

УДК 575.174:595.384.2

КАМЧАТСКИЙ КРАБ (*Paralithodes camtschaticus*) В БАРЕНЦЕВОМ МОРЕ: СРАВНИТЕЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ ИНТРОДУЦИРОВАННЫХ И НАТИВНЫХ ПОПУЛЯЦИЙ

© 2008 г. Д. А. Зеленина, Н. С. Мюге, А. А. Волков, В. И. Соколов

Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства и океанографии, Москва 107140;
e-mail: dzel67@mail.ru

Поступила в редакцию 16.02.2008 г.

Камчатский краб (*Paralithodes camtschaticus*) был интродуцирован в Баренцево море в 60–70-х годах прошлого века. В настоящее время ареал его обитания простирается в прибрежной зоне от Хаммерфеста (Северная Норвегия) до Воронки Баренцева моря на северо-востоке Кольского полуострова. Нами исследован полиморфизм субъединицы митохондриального гена цитохромоксидазы (*COI*) и пяти ядерных микросателлитных локусов в четырех выборках из Баренцева моря и двух донорских популяциях – с Западной Камчатки и Приморья. Снижения генетического разнообразия в интродуцированных популяциях не обнаружено, однако результаты теста на дифференциацию популяций указывают на то, что некоторые из них достоверно отличаются от донорских. Показано, что по результатам анализа локуса *Pcal03* выборка из Варрангерфьорда достоверно отличается от пяти других. В то же время достоверных различий между остальными выборками по этому локусу не выявлено, что позволяет рассматривать его как генетический маркер, дифференцирующий популяцию Варрангерфьорда. Обсуждаются возможные причины данного явления.

Фауна десятиногих ракообразных Баренцева моря значительно уступает по своему разнообразию дальневосточным морям, в том числе это касается и такого семейства, как Lithodidae Samouelle, 1819, или так называемых крабоидов. До недавнего времени в Северо-Восточной Атлантике и прилегающих частях Арктики встречался только один вид указанного семейства – полярный краб, *Lithodes maja* (Linnaeus, 1758). Идея об увеличении разнообразия промысловых ракообразных в Баренцевом море, в первую очередь за счет крабоидов, возникла еще в 1920-х гг. прошлого века.

Начиная с 1930-х гг. неоднократно проводились попытки по искусственному вселению видов этого семейства из морей Дальнего Востока. Объектом экспериментов был выбран камчатский краб, *Paralithodes camtschaticus* (Tilesius, 1815) – основной промысловый вид на Дальнем Востоке. Однако эти опыты не были успешными до тех пор, пока в 1961–1969 гг. не были проведены планомерные работы по акклиматизации камчатского краба [1–3].

В процессе этих работ в Баренцево море к концу 1960-х гг. было выпущено около 3.8 тыс. взрослых крабов, 10.7 тыс. экз. молоди и около 1.5 млн. экз. личинок [4]. После первых находок взрослых особей в 1974 г. [5] этот вид стал регулярно встречаться у мурманского побережья Баренцева моря. В 1977 г. камчатский краб был впервые обнаружен в норвежских водах [6]. Несмотря на то, что к это-

му времени можно было говорить о наличии самовоспроизводящейся популяции, в 1977–1978 гг. были выполнены дополнительные мероприятия по интродукции половозрелых особей и молоди из естественного ареала.

В подавляющем большинстве случаев отлов крабов для интродукции проводили в заливе Петра Великого в Японском море, и лишь одна партия была завезена из Охотского моря из района Западной Камчатки. Привезенные с Дальнего Востока крабы были выпущены в Кольском и Мотовском заливах и прилегающих районах российской части Баренцева моря. В настоящее время ареал камчатского краба простирается от Хаммерфеста на западе до о-ва Колгуев на востоке и от северной части Воронки Белого моря (66° 18' с. ш.) на юге [7] до примерно 72° с. ш. на севере [4]. Численность баренцевоморской популяции только в российских водах в 2003–2005 гг. оценивалась на уровне не менее 100 млн. экз., из которых на долю половозрелых особей приходилось около 40–50 млн. экз. [8].

Точные сведения, касающиеся сроков возникновения популяции и числа интродуцированных особей, а также достоверные данные о популяциях-донорах дают уникальную возможность для изучения процессов формирования популяционной структуры долгоживущего представителя десятиногих ракообразных в новых условиях среды и сравнения ее с родительскими популяциями.

Таблица 1. Характеристика исследованного материала

Место сбора проб	Дата сбора	Объем выборки	Обозначение
Баренцево море – Варрангерфьорд	Июнь 2003	53	V
Баренцево море – губа Долгая	Июль 2003	42	D1
Баренцево море – губа Териберка	Июнь 2003	73	T
Баренцево море – губа Дроздовка	Май 2005	38	D
Западная Камчатка	Ноябрь 2005	49	K
Залив Петра Великого	Июнь 2006	60	Pr

Генетические исследования камчатского краба из природных популяций Южного Приморья [9], побережья Аляски [10] и Западной Камчатки [11] выявили низкий уровень внутривидовой изменчивости, что говорит о непригодности данного типа маркеров для изучения популяционной структуры. Из применимых в популяционной генетике маркеров для этой цели больше подходят микросателлиты, представляющие собой нейтральные и, как правило, высокополиморфные маркеры с высокой частотой мутаций и являющиеся оптимальными для изучения эволюционных процессов в родственных популяциях. Недавно были опубликованы результаты сравнительного исследования микросателлитного полиморфизма двух тихоокеанских популяций камчатского краба и одной баренцевоморской [12].

Представленная работа посвящена изучению популяционной структуры камчатского краба, интродуцированного в Баренцево море, в сравнении с донорскими популяциями из естественного ареала обитания. Выборки из четырех локальностей Баренцева моря, с Западной Камчатки и из залива Петра Великого исследованы с помощью анализа полиморфизма субъединицы I митохондриального гена цитохромоксидазы (*COI*) и пяти ядерных микросателлитных локусов.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Пробы мышечной ткани камчатского краба собирали в 2003–2006 гг. Сбор образцов в Баренцевом море проводили в процессе комплексных водолазных съемок в прибрежной зоне Кольского полуострова, в Японском и Охотском морях отбор проб осуществляли с помощью промысловых краболовных ловушек.

При проведении водолазных работ выбирали полигоны с разнообразными условиями: губы, заливы, участки открытого побережья. На выбран-

ных полигонах перпендикулярно к береговой черте от уреза воды до глубин 30–45 м закладывали трансекты, на которых осуществляли сбор разновозрастных особей камчатского краба. У отловленных особей выполняли промер максимальной ширины карапакса и определение пола. Скальпелем и пинцетом вырезали кусок мышечной ткани из меруса правой ходильной конечности четвертой пары весом 2–5 г. Взятую пробу фиксировали в 96%-ном этаноле. В губе Дроздовка наряду с описанной выше методикой были также отобраны мальки крабов размером от 5 до 25 мм (вес 1–7 г), которых фиксировали целиком.

Характеристика и объем исследованных выборок представлены в табл. 1.

На рис. 1 показаны места сбора образцов в Баренцевом море, а также район выпуска камчатского краба при осуществлении интродукции.

Тотальную ДНК выделяли методом солевой экстракции [13] из мышечной ткани, фиксированной в 96%-ном этаноле. Концентрацию и степень очистки выделенной ДНК определяли на планшетном спектрофотометре SPECTRAMax PLUS³⁸⁴ (Molecular Devices), результаты измерений вычисляли с помощью программы SOFTmax PRO (Molecular Devices). Для проведения микросателлитного анализа концентрация ДНК выравнивалась до 50 нг/мкл с целью избежать перегруза по матрице.

Аmplификацию микросателлитных локусов проводили с использованием видоспецифических праймеров на амплификаторе MJ research PTC-225 Thermocycler. Характеристики используемых праймеров представлены в табл. 2. 5'-концы праймеров были модифицированы флуоресцентным красителем.

ПЦР-реакции содержали около 100 нг ДНК и проводились в объеме 15 мкл (70 мМ трис-НСl, рН 8.3, 16.6 мМ (NH₄)₂SO₄, 2 или 3 мМ MgCl₂ (см. табл. 2), по 100 мкМ каждого дезоксирибонуклеозидтрифосфата, по 1.5 пМ каждого из меченых праймеров и по 3 пМ – каждого из немеченых, 1 ед. HotTaq-полимеразы). Локус *Pcal04* амплифицировали в одной реакции с *Pcal07* (ПЦР-1) по следующей схеме: предварительная денатурация ДНК: 95°C, 10 мин, синтез ПЦР-продуктов (30 циклов): плавление – 94°C, 30 с, отжиг праймеров – 56°C, 15 с, синтез ДНК – 72°C, 15 с, окончательная достройка цепей: 72°C, 10 мин. ПЦР-2 (локусы *Pcal00* и *Pcal01*) и ПЦР-3 (локус *Pcal03*) осуществляли по схеме “TouchDown”: денатурация матрицы: 95°C, 15 мин; 13 циклов: плавление – 94°C, 5 с, отжиг праймеров – начальная температура – 64°C с понижением на 0.5°C в каждом последующем цикле – 15 с, синтез ДНК – 70°C, 20 с; 26 циклов: 90°C – 5 с, 58°C – 15 с, 70°C – 20 с; достройка цепей: 72°C – 5 мин.

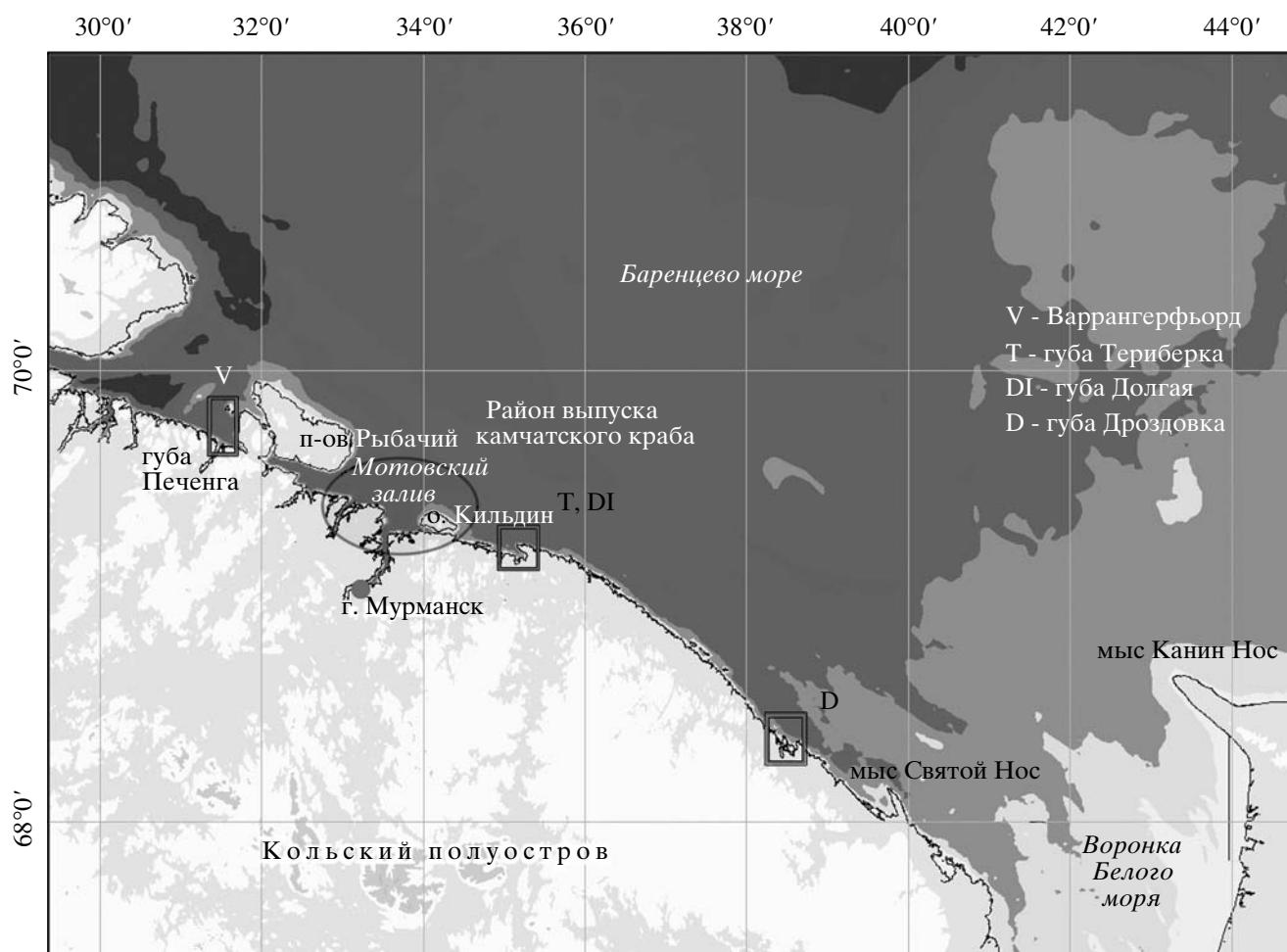


Рис. 1. Локализация мест сбора образцов (показаны прямоугольниками) в Баренцевом море и области интродукции (показана овалом).

Анализ продуктов амплификации микросателлитных локусов с использованием капиллярного электрофореза. Разделение ПЦР-продуктов осуществляли с помощью системы для капиллярного электрофореза “SpectruMedix SCE 9610 Genetic Analysis System” в течение 1 ч при стабилизации по току 2.3 мкА на капилляр. Перед электрокинетической инъекцией анализируемой ДНК к каждому образцу ДНК добавляли NiDi формамид из расчета 10 мкл на 3 мкл ПЦР-продукта и денатурировали при 96°C в течение 2 мин. В качестве внутреннего стандарта длин фрагментов ДНК использовали маркер, модифицированный флуоресцентным красителем ROX. Определение длин аллелей проводили с применением программного обеспечения Genospectrum Software (SpectruMedix LLC). Хроматограмма анализа одного из образцов приведена на рис. 2.

Секвенирование фрагмента COI мтДНК. Для случайной выборки из 40 особей, включающей в себя представителей четырех популяций, была определена нуклеотидная последовательность

фрагмента COI (664 нуклеотида) и исследован ее полиморфизм. Амплификацию проводили с универсальных праймеров LCO1490 (GGTCAA-CAAATCATAAAGATATTGG) и HCO2198

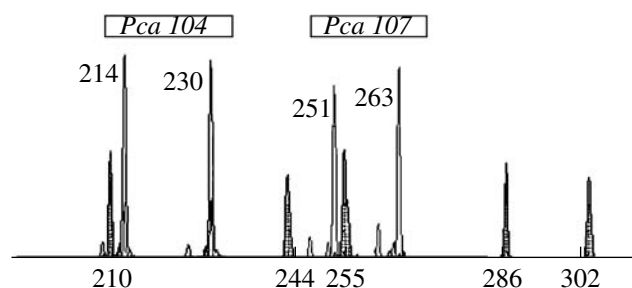


Рис. 2. Пример хроматограммы продуктов дуплексной ПЦР одной особи краба, полученной на 96-капиллярной системе для электрофореза “SpectruMedix SCE 9610 Genetic Analysis System”. Данный индивид гетерозиготен по локусам *Pca104* (длина аллелей 214 и 230 нк) и *Pca107* (длина аллелей 251 и 263 нк).

Таблица 2. Праймеры, использованные для проведения микросателлитного анализа (нуклеотидные последовательности и повторяющийся мотив микросателлитного локуса приведены согласно [14])

Локус	Последовательности праймеров	Повторяющийся мотив	Концентрация ионов Mg ²⁺ , mM	№ ПЦР-реакции
<i>Pca100</i>	Прямой: 5'-FAM- GGTGCTCATCATTACTCAGG-3' Обратный: 5'-ACAGAGAAACGGATGAAGG-3'	(TAA) ₁₁	3.0	ПЦР-2
<i>Pca101</i>	Прямой: 5'-R6G- TTTCGGTACTCGATATAATGC-3' Обратный: 5'-TTTTTCTCTGCTTACGAAGG-3'	(TATC) ₁₈ AA (TCAA) ₄	3.0	ПЦР-2
<i>Pca103</i>	Прямой: 5'-TAMRA- AGAAAGGTCAAGTGTATTAGCC-3' Обратный: 5'-CAACTCCGAGTAAGTTCTTTAGTGC-3'	(ATT) ₁₅ (AGT) ₄	3.0	ПЦР-3
<i>Pca104</i>	Прямой: 5'-R6G- ACAGACACACATACACTTTCTCC-3' Обратный: 5'-GTGGGATAACCATGCACCC-3'	(TATC) ₂ N ₆ (TATC) ₁₀	2.0	ПЦР-1
<i>Pca107</i>	Прямой: 5'-TAMRA- ACCTCTCGTTGTAAGTGTGC-3' Обратный: 5'-TACACCTTGCTGTTCACTCC-3'	(STAT) ₁₁ TT (STAT) ₆ N ₇ (STAT) ₄ N ₁₄ (STAT) ₁₂ AT (STAT) ₃	2.0	ПЦР-1

(TAAACTTCAGGGTGACSSAAAAAATCA) [15] по следующей схеме: предварительное плавление ДНК: 94°C, 15 мин; синтез ПЦР-продуктов (37 циклов): плавление – 94°C, 30 с; отжиг праймеров – 48°C, 1 мин 30 с; синтез ДНК – 72°C, 1 мин; окончательная достройка цепей – 10 мин при 72°C.

Секвенирование проводили с тех же праймеров в обоих направлениях на ABI PRIZM 3100 с набором BigDye v1.1 с последующим анализом и выравниванием последовательностей с помощью биоинформационного пакета программ LaserGene 6.0.

Для статистических расчетов данных микросателлитного анализа использовали пакет программ GENEPOP 3.4 [16]. Анализ сходства митохондриальных гаплотипов проводили с помощью метода максимальной экономии (MP), построение дерева минимальных расстояний выполняли в программе TCS [17].

РЕЗУЛЬТАТЫ

Анализ полиморфизма митохондриальной ДНК

На рис. 3 представлены результаты анализа полиморфизма фрагмента митохондриального

гена *COI*. Следует отметить присутствие большого числа идентичных гаплотипов, которые несут особи, принадлежащие к различным популяциям. Подобная картина, наряду с отсутствием деления на кластеры в соответствии с популяционной принадлежностью, свидетельствует об отсутствии дифференциации по митохондриальной ДНК не только между выборками в Баренцевом море, но и между нативными популяциями.

Микросателлитный анализ

Для большинства проанализированных выборок по каждому из локусов соблюдалось равновесие Харди–Вайнберга, сцепления между локусами выявлено не было. Количество аллелей, обнаруженных в каждом из локусов, представлено в табл. 3.

Изменения уровня генетического полиморфизма в интродуцированных популяциях по сравнению с донорскими из естественного ареала обитания обнаружено не было (табл. 3).

Распределение частот аллелей по каждому из пяти локусов представлено на рис. 4.

Вычисление парных межвыборочных индексов F_{st} не выявило существенных генетических

различий как между выборками из разных локальностей Баренцева моря, так и между донорскими популяциями. Однако результаты теста на дифференциацию между парами популяций (Fisher's exact test) по результатам анализа всех пяти локусов в совокупности указывают на существование достоверных различий между некоторыми из выборок (табл. 4А). Наиболее значительные различия были обнаружены для локуса *Pca103*: тест на межпопуляционную дифференциацию выявил, что выборка камчатского краба из Варрангерфьорда достоверно отличается как от выборок из других участков Баренцева моря, так и от дальневосточных популяций (табл. 4Б). В то же время по этому локусу для остальных пяти выборок существенных различий не выявлено, что дает основания рассматривать микросателлитный локус *Pca103* как генетический маркер, позволяющий дифференцировать популяцию Варрангерфьорда от остальных.

ОБСУЖДЕНИЕ

В представленной работе исследован полиморфизм митохондриального гена *COI* и ядерных микросателлитных локусов камчатского краба из четырех интродуцированных баренцевоморских и двух донорских тихоокеанских популяций. До недавнего времени изучению популяционной структуры этого вида не уделялось пристального внимания. Существует ряд публикаций, посвященных исследованию аллозимной изменчивости камчатского краба из прибрежных вод Аляски [10], из Приморья (зал. Петра Великого) [9], а также с шельфа Западной Камчатки [11]. Во всех работах авторы отмечают низкую аллозимную изменчивость большинства полиморфных локусов, наименьшая средняя гетерозиготность (0.008) характерна для крабов Западной Камчат-

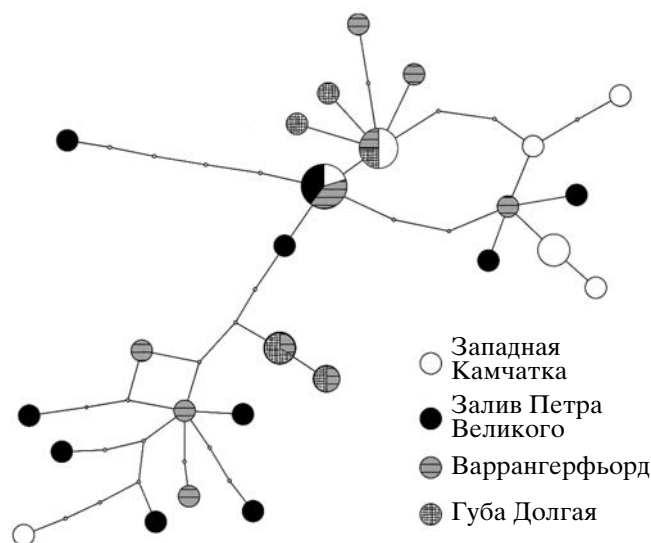


Рис. 3. Дерево минимальных расстояний (minimum spanning tree) митохондриальных гаплотипов, построенное по участку гена *COI*.

ки. Сходный уровень изменчивости по аллозимным маркерам свойствен и другим видам дальневосточных крабов [11].

Очевидно, что дальнейшие популяционные исследования имело смысл проводить с помощью ДНК-маркеров. С этой целью в 2002 г. были разработаны видоспецифические праймеры для амплификации микросателлитных локусов [14], благодаря чему был исследован микросателлитный полиморфизм трех популяций камчатского краба – с побережья Аляски, с Западной Камчатки и из Варрангерфьорда в Баренцевом море [12]. Особый интерес в данном случае заключался не только в межпопуляционных сравнениях, но и в

Таблица 3. Характеристика аллельного разнообразия выборок

Выборки	Число аллелей на локус					среднее
	<i>Pca100</i>	<i>Pca101</i>	<i>Pca103</i>	<i>Pca104</i>	<i>Pca107</i>	
Баренцево море – Варрангерфьорд	6	12	9	12	16	11
Баренцево море – губа Долгая	6	14	10	13	12	11
Баренцево море – губа Териберка	6	15	12	13	16	12.4
Баренцево море – губа Дроздовка	6	12	8	10	14	10
<i>Западная Камчатка</i>	6	15	9	11	15	11.2
<i>Залив Петра Великого</i>	7	12	9	14	20	12.4
Все образцы	8	16	13	16	22	15

Примечание. Донорские популяции выделены курсивом.

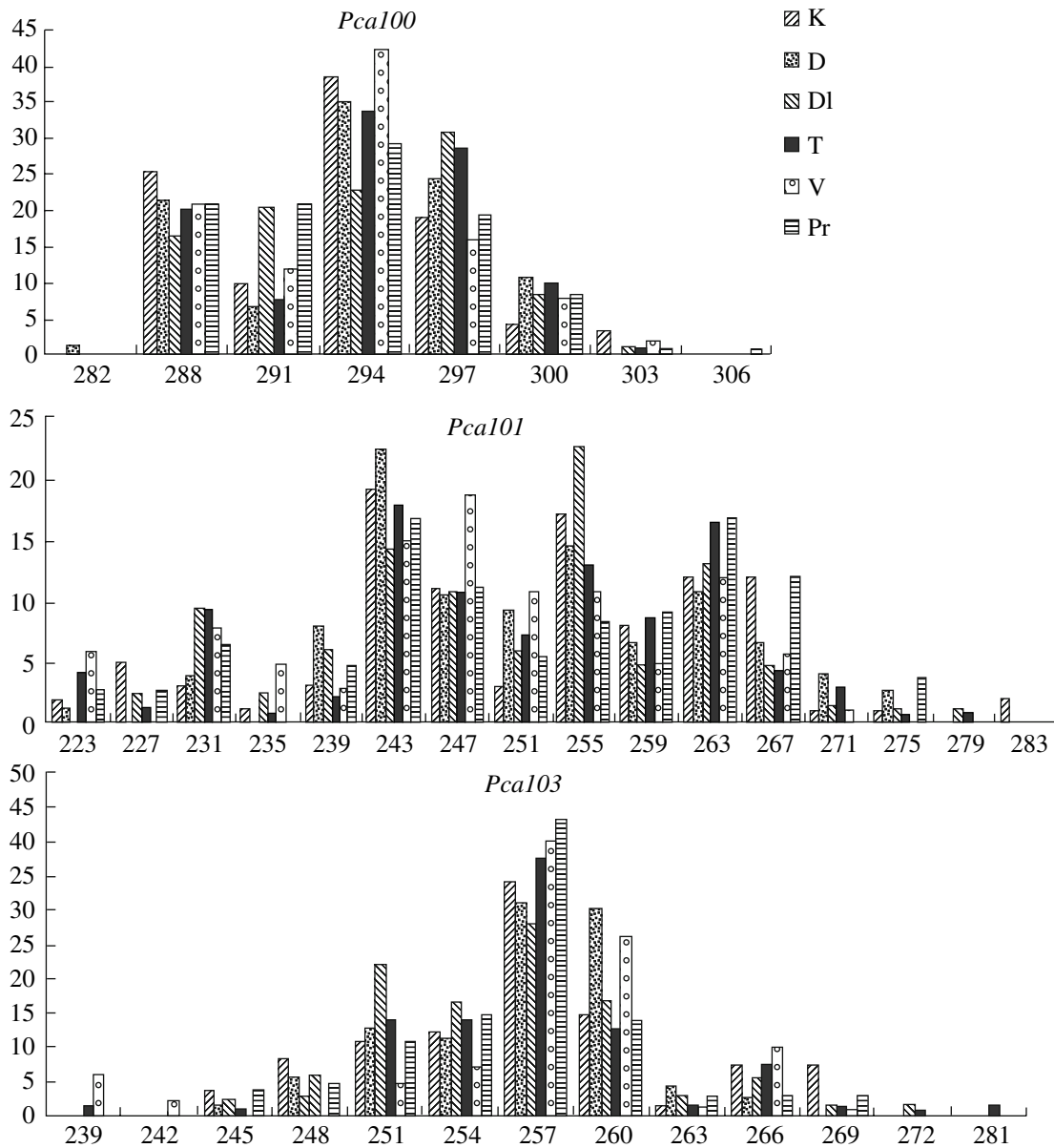


Рис. 4. Распределение частот аллелей по каждому из проанализированных локусов в баренцевоморских (V – Варрангерфьорд, DI – губа Долгая, T – губа Териберка, D – губа Дроздовка) и дальневосточных (K – Западная Камчатка, Pr – залив Петра Великого) выборках. По оси абсцисс указаны длины аллелей, нк; по оси ординат – их частоты, %.

том, что наряду с нативными популяциями был проанализирован генетический полиморфизм “переселенцев”.

В последние годы интерес к теме успешной интродукции камчатского краба в Баренцево море существенно возрос, в связи с чем генетические исследования в этой области приобретают все большую актуальность. Хотелось бы отметить, что генетические процессы в инвазивных популяциях изучены недостаточно, и каждый случай интродукции какого-либо вида в новую для него среду обитания уникален по своей сути. Суще-

ствует два варианта развития событий в инвазивных популяциях: снижение уровня генетического полиморфизма за счет эффекта “бутылочного горлышка” и, напротив, увеличение вариативности (admixture effect) в том случае, когда в роли основателей выступают особи из разных популяций в пределах естественного ареала обитания [18]. Тем не менее в исследованиях подобного рода принято ожидать проявления эффекта основателя и, как следствие, снижения генетического разнообразия. В нашем случае аллельный полиморфизм в интродуцированных популяциях со-

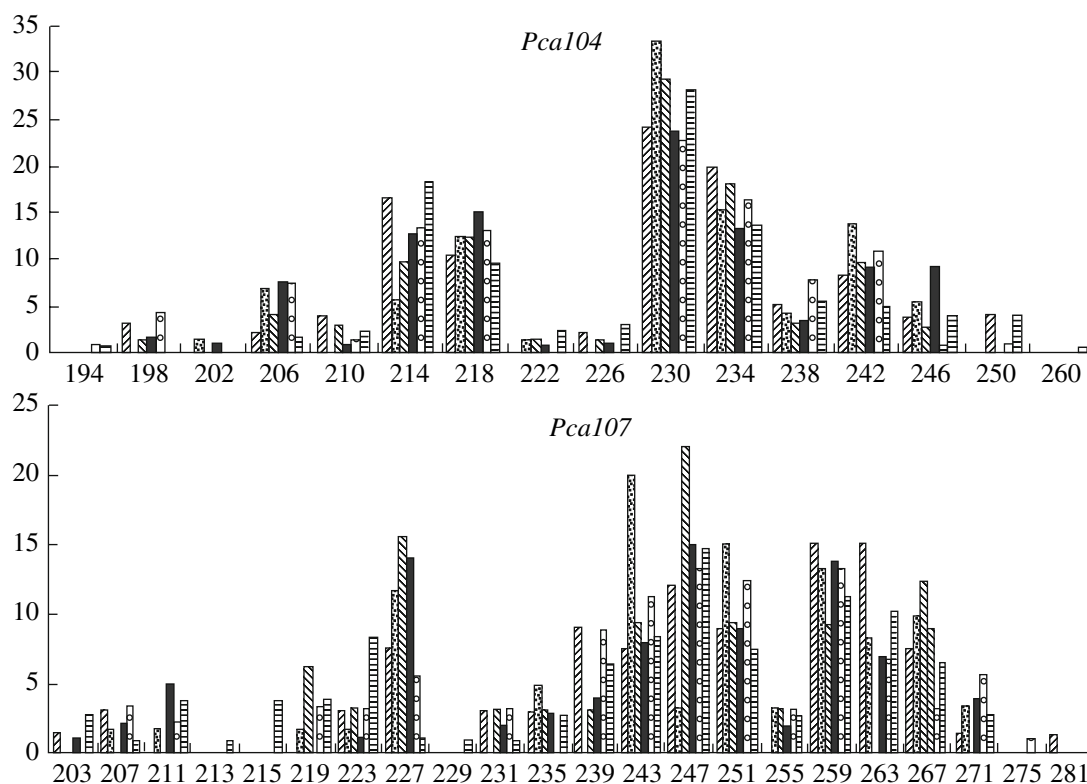


Рис. 4. Продолжение.

хранялся на прежнем уровне по сравнению с донорскими, и это не удивительно, учитывая, что интродукция камчатского краба из естественного ареала осуществлялась многократно в течение ряда лет (в 1961–1969 и в 1977–1978 гг.), и генетическое разнообразие переселенных особей было весьма значительно. При проведении акклиматизационных работ в качестве донорских использовали две удаленные друг от друга популяции, и, таким образом, вопреки общепризнанному мнению, мы могли ожидать повышения уровня генетического полиморфизма в интродуцированных популяциях по сравнению с донорскими. Однако данный эффект можно наблюдать только при условии существования между последними генетических различий, которых в случае популяций Западной Камчатки и Приморья выявлено не было.

Камчатский краб относится к видам с длительным временем генерации, половой зрелости особи краба достигают в возрасте 10–12 лет. Таким образом, согласно гипотезе эффекта времени генерации, скорость молекулярной эволюции у данного вида должна быть ниже, чем у видов с коротким временем генерации [19]. Данная гипотеза может в какой-то степени объяснить полученные нами результаты, касающиеся сравнительного анализа полиморфизма двух природных дальневосточных популяций: несмотря на то, что эти популяции значительно удалены друг от друга гео-

графически, достоверных генетических различий ни по *COI*, ни по пяти высокополиморфным микросателлитным локусам между ними не выявлено. Однако, учитывая тот факт, что, согласно исследованиям популяционной структуры [20] и поведению личинок [21], поток генов между

Таблица 4. Результаты вероятного теста на дифференцированность между парами популяций

А. По совокупности пяти микросателлитных локусов

	V	DI	T	D	K
DI	0.00164**				
T	0.02647*	0.44584			
D	0.01070*	0.21498	0.60006		
K	0.00389**	0.09379	0.30630	0.02753*	
Pr	0.00017***	0.25327	0.00316**	0.00146**	0.38541

Б. По локусу *Pca103*

	V	DI	T	D	K
DI	0.00135**				
T	0.00711**	0.67511			
D	0.01562*	0.42286	0.19610		
K	0.00073***	0.25197	0.55376	0.09417	
Pr	0.00050***	0.33149	0.54951	0.24586	0.61656

* $P < 0.05$; ** $P < 0.01$; *** $P < 0.001$.

Примечание. Обозначения выборок представлены в табл. 1.

популяциями камчатского краба ограничен, для объяснения этого явления требуются дальнейшие исследования.

Выявленные достоверные различия между некоторыми интродуцированными популяциями по сравнению с нативными свидетельствуют в пользу того, что, несмотря на сохранение аллельного разнообразия у “вселенцев”, в ряде популяций наблюдается дрейф генов. Наиболее выраженные отличия показаны для выборки Варрангерфьорда, которая отличается от всех остальных с высокой степенью достоверности. Поскольку Варрангерфьорд представляет собой достаточно гидрологически изолированный залив, можно предположить возникновение в нем генетически изолированной группировки, что позволяет наблюдать в ней дрейф генов и своеобразный “эффект основателей”, не сопровождающийся общим снижением генетического полиморфизма.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (проект № 05-04-48978).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Орлов Ю.И. О проблеме акклиматизации промысловых крабов в Баренцевом море // Тр. Всесоюз. гидробиологического о-ва. 1962. Т. XII. С. 400–409.
2. Орлов Ю.И. Акклиматизация промысловых крабов в Северо-Восточной Атлантике: обоснование и первые результаты // Рыбное хоз-во. Обзорная информация. Серия: Аквакультура. 1994. Вып. 1. С. 1–55.
3. Орлов Ю.И. Трансокеаническое переселение промысловых крабов // Рыбное хоз-во. Информационный пакет. Серия: Аквакультура. 1998. Вып. 3. С. 24–33.
4. Беренбойм Б.И. Краткая характеристика работ по вселению камчатского краба в Баренцево море // Камчатский краб в Баренцевом море. Мурманск: Изд-во ПИНРО, 2003. С. 6–10.
5. Сенников А.М. Предварительные сведения об итогах акклиматизации камчатского краба *Paralithodes camtschatica* в Баренцевом море // Всесоюз. научн. конф. по использованию промысловых беспозвоночных на пищевые, кормовые и технические цели: Тез. докл. Одесса. М.: ЦНИИТЭИРХ, 1977. С. 85–86.
6. Мортенсен А., Дамсгард Б. Королевский краб – кандидат для аквакультуры в Норвегии // Рыбное хоз-во. Информационный пакет. Серия: Аквакультура. 1996. Вып. 6. С. 21–22.
7. Sokolov V.I., Milutin D.M. Distribution and stock assessment of the *Paralithodes camtschaticus* in the upper sublittoral of the Barents Sea // Six Internat. Crustacean Congress. Glasgow, Scotland, UK. 18–22 July 2005. Symposium 7. Invasive Crustacea. Glasgow, 2005. P. 199.
8. Соколов В.И., Милютин Д.М. Современное состояние популяции камчатского краба *Paralithodes camtschaticus* (Decapoda: Lithodidae) в Баренцевом море // Зоол. журн. 2008. Т. 87(2). С. 141–155.
9. Балакирев Е.С., Федосеев В.Я. Оценка генетической изменчивости камчатского краба *Paralithodes camtschaticus* (Tilesius) с использованием аллозимных маркеров // Генетика. 2000. Т. 36. № 8. С. 1041–1048. (Balakirev E.S., Fedoseev V.Y. Estimating allozyme genetic variability in red king crab *Paralithodes camtschaticus* Tilesius // Rus. J. Genetics. 2003. V. 36 № 8. P. 860–866.)
10. Seeb J.E., Kruse G.H., Seeb L.W., Weck R.G. Genetic structure of Red king crab population in Alaska facilitates enforcement of fishing regulations // Proc. Internat. Symp. on King & Tanner crabs, Nov. 1989. Anchorage, Alaska. P. 491–502.
11. Долганов С.М., Брыков В.А. Исследования аллозимной изменчивости в популяциях промысловых видов крабов шельфа Камчатки // Популяцион. биология, генетика и систематика гидробионтов: Сб. научн. тр. КамчатНИРО. Петропавловск-Камчатский: КамчатНИРО, 2005. Т. 1. С. 80–90.
12. Jorstad K.E., Smith C., Grauvogel Z., Seeb L. The genetic variability of red king crab, *Paralithodes camtschaticus* (Tilesius, 1815) (Anomura, Lithodidae) introduced into the Barents Sea compared with samples from the Bering Sea and Kamchatka region using eleven microsatellite loci // Hydrobiologia 2007. V. 590. P. 115–121.
13. Aljanabi S.M., Martinez I. Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques // Nucl. Acids Res. 1997. V. 25. № 20. P. 4692–4693.
14. Seeb L.W., Kretschmer E.J., Olsen J.B. et al Development of microsatellite loci in red king crab (*Paralithodes camtschaticus*) // Mol. Ecol. Notes. 2002. V. 2. P. 137–138.
15. Folmer O., Black M., Hoeh W. et al. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome C oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates // Mol. Marine Biol. and Biotechnol. 1994. V. 3. P. 294–299.
16. Raymond M., Rousset F. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism // J. Heredity. 1995. V. 86. P. 248–249.
17. Clement M., Posada D., Crandall K. TCS: a computer program to estimate gene genealogies // Mol. Ecol. 2000. V. 9 (10). P. 1657–1660.
18. Allendorf F.W., Luikart G. Conservation and the Genetics of Population. N.Y.; L.: Blackwell Publ., 1997. P. 487–490.
19. Laird C.D., McConaughy B.L., McCarthy B.J. Rate of fixation of nucleotide substitutions in evolution // Nature. 1969. V. 224. P. 149–154.
20. Родин В.Е. Пространственная и функциональная структура популяций камчатского краба // Изв. ТИНРО. 1985. Т. 110. С. 86–97.
21. Shirley S.M., Shirley T.C. Behavior of red king crab larvae: phototaxis, geotaxis and rheotaxis // Mar. Behav. Physiol. 1988. V. 13. P. 369–388.

**Red King Crab (*Paralithodes camtschaticus*) in the Barents Sea:
A Comparative Study of Introduced and Native Populations**

© 2008 г. D. A. Zelenina, N. S. Myuge, A. A. Volkov, and V. I. Sokolov

Russia Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography (VNIRO), Moscow, 107140 Russia
e-mail: dzel67@mail.ru

Abstract—Red king crab (*Paralithodes camtschaticus*) was introduced into the Barents Sea in the 1960–1970s. Its present habitation area spans on the coastal zone from Hammerfest (Northern Norway) to the Barents Sea Funnel in the north-east of the Kola Peninsula. We studied the polymorphism of a mitochondrial gene encoding cytochrome oxidase (*COI*) and five nuclear microsatellite loci in four samples from the Barents Sea and two donor populations from the Western Kamchatka and Primorye. No decrease in the genetic diversity of the introduced populations was detected. Microsatellite assay demonstrated that the sample from Varrangerfjord was distinct from the rest five populations. However, no significant differences between the rest samples were found. Possible reasons underlying this phenomenon are discussed.