

УДК 597.08

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ ПОПУЛЯЦИЙ КРУГЛОЙ САРДИНЕЛЛЫ *SARDINELLA AURITA* (CLUPEIDAE) В СЕВЕРО-ВОСТОЧНОЙ ЧАСТИ СРЕДИЗЕМНОГО МОРЯ[#]

© 2023 г. К. Туран¹, А. Уян¹*, М. А. Аталай², С. А. Догду³,
Д. Аяс⁴, Д. Эргуден¹, Ф. Туран¹, М. Гокюгу⁵, М. Гурлек¹

¹Технический университет Искендеруна, Искендерун, Турция

²Главное управление аквакультуры и рыболовства Министерства сельского и лесного хозяйства, Анкара, Турция

³Высшее морское профессиональное училище Технического университета Искендеруна, Искендерун, Турция

⁴Университет Мерсина, Мерсин, Турция

⁵Университет Акдениз, Анталия, Турция

*E-mail: ali.uyan@yahoo.com

Поступила в редакцию 05.12.2022 г.

После доработки 26.02.2023 г.

Принята к публикации 28.03.2023 г.

Генетическая структура популяций круглой сардинеллы *Sardinella aurita* была изучена с помощью секвенирования субъединицы I цитохромоксидазы митохондриальной ДНК (*COI*) образцов из вод восточной части Средиземного моря, заливы Искендерун, Мерсин и Анталия. На основании анализа последовательностей *COI* было выявлено в общей сложности 32 гаплотипа при среднем гаплотипическом разнообразии 0.7917. Самое высокое нуклеотидное разнообразие наблюдалось в популяции зал. Анталия (0.0187), в то время как самое низкое — в популяции зал. Мерсин (0.0093). Самая высокая генетическая дифференциация была обнаружена между популяциями зал. Искендерун и зал. Анталия (0.0168), а самая низкая между популяциями зал. Искендерун и Мерсин (0.0119). Парные сравнения генетических дистанций показали, что популяция зал. Искендерун статистически отличалась от других популяций ($p < 0.05$). Генетическое дерево, построенное с помощью метода присоединения “соседей”, показало, что популяции зал. Мерсин и Анталия формировали общий кластер, а популяция зал. Искендерун сильно отличалась от них. Настоящее исследование позволило получить первую информацию о генетической структуре *S. aurita*, которая может быть полезна с точки зрения управления рыболовством.

Ключевые слова: круглая сардинелла, *Sardinella aurita*, популяционная генетика, мтДНК, секвенирование.

DOI: 10.31857/S0042875223050132, **EDN:** ZGZTCC

[#] Полностью статья опубликована в английской версии журнала.