

# Популяционная генетика морских млекопитающих

И.Г. Мещерский

кабинет методов  
молекулярной диагностики

отчетная сессия за период 2018-2020 гг.

**Методические аспекты  
исследований  
популяционной генетики  
морских млекопитающих**

**и**

**ВОЗМОЖНОСТИ**

**кабинета методов молекулярной диагностики  
ИПЭЭ РАН**

**И.Г. Мещерский  
кабинет методов  
молекулярной диагностики**

**отчетная сессия за период 2018-2020 гг.**

# Генетический анализ внутривидовой и популяционной структуры

Проводится путем сравнения частот аллелей тех или иных участков генома (локусов) в выборках особей, соответствующих группам сравнения.

Как правило, используются неcodирующие участки или третьи позиции в триплетях, мутации в которых полагаются селективно-нейтральными.

Чем больше локусов и чем изменчивей локус (большое число аллелей), тем надежней результат.

Требуются репрезентативные выборки

**Фундаментальные направления, для разработки которых используются данные о генетических различиях между популяциями морских млекопитающих**

**1. Микроэволюционные процессы в популяциях при отсутствии физических преград для перемещения всех особей в пределах всего ареала вида.**

**Роль поведенческих (cultural) особенностей в формировании генетически обособленных групп в таких условиях.**

**2. Влияние резких климатических изменений последних десятилетий на морскую биоту (морские млекопитающие - виды-индикаторы).**

**3. Мониторинг состояния и обеспечение благополучия популяций редких видов.**

**И.Г. Мещерский,  
кабинет методов молекулярной диагностики**

# Функционал кабинета

Оборудование для пробоподготовки  
(выделение ДНК, постановка ПЦР, оценка качества,  
очистка и фракционирование ампликонов)

и

**Система капиллярного электрофореза  
(секвенатор)**

И.Г. Мещерский,  
кабинет методов молекулярной диагностики

# Капиллярный электрофорез: определение нуклеотидных последовательностей (секвенирование)

## Недостатки:

- сиквенсы короткие (в итоге анализируется небольшое число изменчивых сайтов);
- нет возможности разделения и определения аллелей в случае гетерозиготности;
- относительная трудоемкость в получении каждой последовательности, относительно высокая стоимость в пересчете на одну последовательность.

## Преимущества:

- высокая точность;
- минимальные усилия при обработке первичных данных;
- относительно низкая стоимость в пересчете на достаточную для выводов выборку.

И.Г. Мещерский,  
кабинет методов молекулярной диагностики

# Капиллярный электрофорез: фрагментный анализ (определение аллелей микросателлитных локусов)

## Недостатки:

- трудоемкость, что приводит к ограничению числа анализируемых локусов;
- невозможность интеграции с данными других лабораторий без обмена референсными образцами.

## Преимущества:

- высокая изменчивость;
- заведомая селективная нейтральность;
- минимальные усилия при обработке первичных данных;
- относительно низкая стоимость в пересчете на достаточную для выводов выборку.

"золотой стандарт"

в оценке внутривидовой популяционной структуры

фрагменты гапloidной мтДНК длиной 400-1200 п.н.

и

алельный состав 8-24 микросателлитных локусов

И.Г. Мещерский,  
кабинет методов молекулярной диагностики

# Альтернатива - методы секвенирования нового поколения (NGS)

## Преимущества:

- возможность обработки больших выборок;
- возможность проведения сравнений по очень большому числу локусов;
- при работе с ампликонами - возможность разделения и определения аллелей в случае гетерозиготности;
- лучшие возможности для работы с деградированной ДНК и образцами с низким содержанием ДНК;
- относительно низкая стоимость в пересчете на один генотип / маркер.

## Недостатки:

- необходимость сложной компьютерной (биоинформационной) обработки первичных данных;
- высокая абсолютная стоимость всей работы;
- претензии к точности результатов.

И.Г. Мещерский,  
кабинет методов молекулярной диагностики

# Только ли в технике дело?

И.Г. Мещерский,  
кабинет методов молекулярной диагностики



**American  
Genetic  
Association**

*Journal of Heredity*, 2018, 1–11

doi:10.1093/jhered/esy033

Original Article

Advance Access publication September 3, 2018

OXFORD

---

Original Article

# **Cultural Transmission of Fine-Scale Fidelity to Feeding Sites May Shape Humpback Whale Genetic Diversity in Russian Pacific Waters**

Gaëtan Richard, Olga V. Titova, Ivan D. Fedutin, Debbie Steel, Ilya G. Meschersky, Marie Hautin, Alexander M. Burdin, Erich Hoyt, Olga A. Filatova\*, and Jean-Luc Jung\*

## Генетическая характеристика нагульных скоплений горбатых китов северо-западной части Тихого океана

1. Московский Россия
2. Институт пр Москва, Россия
3. Камчатский академии наук,
4. Общество ох

Filatova O.A.<sup>1</sup>,

### Genetic an western N

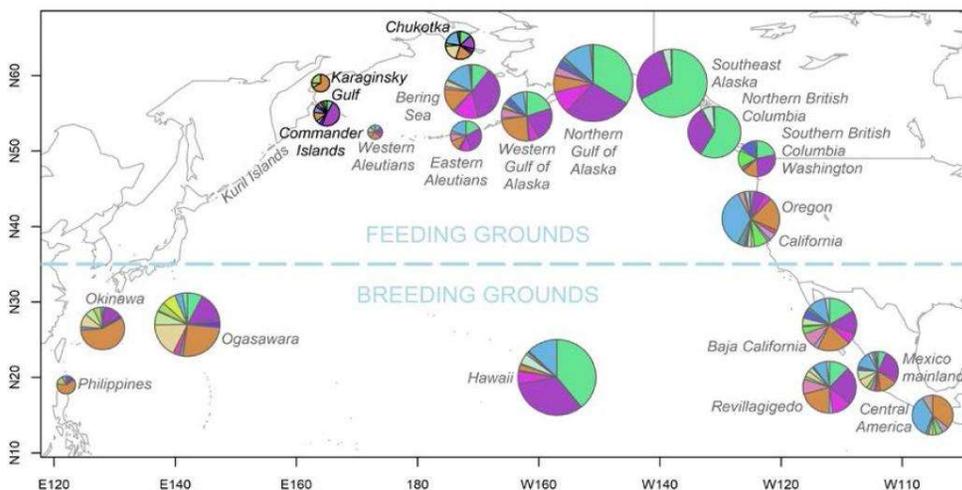


Рис. 1. Частоты гаплотипов митохондриальной ДНК горбатых китов в нагульных и репродуктивных районах северной Пацифики. Площадь круга пропорциональна числу проб.

... Для горбачей, как и для многих других китообразных, характерна привязанность к определенным местам размножения и нагула: то есть один и тот же кит чаще всего ежегодно мигрирует между одними и теми же районами нагула и размножения (хотя бывают и исключения, особенно среди самцов). При этом животные из одного района размножения могут мигрировать в разные районы нагула и наоборот. Все это создает достаточно сложную и запутанную популяционную структуру.

Целью данной работы было прояснить с помощью генетических методов отношения между тремя нагульными скоплениями в российских водах.

## Генетическая характеристика нагульных скоплений горбатых китов северо-западной части Тихого океана

1. Московский Россия
2. Институт пр Москва, Россия
3. Камчатский академии наук,
4. Общество ох

Filatova O.A.<sup>1</sup>,

### Genetic a western N

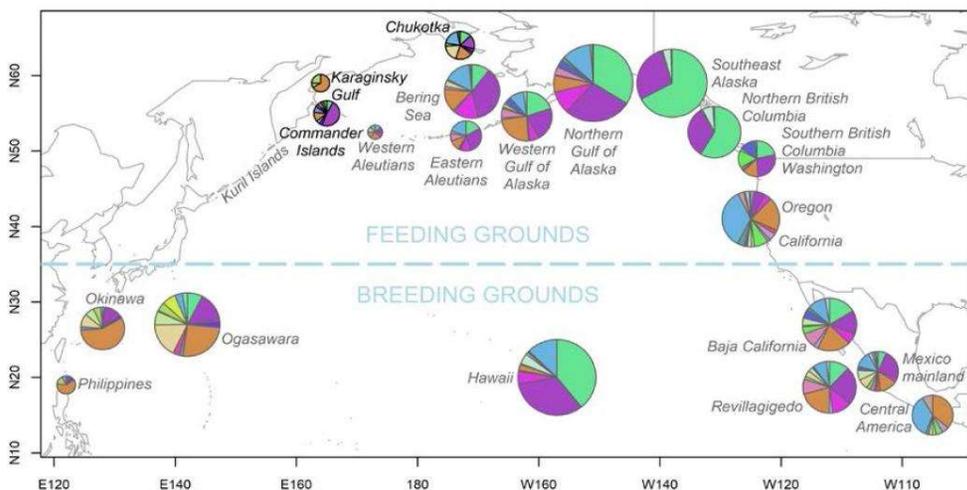


Рис. 1. Частоты гаплотипов митохондриальной ДНК горбатых китов в нагульных и репродуктивных районах северной Пацифики. Площадь круга пропорциональна числу проб.

*В качестве генетических маркеров были выбраны: участок контрольного региона митохондриальной ДНК (мтДНК) – фрагмент длиной 667 пн, традиционно используемый в исследованиях горбатого кита (Baker et al., 2013)*

*и 11 микросателлитных локусов ядерной ДНК: Ev14, Ev37, Ev96 (Valsecchi, Amos, 1996), GATA417, GATA28, GATA53 (Palsbøll et al., 1997), GT211, GT23, GT575 (Berube et al., 2000), rw4-10, rw48 (Waldick et al., 1999)*

## Генетическая характеристика нагульных скоплений горбатых китов северо-западной части Тихого океана

1. Московский Россия
2. Институт пр Москва, Россия
3. Камчатский академии наук,
4. Общество ох

Filatova O.A.<sup>1</sup>,

### Genetic an western N

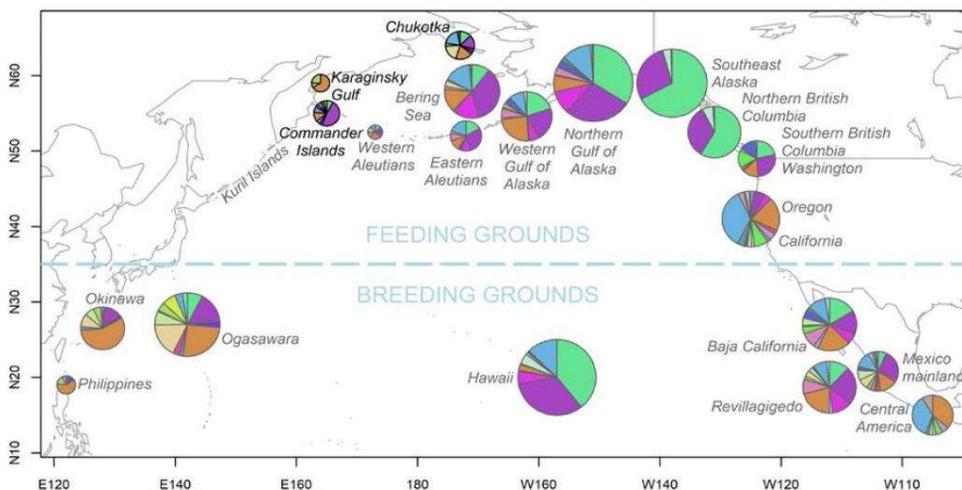


Рис. 1. Частоты гаплотипов митохондриальной ДНК горбатых китов в нагульных и репродуктивных районах северной Пацифики. Площадь круга пропорциональна числу проб.

Анализ частот гаплотипов контрольного региона митохондриальной ДНК выявил значимые различия между всеми тремя исследованными регионами..., киты из пролива Сенявина имели наибольшее сходство с тремя мексиканскими районами, но, одновременно, и с районом Огасавары. Состав митохондриальных линий китов из Карагинского залива меньше всего отличался от известного для двух районов в западной Пацифике - Окинавы и Филиппин.

Анализ данных о частотах аллелей микросателлитных локусов показывает принадлежность особей всех трех российских нагульных скоплений к одному общему кластеру.



Original Article

## Cultural Transmission of Fine-Scale Fidelity to Feeding Sites May Shape Humpback Whale Genetic Diversity in Russian Pacific Waters

Gaëtan Richard, Olga V. Titova, Ivan D. Fedutin, Debbie Steel, Ilya G. Meschersky, Marie Hautin, Alexander M. Burdin, Erich Hoyt, Olga A. Filatova\*, and Jean-Luc Jung\*

### Abstract

Mitochondrial DNA (mtDNA) differences between humpback whales on different feeding grounds can reflect the cultural transmission of migration destinations over generations, and therefore represent one of the very few cases of gene-culture coevolution identified in the animal kingdom.

In Russian Pacific waters, photo-identification (photo-ID) studies have shown minimal interchange between whales feeding off the Commander Islands and those feeding in the Karaginsky Gulf, regions that are separated by only 500 km and have previously been lumped together as a single Russian feeding ground. Here, we assessed whether genetic differentiation exists between these 2 groups of humpback whales. We discovered a strong mtDNA differentiation between the 2 feeding sites ( $F_{ST} = 0.18$ ,  $\Phi_{ST} = 0.14$ ,  $P < 0.001$ ). In contrast, nuclear DNA (nuDNA) polymorphisms, determined at 8 microsatellite loci, did not reveal any differentiation. Comparing our mtDNA results

**... represent one of the very few cases of gene-culture coevolution identified in the animal kingdom.**

## **Cultural Transmission of Fine-Scale Fidelity to Feeding Sites May Shape Humpback Whale Genetic Diversity in Russian Pacific Waters**

Gaëtan Richard, Olga V. Titova, Ivan D. Fedutin, Debbie Steel, Ilya G. Meschersky, Marie Hautin, Alexander M. Burdin, Erich Hoyt, Olga A. Filatova\*, and Jean-Luc Jung\*

### **Abstract**

Mitochondrial DNA (mtDNA) differences between humpback whales on different feeding grounds can reflect the cultural transmission of migration destinations over generations, and therefore represent one of the very few cases of gene-culture coevolution identified in the animal kingdom.

In Russian Pacific waters, photo-identification (photo-ID) studies have shown minimal interchange between whales feeding off the Commander Islands and those feeding in the Karaginsky Gulf, regions that are separated by only 500 km and have previously been lumped together as a single Russian feeding ground. Here, we assessed whether genetic differentiation exists between these 2 groups of humpback whales. We discovered a strong mtDNA differentiation between the 2 feeding sites ( $F_{ST} = 0.18$ ,  $\Phi_{ST} = 0.14$ ,  $P < 0.001$ ). In contrast, nuclear DNA (nuDNA) polymorphisms, determined at 8 microsatellite loci, did not reveal any differentiation. Comparing our mtDNA results

# Structure and Assessment of Beluga Whale, *Delphinapterus leucas*, Populations in the Russian Far East

OLGA V. SHPAK, ILYA G. MESCHERSKY, DMITRY M. GLAZOV,  
DENIS I. LITOVKA, DARIA M. KUZNETSOVA and VIATCHESLAV V. ROZHNOV

## Introduction

In the Russian Far East, the beluga, *Delphinapterus leucas*, or white whale, occurs in the Okhotsk Sea and along the coastline of the Chukotka Autonomous Region in the western Bering, western Chukchi, and eastern East Siberian seas (Fig. 1). From late 1920's to the dissolution of the Soviet Union in 1991, Soviet scientists conducted extensive studies on this species' abundance and distribution, mainly because belugas were hunted commercially (Kleinenberg et al., 1964; Matishov and Ognetrov, 2006). In 2000, scientific information on belugas in Russian waters was reviewed

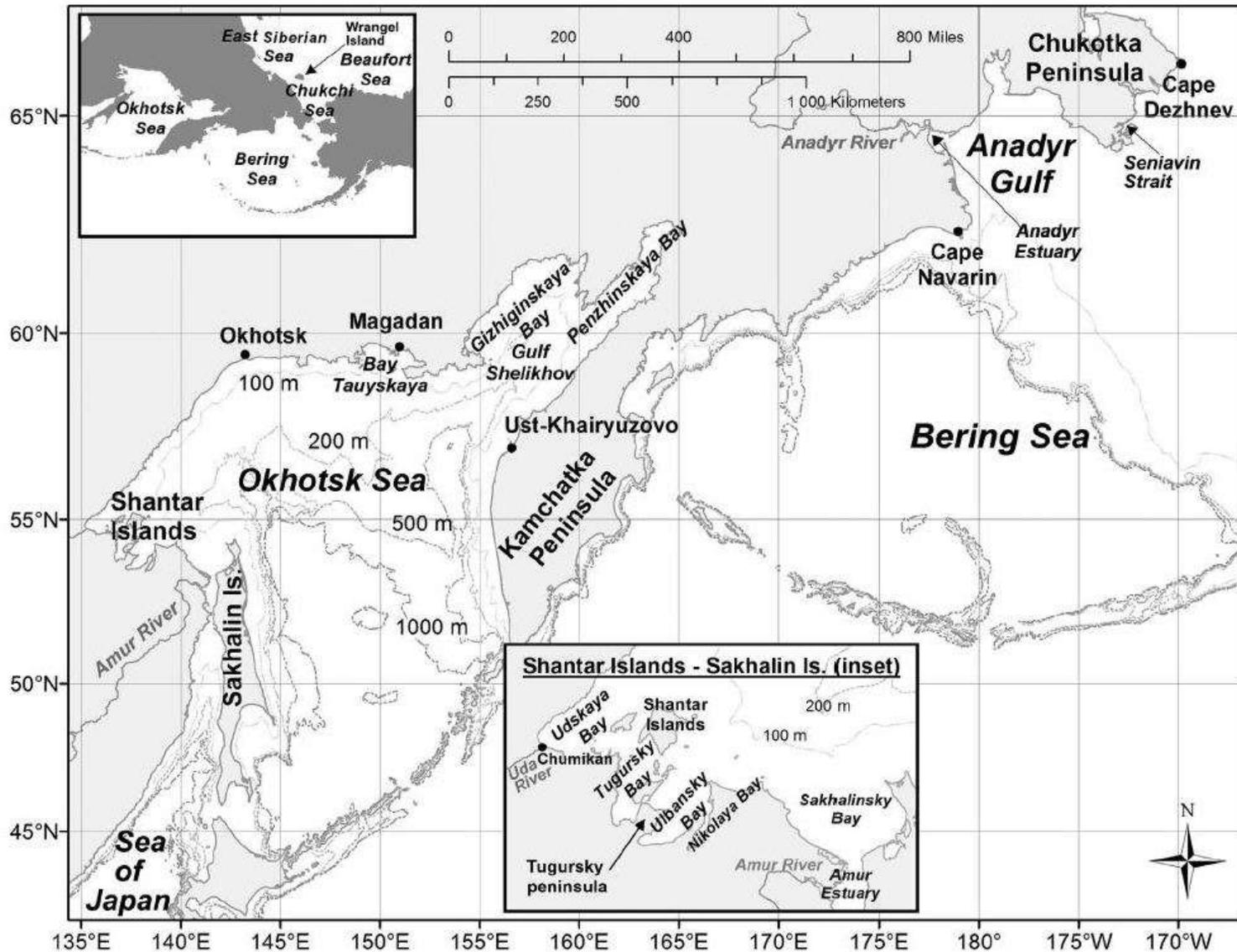
Far-Eastern waters were recognized: Western Chukchi-East Siberian Sea (stock no. 25), Anadyr Gulf (26); Shelikhov (27); Sakhalin-Amur (28), and Shantar (29). The delineation of Stock 25 was questioned by some experts, who, based on satellite tracking data, suggested belugas migrating along Chukotka Peninsula coast belonged to United States or Canadian stocks (i.e., Eastern Bering Sea (stock no. 3), Eastern Chukchi Sea (4), or Beaufort Sea (or Eastern Beaufort) (5)). For stocks 25 and 26, no abundance estimates were provided, and the Okhotsk Sea beluga population (comprised of stocks 27, 28, and 29) was estimated at 18,000–20,000 (IWC, 2000).

of marine resources in Russia, including belugas, is not based on the species population structure, but rather on geographically defined fishing zones. Our studies in the Okhotsk Sea have led to the Russian Federal Agency of Fisheries and the Ministry of Agriculture recognizing the necessity to consider stock distribution when issuing total allowable takes (TAT) in this region (Ministry of Agriculture, Order N 533, 27 October 2017). An updated assessment of beluga population structure would be important for effective and sustainable management.

Here, we review and summarize our previously published research results and present updated genetic results

# Structure and Assessment of Beluga Whale, *Delphinapterus leucas*, Populations in the Russian Far East

OLGA V. SHPAK, ILYA G. MESCHERSKY, DMITRY M. GLAZOV,  
DENIS I. LITOVKA, DARIA M. KUZNETSOVA and VIATCHESLAV V. ROZHNOV



Structure and Assessment of Beluga Whale, *Delphinapterus leucas*, Populations in the Russian Far East

OLGA V. SHPAK, ILYA G. MESCHERSKY, DMITRY M. GLAZOV,  
DENIS I. LITOVKA, DARIA M. KUZNETSOVA and VIATCHESLAV V. ROZHNOV

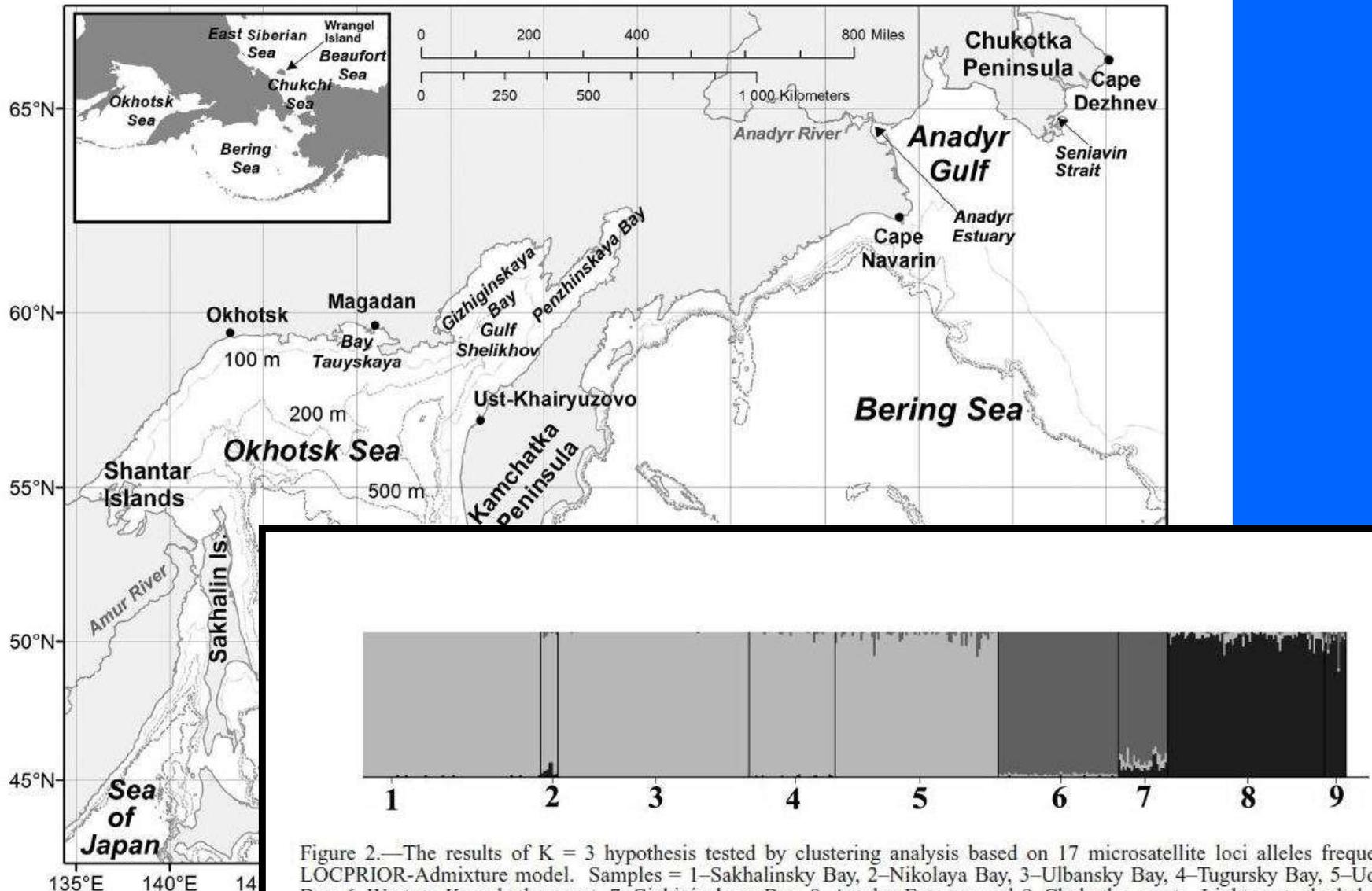


Figure 2.—The results of K = 3 hypothesis tested by clustering analysis based on 17 microsatellite loci alleles frequencies. LOCPRIOR-Admixture model. Samples = 1–Sakhalinsky Bay, 2–Nikolaya Bay, 3–Ulbansky Bay, 4–Tugursky Bay, 5–Udskaya Bay, 6–Western Kamchatka coast, 7–Gizhiginskaya Bay, 8–Anadyr Estuary, and 9–Chukotka coast. Light gray shaded area = western-Okhotsk population, dark gray shaded area = northeast Okhotsk population, and black shaded area = Anadyr-Chukotka

Structure and Assessment of Beluga Whale, *Delphinapterus leucas*, Populations in the Russian Far East

OLGA V. SHPAK, ILYA G. MESCHERSKY, DMITRY M. GLAZOV,  
DENIS I. LITOVKA, DARIA M. KUZNETSOVA and VIATCHESLAV V. ROZHNOV

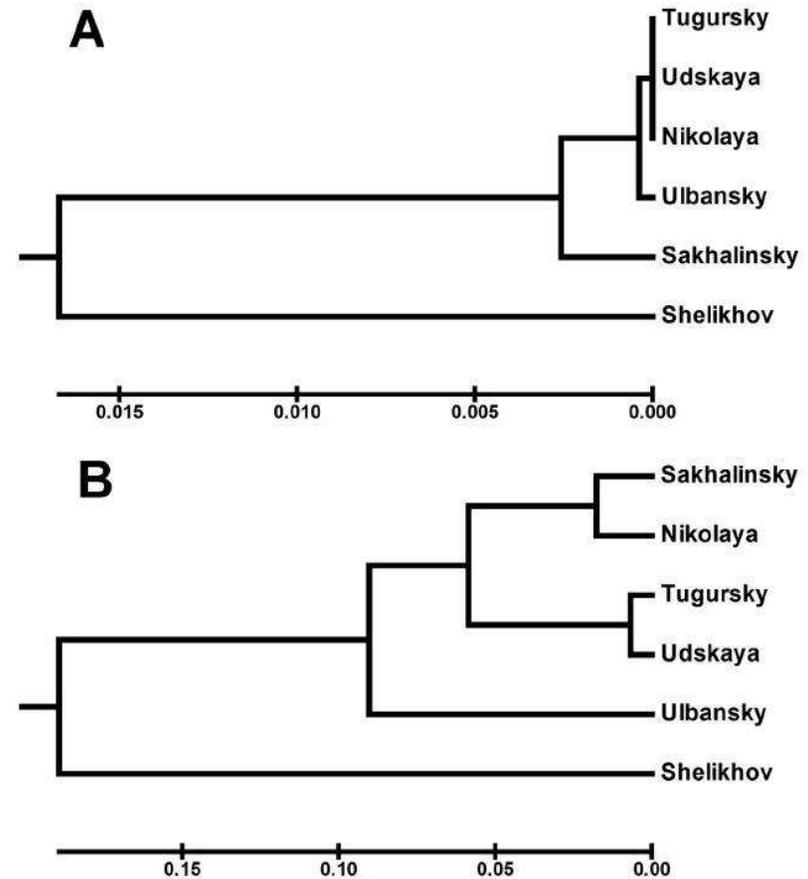
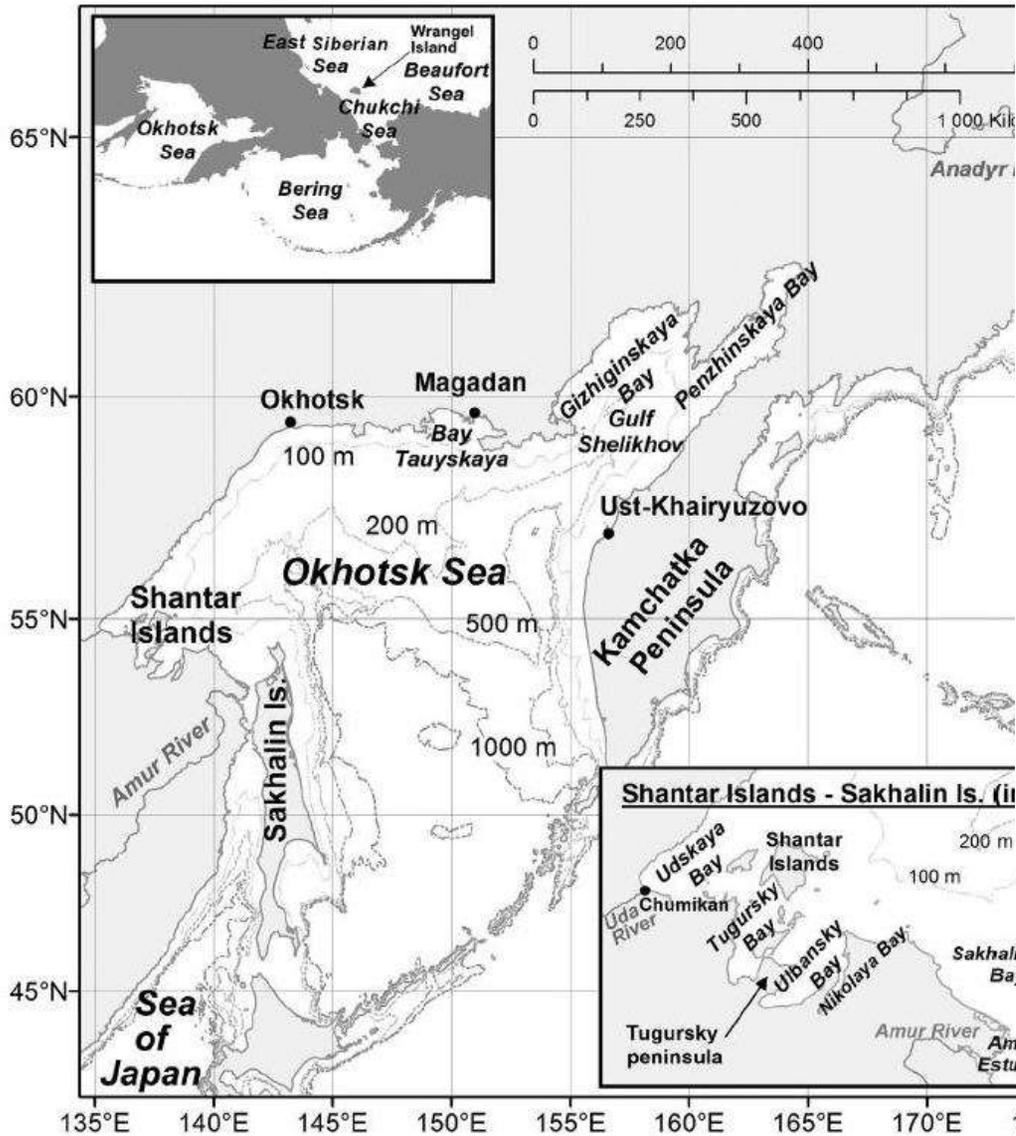


Figure 4.—UPGMA-cladogram of *F<sub>st</sub>*-distances found for beluga whales in the Okhotsk Sea. A) allelic composition of 17 nuclear microsatellite loci, B) presence and frequencies of the mtDNA control region (559 bp) haplotypes.

# Walrus (*Odobenus rosmarus rosmarus*) in the Pechora Sea in the context of contemporary population structure of Northeast Atlantic walrus

LISELOTTE WESLEY ANDERSEN<sup>1\*</sup>, MAGNUS W. JACOBSEN<sup>1</sup>, CHRISTIAN LYDERSEN<sup>2</sup>, VARVARA SEMENOVA<sup>3</sup>, ANDREI BOLTUNOV<sup>3</sup>, ERIK W. BORN<sup>4</sup>, ØYSTEIN WIIG<sup>5</sup> and KIT M. KOVACS<sup>2</sup>

## CONTEMPORARY POPULATION STRUCTURE OF NORTHEAST ATLANTIC WALRUSES 3

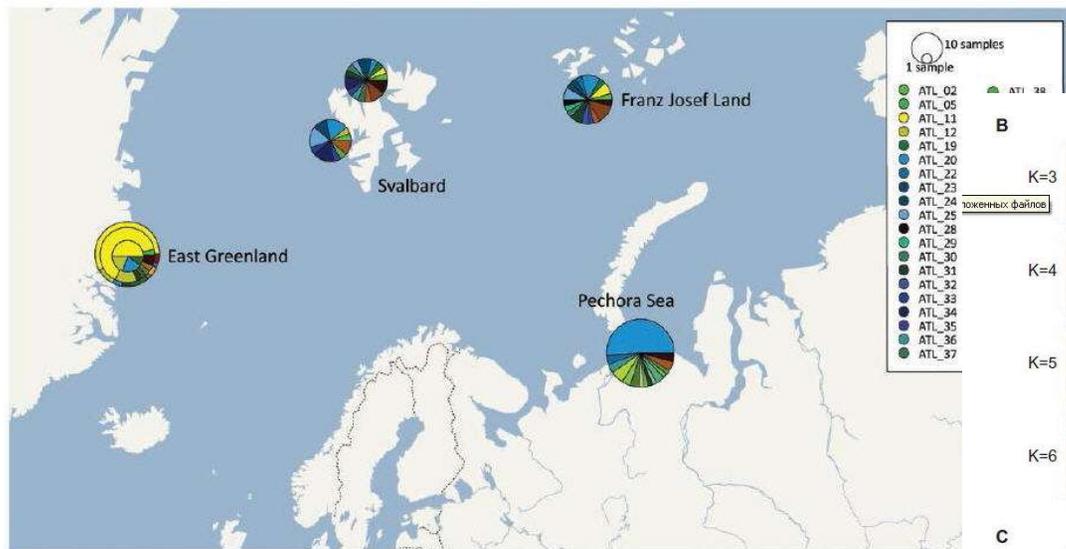
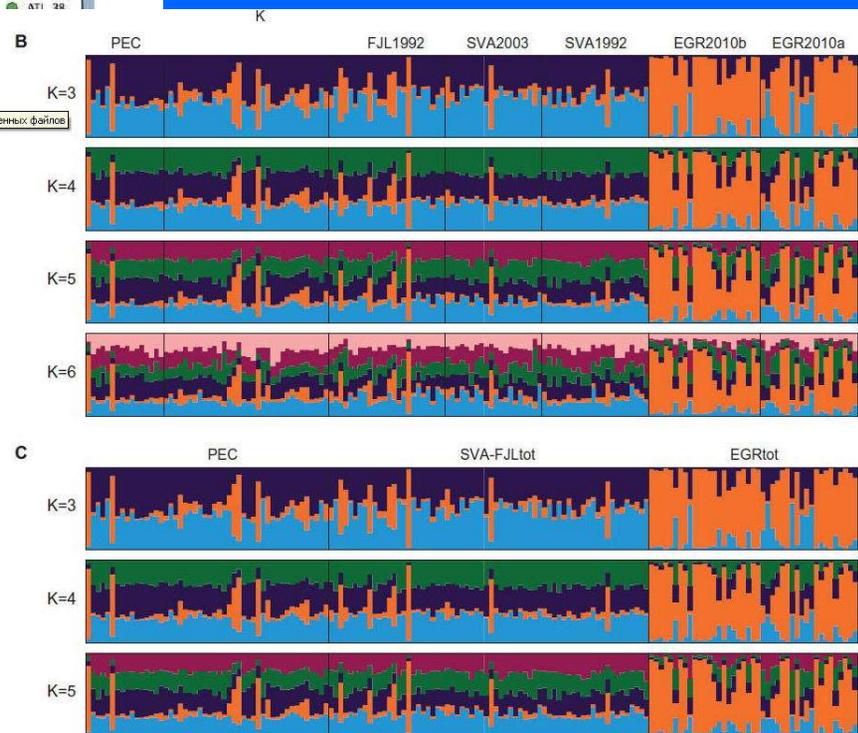


Figure 1. Sampling locations of the Atlantic walrus used in this study from the Barents Sea and adjacent their respective mtDNA haplotype distributions.





**American  
Genetic  
Association**

*Journal of Heredity*, 2018, 1–9

doi:10.1093/jhered/esy037

Original Article

Advance Access publication July 20, 2018

---

Original Article

# **Colonizing the Wild West: Low Diversity of Complete Mitochondrial Genomes in Western North Pacific Killer Whales Suggests a Founder Effect**

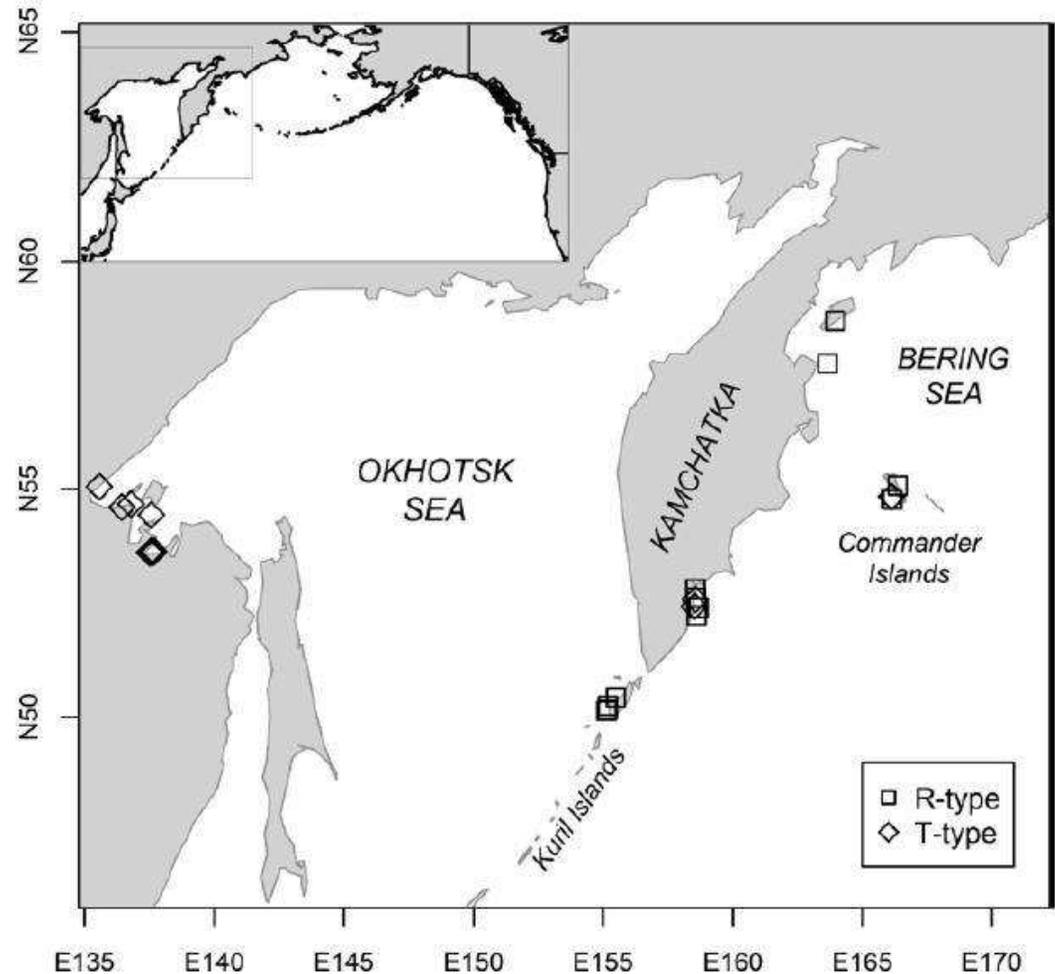
**Olga A. Filatova, Ekaterina A. Borisova, Ilya G. Meschersky, Maria D. Logacheva, Nataliia V. Kuzkina, Olga V. Shpak, Phillip A. Morin, and Erich Hoyt**

Original Article

## Colonizing the Wild West: Low Diversity of Complete Mitochondrial Genomes in West North Pacific Killer Whales Suggests a Founder Effect

Olga A. Filatova, Ekaterina A. Borisova, Ilya G. Meschersky, Maria D. Logacheva, Nataliia V. Kuzkina, Olga V. Shpak, Phillip and Erich Hoyt

Journal of Heredity, 2018, Vol. XX, No. XX



Original Article

# Colonizing the Wild West: Low Diversity of Complete Mitochondrial Genomes in Western North Pacific Killer Whales Suggests a Founder Effect

Olga A. Filatova, Ekaterina A. Borisova, Ilya G. Meschersky, Maria D. Logacheva, Nataliia V. Kuzkina, Olga V. Shpak, Phillip A. Morin, and Erich Hoyt

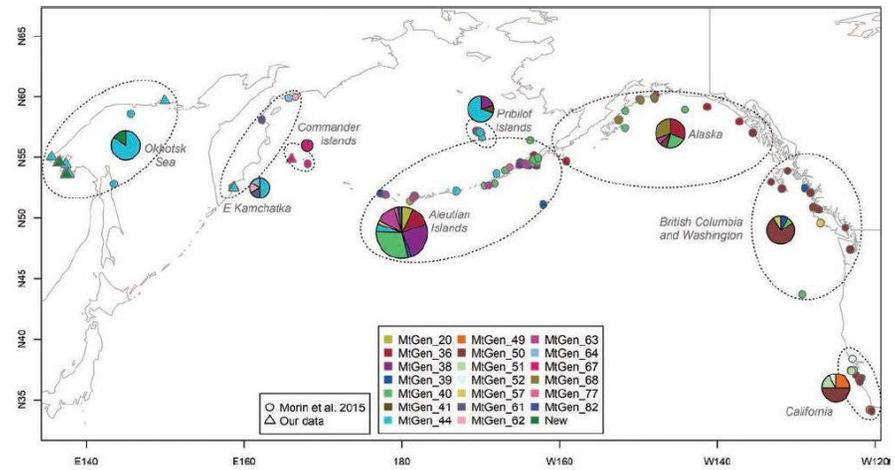


Figure 4. Distribution of complete mitochondrial haplotypes for T-type killer whales in the North Pacific. Dashed ovals indicate the predefined geographic areas, pie plots show the ratio of haplotypes in the corresponding area. The pie size is proportional to the number of individuals sampled (Table 1). See online version for full colors.

*Journal of Heredity*, 2018, Vol. XX, No. XX

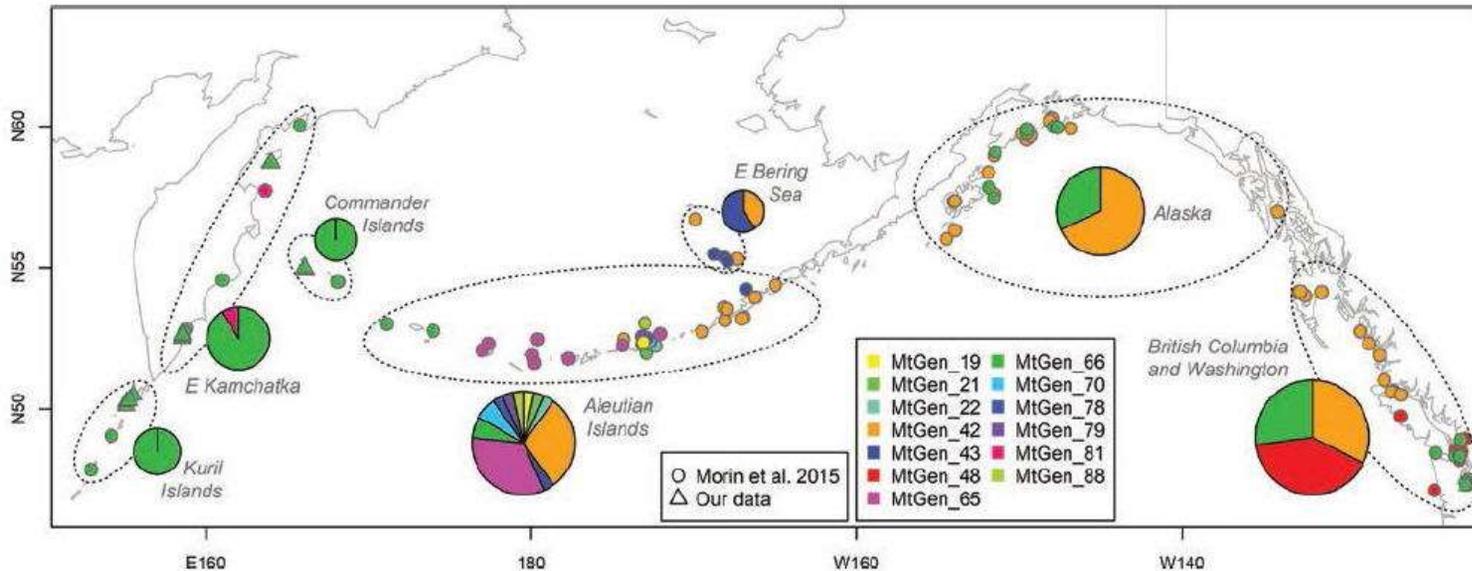


Figure 2. Distribution of complete mitochondrial haplotypes for R-type killer whales in the North Pacific. Dashed ovals indicate the predefined geographic areas, pie plots show the ratio of haplotypes in the corresponding area. The pie size is proportional to the number of individuals sampled (Table 1). See online version for full colors.

## Geographic and temporal dynamics of a global radiation and diversification in the killer whale

PHILLIP A. MORIN,\* KIM M. PARSONS,† FREDERICK I. ARCHER,\* MARÍA C. ÁVILA-ARCOS,‡  
LANCE G. BARRETT-LENNARD,§ LUCIANO DALLA ROSA,¶ SEBASTIÁN DUCHÊNE,\*\*  
JOHN W. DURBAN,\*† GRAEME M. ELLIS,†† STEVEN H. FERGUSON,‡‡ JOHN K. FORD,††  
MICHAEL J. FORD,§§ CRISTINA GARILAO,¶¶ M. THOMAS P. GILBERT,‡\*\*\* KRISTIN  
KASCHNER,††† CRAIG O. MATKIN,‡‡‡ STEPHEN D. PETERSEN,§§§ KELLY M. ROBERTSON,\*  
INGRID N. VISSER,¶¶¶ PAUL R. WADE,† SIMON Y. W. HO\*\* and ANDREW D. FOOTE‡\*\*\*\*

## Geographic and temporal dynamics of a global radiation and diversification in the killer whale

PHILLIP A. MORIN,\* KIM M. PARSONS,† FREDERICK I. ARCHER,\* MARÍA C. ÁVILA-ARCOS,‡ LANCE G. BARRETT-LENNARD,§ LUCIANO DALLA ROSA,¶ SEBASTIÁN DUCHÊNE,\*\* JOHN W. DURBAN,\*† GRAEME M. ELLIS,†† STEVEN H. FERGUSON,‡‡ JOHN K. FORD,†† MICHAEL J. FORD,§§ CRISTINA GARILAO,¶¶ M. THOMAS P. GILBERT,‡\*\*\* KRISTIN KASCHNER,††† CRAIG O. MATKIN,‡‡‡ STEPHEN D. PETERSEN,§§§ KELLY M. ROBERTSON,\* INGRID N. VISSER,¶¶¶ PAUL R. WADE,† SIMON Y. W. HO\*\* and ANDREW D. FOOTE‡\*\*\*\*

3972 P. A. MORIN ET AL.

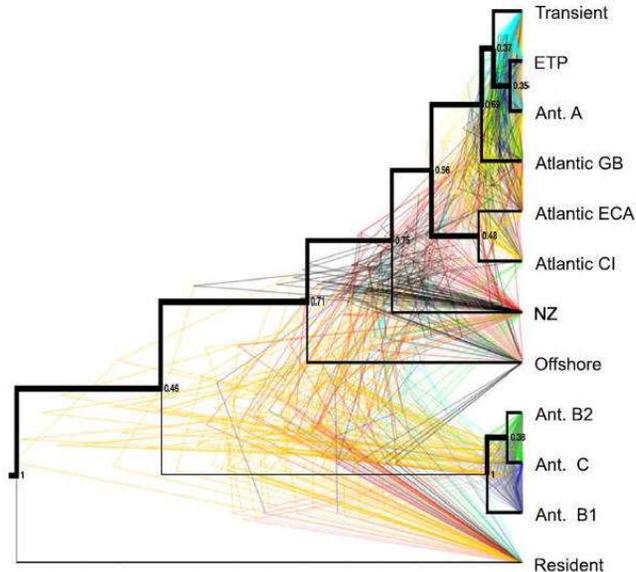


Fig. 4 Nuclear SNP phylogeny based on 42 SNPs. Maximum-clade-credibility tree shown in the black right-angled tree with posterior probabilities at nodes and branch width proportional to theta. Tree cloud of last 50 trees (representing samples taken every 1000 MCMC steps from 50 000 steps) from SNAPP analysis shows the diversity of trees coloured by clade in DENSITREE to make it easier to see the range of topologies. Atlantic populations are as follows: Great Britain (GB), Eastern Canadian Arctic (ECA) and Canary Islands (CI).

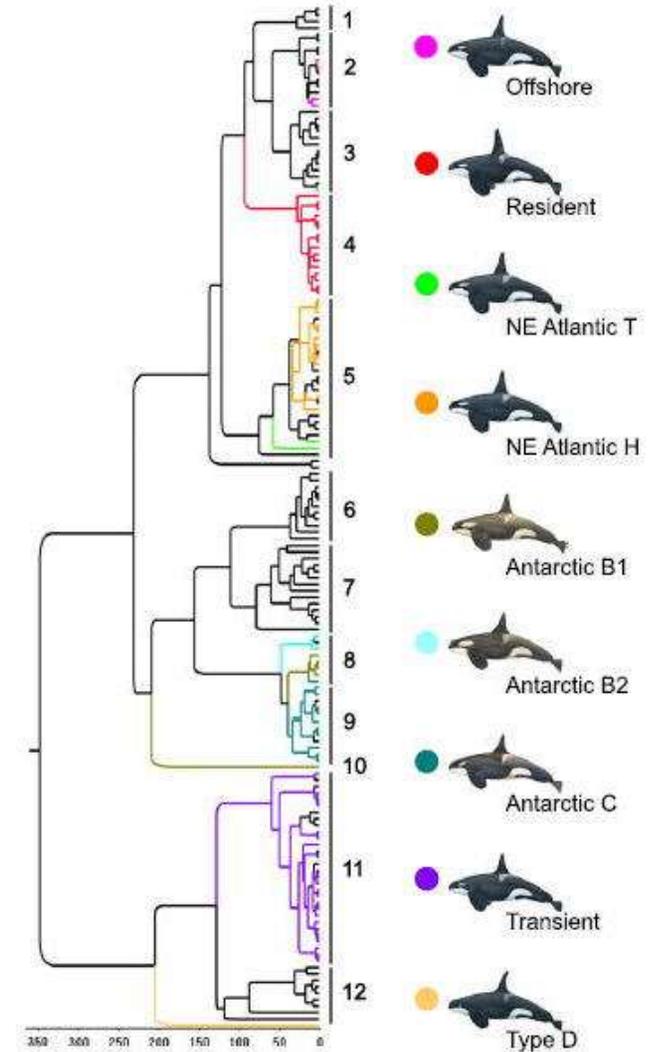


Fig. 2 Bayesian phylogenetic tree of 158 unique mitogenome sequences. Coloured branches identify haplotypes found in individuals identified ecologically or morphologically based on well-characterized types or populations. 'NE Atlantic T' and 'NE Atlantic H' represent the herring- and tuna-eating populations, respectively. Solid lines to the right indicate numbered clades referred to in the text. Sample information for haplotypes is provided in Fig. S2 and Table S1 (Supporting information).

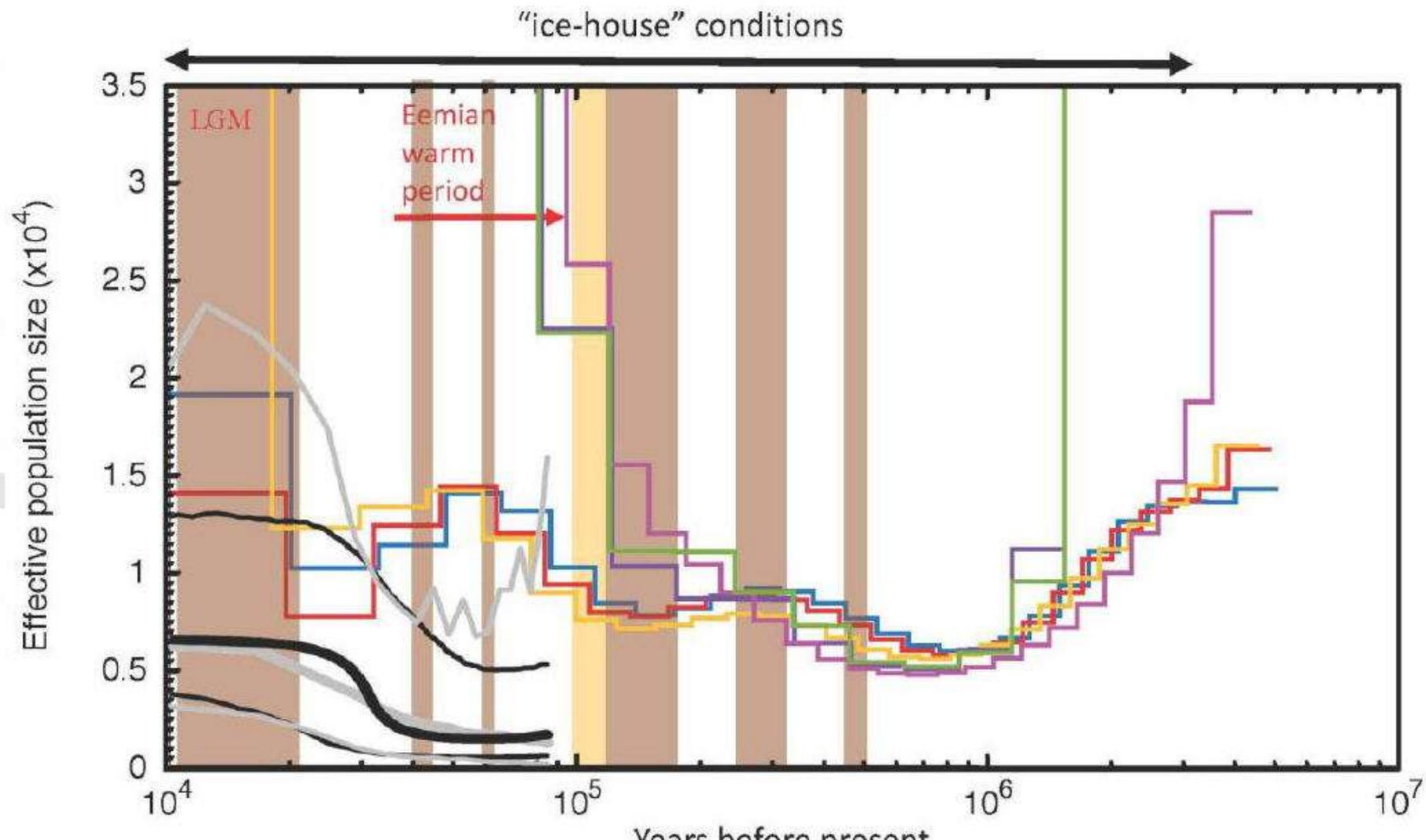
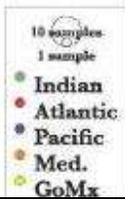
ORIGINAL ARTICLE

## Demography or selection on linked cultural traits or genes? Investigating the driver of low mtDNA diversity in the sperm whale using complementary mitochondrial and nuclear genome analyses

Phillip A. Morin , Andrew D. Foote, Charles Scott Baker, Brittany L. Hancock-Hanser, Kristin Kaschner, Bruce R. Mate, Sarah L. Mesnick, Victoria L. Pease ... [See all authors](#) 

First published: 19 April 2018 | <https://doi.org/10.1111/mec.14698> | Citations: 8

## Demography or selection on linked cultural genes? Investigating the driver of low mtDNA diversity



# MOLECULAR ECOLOGY

ORIGINAL ARTICLE

Demography or selection on linked cultural genes? Investigating the driver of low mtDNA diversity in the sperm whale using complementary nuclear genome analyses

