 – Желтого моря, 2 – зал. Петра Великого, 3 – Сахалино-хоккайдская, 4 – Пластунско-нельминская, 5 – Охотская, 6 – Гижигинско-камчатская, 7 – Корфо-карагинская, 8 – зал. Анадырский, 9 – Чукотского моря, 10 – Восточноберинговоморская, 11 – зал. Аляска, 12 – юго-восток зал. Аляска, 13 – севера Британской Колумбии, 14 – севера о. Ванкувер, 15 – моря Салиса, 16 – зал. Томалес и Сан-Франциско, 17 – Белого моря, 18 – чешско-печорская, 19 – Карского моря, 20 – популяции сельди в приустьевых участках крупных рек Евразии (Колыма, Лена). Черными крестиками отмечены некоторые озерные популяции

Figure 1. A schematic map summarizing the ideas about the intraspecific structure of herring based on studies conducted earlier [5–8].

Note. Populations identified on the basis of literary sources: 1 – Yellow Sea, 2 – gulf Peter the Great, 3 – Sakhalin-Hokkaido, 4 – Plastunsko-Nelminskaya, 5 – Okhotskaya, 6 – Gizhiginsko-Kamchatskaya, 7 – Korfo-Karaginskaya, 8 – gulf Anadyrsky, 9 – Chukchi Sea, 10 – Vostochnoberingovomorskaya, 11 – gulf Alaska, 12 – Southeast gulf Alaska, 13 – north of British Columbia, 14 – north of Vancouver Island, 15 – Salis Seas, 16 – gulf Tomales and San Francisco, 17 – the White Sea, 18 – the Czech-Pechora, 19 – the Kara Sea, 20 – herring populations in the estuaries of large rivers of Eurasia (Kolyma, Lena). Some lake populations are marked with black crosses

Ранее были получены свидетельства о наличии трех метапопуляций сельди, обитающих в Северном Ледовитом и Тихом океанах [8]. Однако связь с географией в процитированных источниках прослеживается не всегда. Ранее, например, нами было показано, что сельдь Северного Ледовитого океана кластеризуется с представителями из Берингова моря (Анадырский лиман), что важно было проследить и на параметрах биологического разнообразия.

Таким образом, целью данного исследования является описание биологического разнообразия сельди (*Clupea pallasii*) Охотско-

го моря, в сравнении со скоплениями этого вида из других частей ареала, на примере часто применяемых индексов в научных исследованиях.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Материалами для исследования послужили расшифрованные последовательности ДНК тихоокеанской сельди, как депонированные ранее нами в международном банке данных (NCBI), так и опубликованные в литературе [8; 11; 12]. Все географические места сбора образцов, а также названия географических локаций, представленных ранее в литературе [8; 11; 12], в основном совпадают с теми из морских скоплений, которые перечислены на рисунке 1. Укажем лишь, что к их числу относятся выборки, собранные из Японского, Охотского, Берингова, Белого, Печорского (юго-восточной части Баренцева) морей, а также у западного побережья США (начиная от полуострова Аляска, далее – острова Ванкувер и моря Салиса, до береговой линии штата Калифорния, заливы Томалес и Сан-Франциско). Также в исследование были добавлены несколько скоплений озерной сельди, например, из оз. Айнское (Сахалин) и оз. Нерпичье (Камчатка).

Стоит указать, что применение, например, теста Мантела (сравнивающего географические и генетические матрицы дистанций) затруднено, ввиду того факта, что сельдь не уходит на большие глубины (>450 м) и большая часть ее биомассы сосредоточена вдоль шельфовых зон материков (рис. 1). Всё вышеперечисленное приводит к тому, что матрицы географических дистанций, проходящие по средним частям акваторий Тихого океана, не могут быть применимы без искажений, т.е. в данном случае матрица географических расстояний требует дополнительной переработки, что затруднено технически.

Трудности подобных сравнений в том, что ареал сельди вдоль обоих материков имеет вид полукруга (рис. 1), и при этом принятая практика широтно-долготного деления поверхности земли приводила к неоднозначностям. Причина подобного в том, что для выборок по обеим сторонам Тихого океана, находящихся на разной долготе, присваивалось одинаковое значение широты (и наоборот, например, отхождение на 10° восточнее и западнее 180 меридиана на графике будет обозначено одним значением, для рисунка 1 это выборки 7 и 11), что приводило к «закруглению» тренда. Поэтому, при определении корреляции между параметрами биологической изменчивости и географическими широтами и долготами, в случае если градусы

долготы земной поверхности превышали значение в 180° (согласно принятой схеме районирования поверхности Земли приходится на Тихий океан), то применялся подход, взятый из тригонометрий, позволяющий увеличивать значение до 360° окружности. При этом 180 меридиан приравнялся к 180° от единичной тригонометрической окружности, а разница в градусах (при прохождении на восток в сторону западного побережья Северной Америки) между 180 меридианом и координатами сбора выборок не отнималась, а прибавлялась. Таким образом, на графиках представлены долготные значения более 180°.

Значения биологического разнообразия рассчитывали с применением программы Past и Arlequin. Статистический анализ проводился в программе Excel 2010 и Statistica 10. Графическая обработка рисунков в Corel Draw X7.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Значения индексов биологического разнообразия представлены на столбчатой диаграмме (рис. 2). На графике показаны индексы: Симпсона, Шеннона, выровненности и индекс Маргалефа. Индексы Симпсона (D) и Шеннона (H) несколько похожи друг на друга, однако их очень часто применяют для экологических исследований – первый из них рассчитывается как вероятность совпадения признака (или вида из сообщества) при случайном изъятии двух образцов из генеральной совокупности. Второй представляет собой вероятность предсказания появления вида или образца, отличного от исследованных ранее, при постепенном изъятии образцов из выборки. Таким образом, указывает на уровень биологической изменчивости (разнообразия) выборки.

Индекс H можно трактовать как уровень неопределенности в прогнозировании принадлежности нового вида или образца. Чем выше значение индекса H, тем выше разнообразие выборок и тем сложнее предсказать параметры нового образца (видовую или генетическую принадлежность), напротив индекс D в разнообразных выборках уменьшается.

Два оставшихся индекса – выровненности и индекс Маргалефа (индекс «экологического богатства») находятся в обратной и прямой зависимости от разнообразия выборки, соответственно. Первый варьирует от 0 до 1, и чем выше его значения, тем ниже биологическое разнообразие. Второй является безразмерным и напрямую коррелирует с уровнем биологического разнообразия, что позволяет использовать их для описания состояния популяций или биоценозов в целом, в том числе – оценивать уязвимость их состояния. Некоторые авторы

предлагают использовать его как индикатор скорости эволюции экосистемы [10].

Как видно из рисунка 2, значение разнообразия для сельди, обитающей в Охотском море, носит промежуточный характер между Японским и Беринговым морями. Сельдь Японского моря проявляет признаки наибольшего биологического разнообразия в акваториях морей Дальнего Востока. При продвижении на восток (крайний левый столбец – выборка из зал. Петра Великого) в сторону зал. Бристоль (Аляска, Северная Америка) проявляется постепенный тренд к уменьшению параметров биологического разнообразия. Затем (восточнее зал. Аляска) наблюдается резкое среднее повышение этих параметров вплоть до моря Салиса (самое низкое значение для данных с Западного побережья Северной Америки). Самые большие значения биологического разнообразия у сельди, обитающей у западных берегов Северной Америки, отмечены в устье р. Колумбия. Достаточно высокие значения также выявлены для сельди из акватории южнее о. Баранова и севернее о-вов Королевы Шарлотты (юго-восток зал. Аляска).

Что касается сельди Охотского моря, то самые высокие значения были получены для

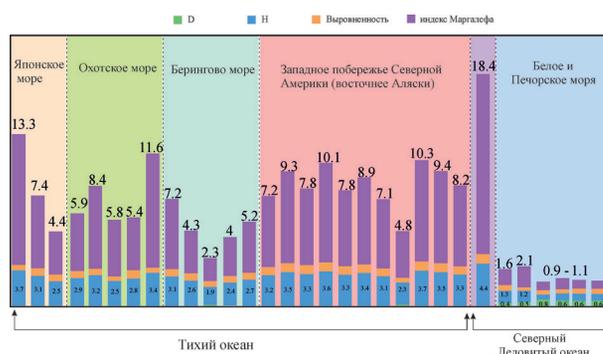


Рисунок 2. Столбчатая гистограмма индексов биологического разнообразия

Примечание: цветом обозначены выборки, собранные из различных акваторий: Японского, Охотского, Берингова, Белого и Печорского морей, а также у западного побережья Северной Америки. Цвета индексов обозначены сверху рисунка в легенде. Самое большое значение – у выборки, взятой для сравнения из Норвежского моря *Clupea harengus* (окаймлена фиолетовым цветом)

Figure 2. A columnar histogram of biological diversity indices

Note: the color indicates samples collected from various waters: the Japanese, Okhotsk, Bering, White and Pechora Seas, as well as off the west coast of North America. The colors of the indexes are indicated at the top of the figure in the legend. The largest value is in the sample taken for comparison from the Norwegian Sea *Clupea harengus* (bordered by purple)

Таблица 1. Средние значения для индексов биоразнообразия по выборкам каждой из акваторий в 95% CI, рассчитанным для 9,9 тысяч итераций методом бутстрепирования / **Table 1.** Average values for biodiversity indices for samples of each of the water areas in 95% CI calculated for 9.9 thousand iterations by bootstrapping method

Индекс / Название акватории	Японское море	Охотское море	Берингово море	Западное побережье Северной Америки	Белое и Печорское моря
Симпсона (D)	0,03-0,1	0,06-0,09	0,07-0,15	0,02-0,07	0,53-0,69
Шеннона (H)	2,53-3,70	2,67-3,21	2,18-2,9	3,10-3,52	0,60-0,99
Выровненности	0,59-0,77	0,52-0,75	0,64-0,74	0,78-0,92	0,39-0,62
Маргалёфа (d)	3,4-12,36	5,09-9,20	3,17-5,95	7,42-9,19	0,78-1,49

гижигинско-камчатской сельди (северо-восточная часть моря), менее разнообразной оказалась сельдь северо-западной акватории (Северо-Охотоморская подзона). Сельдь, обитающая в Белом, Карском морях, демонстрирует крайне малые величины индексов, что указывает на неблагоприятные условия обитания. По сравнению с ней, атлантическая сельдь более разнообразна по ряду параметров биологической изменчивости. Это указывает на благоприятные условия ее обитания, в т.ч. в связи с тем, что ее ареал приходится на ветви Гольфстрима – морского течения, производящего растеplяющий эффект в северных широтах. Таким образом, можно выделить несколько условно более благоприятных у акваторий для накопления биоразнообразия сельди: юго-западная часть Японского моря, северо-восточная часть Охотского моря, а также юго-восток зал. Аляска (южнее о. Баранова до о-вов Королевы Шарлоты) и акватория в приустьевом участке р. Колумбия (США).

Обобщенные данные по биоразнообразию сельди из акваторий различных морей представлены в таблице 1. Несмотря на то, что они в ряде случаев перекрываются, прослеживается четкий тренд – акватория Белого и Карского морей (Северный Ледовитый океан) не является благоприятным местом для обитания сельди, т.к. параметры ее биологического разнообразия ниже, по сравнению с сельдью из акватории, например, Охотского моря – от 3,24 до 5,35 раз.

В свою очередь, сельдь Берингова моря также менее разнообразна, мы связываем это с гидрологическим влиянием водных масс Северного Ледовитого океана.

Во всех случаях озерная сельдь (оз. Айнское, о. Сахалин; оз. Нерпичье, п-ов Камчатка) демонстрирует низкие значения биологического разнообразия, как и сельдь моря Салиса, что указывает на неблагоприятные условия ее обитания. Возможной причиной также является и антропогенная деятельность в этих ак-

ваториях, что, наряду с невысокими уровнями численности озерной сельди и низкими показателями биологического разнообразия, можно трактовать как четкий признак уязвимого положения этих скоплений рыб. Возможно, в будущем это потребует разработки особых природоохранных мероприятий по отношению к этим скоплениям (как и по отношению к сельди Баренцева и Белого морей). В целом сельдь у западного побережья Северной Америки более разнообразна, нежели в акваториях морей Дальнего Востока. В свою очередь, изменчивость сельди Северного Ледовитого океана еще меньше.

Как уже подмечено выше, и географически, и по параметрам биологического разнообразия сельдь Охотского моря находится в промежуточном положении между скоплениями из Японского и Берингова морей. По значениям индексов выровненности биоразнообразия и разнообразия Шеннона, сельди Японского и Охотского морей более сближены, чем сельдь Берингова моря (табл. 1).

Что касается данных по генетическому разнообразию, то они представлены на рисунке 3. Как видно, между широтно-долготными значениями и этими величинами выявляется статистически значимая корреляция.

Как можно заметить, на трех из четырех графиках – значения объединяются в три повторяющихся кластера (образованных как географическими, так и данными по биологическому разнообразию). Это трактуется нами как доказательство наличия трех метапопуляций у тихоокеанской сельди и географической связи между локализацией скоплений (в широтно-долготном смысле) и параметрами биоразнообразия.

Говоря иначе, несмотря на то, что параметры биологической изменчивости могут варьировать от одной выборки к другой, тем не менее прослеживается тенденция к усреднению этих величин для той или иной географической области, что указывает на их взаимосвя-

вязь с экологией обитания. Для всех значений была выявлена значимая корреляция по Пирсону (значения $p < 0.001$ для каждого из четырех графиков рисунка 3).

Приведем также значения нуклеотидного разнообразия (как одну из форм биологического разнообразия) у всех, исследованных нами выборок сельди, и сравним их со значениями сельди Охотского моря. Параметры среднего нуклеотидного разнообразия представлены на рисунке 4.

Если сравнивать сельдь Карского и Белого морей, то последняя более разнообразна, что можно трактовать как признак ее обитания в более благоприятных экологических условиях (если учитывать только Северный Ледовитый океан). В свою очередь, также можно ожидать, что на сельдь Карского моря действуют более жесткие условия обитания, что приводит к утрате ее биологического разнообразия. Однако, при сравнении параметров нуклеотидной изменчивости (рис. 4) для скоплений сельди из Белого моря с данными для рыб из морей Дальнего Востока, прослеживается тот же тренд, что и для экологических индексов Шеннона, Симпсона и т.д. (рис. 2). Значения для Японского

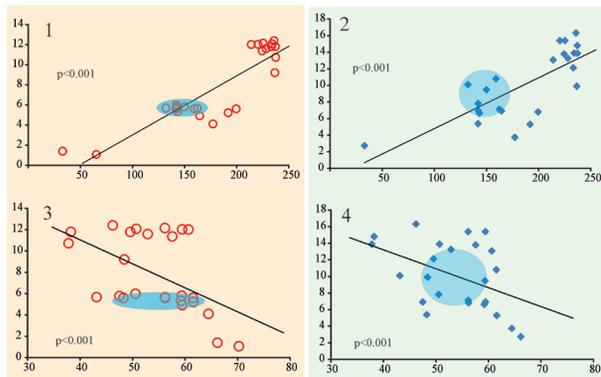


Рисунок 3. Графики корреляции между градусами параллелей (долготы) верхняя часть под цифрами 1 и 3, градусами меридиан (широты) нижняя часть под цифрами 2 и 4 и средним нуклеотидным θ_m разнообразием выборок (красное окаймление) и числом единичных мутаций θ_s (зеленое окаймление)

Примечание: выделенные овалами области – место расположения образцов из Охотского моря

Figure 3. Graphs of the correlation between degrees of parallels (longitude), the upper part under the digits 1 and 3, degrees of meridian (latitude), the lower part under the digits 2 and 4 and the average nucleotide diversity of samples θ_m (red border) and the number of single mutations θ_s (green border)

Note: the areas highlighted by ovals are the location of samples from the Sea of Okhotsk

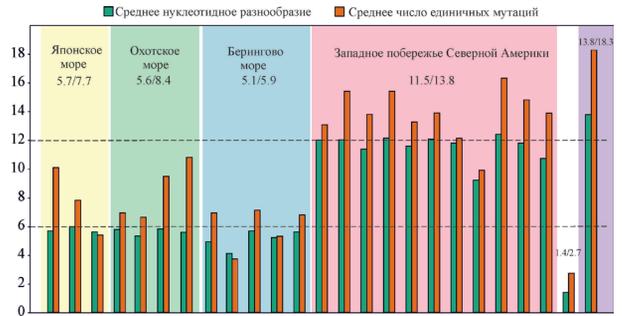


Рисунок 4. Столбчатая диаграмма нуклеотидного разнообразия для выборок из различных акваторий

Примечание: цифры через косую дробь – значения среднего нуклеотидного разнообразия и числа единичных мутаций в выборках усреднено. Две крайние не подписанные выборки – из Белого (белый цвет) и Норвежского морей (фиолетовый)

Figure 4. Bar chart of nucleotide diversity for samples from different water areas.

Note: the numbers separated by a slash are the values of the average nucleotide diversity and the number of single mutations in the samples averaged. The two extreme unsigned samples are from the White (white) and Norwegian Seas (purple)

и Охотского морей по параметру среднего нуклеотидного разнообразия примерно сопоставимы и выше значений для Белого моря в 4-4,1 раза. При продвижении на восток от акватории Японского моря до акватории Берингова моря, как и для экологических индексов, постепенно падают значения среднего нуклеотидного разнообразия \approx на 10%. Средние значения числа единичных мутаций от Японского к Охотскому морю несколько возрастают на чуть менее 10%, а затем снова снижаются \approx 30%.

Значения параметров изменчивости для сельди, обитающей у берегов Северной Америки, выше значений для сельди из морей Дальнего Востока \approx в 2-2,1 раза, причем самые большие значения, также, как и экологические индексы, приходятся на приустьевую акваторию р. Колумбия, следующим по благоприятности можно признать зал. Аляска, особенно юго-восточную его часть.

В целом данные по экологическим индексам и параметрам нуклеотидного разнообразия согласуются между собой, что указывает на возможность применения тех или иных статистических величин для более детального изучения экологического состояния скоплений сельди, в том – числе сельди Охотского моря.

Были найдены статистически значимые зависимости между географическими регионами (широтно-долготные координаты) и параметрами молекулярной изменчивости тихоокеанской сельди.

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов. Вклад в работу авторов: **В.В. Горбачев** – идея статьи, сбор материала, написание и корректировка текста, обработка графики и статобработка данных; **А.А. Смирнов** – сбор материала, руководство при подготовке рукописи, окончательная верстка; **А.П. Щербakov** – помощь в статобработке и внесение правок в рукопись; **Е.А. Метелев** – подготовка рукописи, внесение правок.

The authors declare that there is no conflict of interest. Contribution to the work of the authors: **V.V. Gorbachev** – the idea of the article, collection of material, writing and correcting text, graphics processing and statistical data processing; **A.A. Smirnov** – collection of material, guidance in the preparation of the manuscript, final layout; **A.P. Scherbakov** – assistance in statistical processing and making edits to the manuscript; **E.A. Metelyov** – preparation of the manuscript, making edits.

ЛИТЕРАТУРА И ИСТОЧНИКИ

- Смирнов А.А. Гижигинско-камчатская сельдь // Магадан: МагаданНИРО. 2009. 149 с.
- Семенова А.В., Стрганов А.Н., Смирнов А.А. [и др.] Генетическая изменчивость сельди *Clupea pallasii* Охотского моря по микросателлитным маркерам // Генетика. 2014. Т. 50. № 2. С. 197-202. doi: 10.7868/S0016675813120102
- Стрганов А.Н., Семенова А.В., Рыбаков М.О., Смирнов А.А. Изменчивость морфобиологических характеристик в арктических и тихоокеанских популяциях тихоокеанской сельди *Clupea pallasii* // Вопросы ихтиологии. 2021. Т. 61. № 3. С. 326-336. doi: 10.31857/S0042875221030176
- Горбачев В.В., Смирнов А.А., Метелев Е.А. Прогнозирование биоразнообразия и биометрических показателей сельди (*Clupea pallasii*) Охотского моря с применением нейронных сетей // Рыбное хозяйство. 2024. № 3. С. 32-39. doi: 10.37663/0131-6184-2024-3-32-39
- Науменко Н. И. Биология и промысел морских сельдей Дальнего Востока. // П.-Камчатский: Камчатский печатный двор. 2001. 300 с.
- Gorbachev V.V. Migrations as a Reason for Genetic Homogeneity of Pacific Herring (*Clupea Pallasii*) from the Sea of Okhotsk // Russian Journal of Genetics Applied Research. 2013. V. 3. Pp. 203–208. doi: 10.1134/S2079059713030052
- Трофимов И.К. Озерная форма сельди: ее происхождение и распространение // Известия ТИНРО. 2005. Т.142. С. 64-81
- Горбачев В.В., Смирнов А.А. Влияние эколого-биологических и генетических факторов на внутривидовую структуру тихоокеанской сельди (*Clupea pallasii*) // Вестник Камчатского государственного технического университета. 2019. Т.48. Pp. 59-70. doi: 10.17217/2079-0333-2019-48-59-70
- Конвенция «О биологическом разнообразии» от 5 июня 1992 года // «Собрание законодательства Российской Федерации». – Москва. 6.05.1996. С. 2254.
- Iglesias-Rios R., Mazzoni R. (2014). Measuring diversity: looking for processes that generate diversity // Natureza & Conservação. V. 12(2), Pp. 156-161. doi: 10.1016/j.ncon.2014.04.001
- Laakkonen H.M., Lajus D.L., Strelkov P., Väinölä R. (2013). Phylogeography of amphiboreal fish: tracing the history of the Pacific herring *Clupea pallasii* in North-East European seas // BMC Evolutionary Biology. V. 13(1) I.67. Pp. 1-16
- Liu J., Tatarenkov A., Beacham T., Gorbachev V.V., Wildes S., Avise J. (2011). Effect of Pleistocene climatic fluctuations on the phylogenetic and demographic histories of Pacific herring (*Clupea pallasii*) // Mol. Ecol. V. 20. I. 18. Pp. 3879-3893

LITERATURE AND SOURCES

- Smirnov A.A. (2009). Gizhiginsko-kamchatskaya herring // Magadan: MagadanNIRO. 149 p. (In Russ.)
- Semenova A.V., Stroganov A.N., Smirnov A.A. [et al.] (2014). Genetic variability of selection of *Clupea pallasii* of the Ootsky Sea by microsatellite markers // Encyclopedia. Vol. 50. No. 2. Pp. 197-202. doi: 10.7868/S0016675813120102
- Stroganov A.N., Semenova A.V., Rybakov M.O., Smirnov A.A. (2021). Variability of morphobiological characteristics in Arctic and Pacific populations of Pacific herring // Questions of ichthyology. vol. 61. No. 3. Pp. 326-336. doi: 10.31857/S0042875221030176. (In Russ.)
- Gorbachev V.V., Smirnov A.A., Metelyev E.A. (2024). Neural network prediction of biodiversity and biometric indicators in herring (*Clupea pallasii*) of Okhotsk Sea // Fisheries. No. 3. Pp. 32-39. doi: 10.37663/0131-6184-2024-3-32-39. (In Russ., abstract in Eng.)
- Naumenko N.I. (2001). Biology and fishery of sea herring of the Far East. / N.I. Naumenko // P.-Kamchatka: Kamchatka printing Yard. 300 p. (In Russ.)
- Gorbachev V.V. (2013). Migration as a cause of genetic homogeneity of Pacific herring (*Clupea Pallasii*) from the Sea of Okhotsk // Russian Journal of Applied Genetic Research. Vol. 3. Pp. 203-208. doi: 10.1134/S2079059713030052 (In Russ.)
- Trofimov I.K. (2005). The lake form of herring: its origin and distribution // Izvestia TINRO. Vol.142. Pp. 64-81. (In Russ.)
- Gorbachev V.V., Smirnov A.A. (2019). The influence of ecological, biological and genetic factors on the intraspecific structure of Pacific herring (half a ship) // Bulletin of the Kamchatka State Technical University. Vol.48. Pp. 59-70. doi: 10.17217/2079-0333-2019-48-59-70. (In Russ.)
- Convention on Biological Diversity of June 5, 1992 // "Collection of legislation of the Russian Federation". – Moscow. 05/6/1996. P. 2254. (In Russ.)
- Iglesias-Rios R., Mazzoni R. (2014). Measuring diversity: the search for processes that generate diversity // Natureza & Conservação. Vol. 12(2). Pp. 156-161. doi: 10.1016/j.ncon.2014.04.001
- Laakkonen H.M., Lajus D.L., Strelkov P., Väinölä R. (2013). Phylogeography of amphiboreal fishes: tracing the history of the Pacific herring *Clupea pallasii* in the seas of Northeastern Europe // Evolutionary biology BMC. Vol. 13(1) I.67. Pp. 1-16
- Liu J., Tatarenkov A., Beecham T., Gorbachev V.V., Wilds S., Avise J. (2011). The influence of Pleistocene climatic fluctuations on the phylogenetic and demographic history of the Pacific herring (*Clupea pallasii*) // Mol. journal. Ecol. V. 20. I. 18. Pp. 3879-3893

Материал поступил в редакцию/ Received 19.07.2024
Принят к публикации / Accepted for publication 19.07.2024