

## Генетическая изменчивость в искусственной популяции белухи *Delphinapterus leucas* (Pallas, 1776) Приморского океанариума

Виктория Дмитриевна Ягодина<sup>1,2✉</sup>, Наталья Михайловна Батищева<sup>2</sup>,  
Дарья Николаевна Каменская<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Приморский океанариум, филиал Национального научного центра морской биологии им. А. В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток, 690017, Российская Федерация

<sup>2</sup>Национальный научный центр морской биологии им. А. В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток, 690041, Российская Федерация

✉ Автор-корреспондент, e-mail: [iagodinavd@gmail.com](mailto:iagodinavd@gmail.com)

Получена 11 мая 2026 г.; принята к публикации 1 июня 2026 г.

**Аннотация.** Генетическое управление в проектах по разведению морских млекопитающих имеет ключевое значение для предотвращения инбридинга и обеспечения жизнеспособности популяций *ex situ*. В настоящей работе исследован генетический состав группы из шести белух (*Delphinapterus leucas*), содержащихся в научно-образовательном комплексе «Приморский океанариум». Группа характеризуется сложной структурой и включает репродуктивное ядро (одна самка и один самец), двух дополнительных взрослых самцов и двух полнородных сибсов (детёнышей), впервые в России рождённых в условиях неволи. На основе анализа восьми полиморфных микросателлитных локусов предложен экономичный протокол генетического мониторинга. Результаты выявили умеренный уровень изменчивости: среднее число аллелей на локус составило  $3.125 \pm 0.295$ , наблюдаемая гетерозиготность ( $H_o = 0.688 \pm 0.097$ ) превысила ожидаемую ( $H_e = 0.591 \pm 0.069$ ). Отрицательный коэффициент инбридинга свидетельствует об избытке гетерозигот и отсутствии близкого родства между взрослыми особями, сформировавшими группу. Наличие в выборке сибсов позволило экспериментально подтвердить высокую разрешающую способность панели: расчётный показатель  $PI_{sibs}$  стремится к нулю, что обеспечило гарантированную индивидуальную идентификацию даже близкородственных животных. Кумулятивная вероятность исключения ( $PE > 0.99$ ) подтвердила эффективность метода для верификации отцовства и материнства. Предложенный подход позволяет реконструировать родословные при отсутствии достоверных племенных книг и может быть использован для долгосрочного планирования программ разведения белух в океанариумах.

**Ключевые слова:** белуха, *Delphinapterus leucas*, микросателлиты, генетическое разнообразие, океанариум.

## Genetic variation in the captive population of beluga whales *Delphinapterus leucas* (Pallas, 1776) at the Primorsky Aquarium

Viktoriiia D. Yagodina<sup>1,2✉</sup>, Natalia M. Batishcheva<sup>2</sup>, Daria N. Kamenskaya<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Primorsky Aquarium, branch of the A. V. Zhirmunsky National Scientific Center for Marine Biology, Far Eastern Branch of the Russian Academy of Sciences, Vladivostok, 690017, Russian Federation

<sup>2</sup>A. V. Zhirmunsky National Scientific Center of Marine Biology, Far Eastern Branch of the Russian Academy of Sciences, Vladivostok, 690041, Russian Federation

✉ Corresponding author, e-mail: [iagodinavd@gmail.com](mailto:iagodinavd@gmail.com)

Received May 11, 2026; accepted June 1, 2026

**Abstract.** Genetic management in animal breeding programs is crucial for ensuring long-term survival, preserving species, and mitigating negative impacts of inbreeding. This study examines the genetic composition of a group of six beluga whales (*Delphinapterus leucas*) housed at the Primorsky Aquarium (Vladivostok, Russia). The group under study features a complex social structure, consisting of a breeding core (one female and one male), two additional adult males, and two full siblings, the first beluga calves born under human care in Russia. We propose a simple and cost-effective protocol for the genetic management of captive *D. leucas* based on the analysis of eight polymorphic microsatellite loci. The analysis results revealed a moderate level

of genetic variation: the mean number of alleles per locus was  $3.125 \pm 0.295$ . The observed heterozygosity ( $H_o = 0.688 \pm 0.097$ ) exceeded the unbiased expected heterozygosity ( $H_e = 0.591 \pm 0.069$ ), while the negative inbreeding coefficient indicates an excess of heterozygotes and a lack of relatedness among the founding adults. The presence of siblings in the sample allowed for an empirical validation of the panel's discriminatory power. The calculated probability of identity for siblings  $PI_{sibs}$  approached zero, ensuring reliable individual identification even among closely related animals. Furthermore, the cumulative probability of exclusion ( $PE > 0.99$ ) confirmed the method's effectiveness for paternity verification in groups with multiple potential sires. This genotyping approach is particularly valuable for establishing and maintaining genetic diversity *ex situ*, especially when reliable studbook data are unavailable.

**Keywords:** beluga whale, *Delphinapterus leucas*, microsatellites, genetic diversity, aquarium.

## Введение

Современная концепция функционирования научно-образовательных комплексов и океанариумов ставит приоритетной задачей сохранение глобального морского биоразнообразия. Это реализуется через создание благоприятной среды обитания для содержащихся в неволе гидробионтов и строгое управление процессами их воспроизводства. В настоящее время в крупнейших мировых океанариумах и зоопарках экспонируются представители самых разных таксонов морских млекопитающих: от ластоногих (моржи, морские котики, пятнистые нерпы, морские львы) до китообразных. Однако само по себе наличие животных в бассейнах не гарантирует сохранения вида. Ключевым индикатором успеха деятельности подобных организаций является формирование самоподдерживающихся популяций *ex situ*, что требует глубокого понимания генетических процессов, протекающих в малых группах.

Для поддержания генетически здоровых популяций в искусственной среде критически важно обладать точными сведениями о происхождении каждой особи. Традиционно управление разведением опирается на данные племенных книг. Сотрудники океанариумов используют эти записи, чтобы минимизировать вероятность спаривания близкородственных особей и обеспечить селекцию генетически пригодных кандидатов. Однако создание и ведение племенных книг – процесс, требующий колоссальных временных и финансовых вложений. Более того, в научной литературе всё чаще появляются сообщения о критических ошибках в родословных записях. Например, исследование С. Майти с соавторами, проведённое на содержащихся в неволе тиграх, наглядно демонстрирует, что даже при строгом контроле фактическое отцовство может не совпадать с зафиксированным в документах (Maity et al. 2022). Отсутствие достоверной информации или наличие системных ошибок в записях неизбежно ведёт к неконтролируемому инбридингу. Близкородственное скрещивание представляет собой одну из главных угроз для малых популяций. В дикой природе генетическое разнообразие поддерживается за счёт естественного отбора, миграций, широкого расселения молоди и этологических механизмов избегания скрещивания близких родственников. Однако по мере сокращения и фрагментации природных ареалов дикие популяции начинают терять вариабельность с пугающей скоростью. В условиях же неволи животные находятся в полностью контролируемой среде и представлены малым числом особей, что лишает их естественных способов обновления генофонда. Потеря генетического разнообразия и накопление генетического груза приводят к снижению репродуктивного потенциала, повышению восприимчивости к инфекционным заболеваниям и утрате способности адаптироваться к меняющимся условиям среды. Как отмечает П. Пандей, генетический менеджмент является обязательным условием выживания видов в зоопарках (Pandey et al. 2021).

Достижения молекулярной генетики предоставили учёным мощный вспомогательный инструмент для верификации племенных записей. Одним из наиболее

эффективных методов является анализ микросателлитной ДНК (STR – short tandem repeats). Микросателлиты характеризуются высокой скоростью мутаций и кодоминантным наследованием, что делает их идеальными маркерами для установления отцовства и анализа структуры популяций как в дикой природе, так и в неволе (Burton 2002; Dobson et al. 2018; Armada-Tapia et al. 2023). Применение этих инструментов уже доказало свою эффективность в управлении колониями пингвинов (Lee et al. 2018), где были обнаружены случаи внепарного спаривания, которые невозможно было отследить только путём визуальных наблюдений.

Среди морских млекопитающих особое место в исследованиях занимают белые киты, или белухи *Delphinapterus leucas* (Pallas, 1776). Этот представитель семейства нарваловых относится к видам, «близким к уязвимому положению», и находится под защитой международного и национального законодательства, включая Закон США о защите морских млекопитающих (Marine Mammal Protection Act). Понимание биологии и моделей поведения белух в условиях *ex situ* служит отправной точкой для изучения их диких собратьев (Smith 2019). Это особенно актуально на фоне продолжающегося сокращения численности ключевых популяций, таких как белухи эстуария реки Святого Лаврентия и залива Кука на Аляске, которые официально признаны вымирающими (Smith 2019). История разведения белух в океанариумах берёт своё начало в 1981 г. (O'Brien et al. 2008). Значительный прогресс был достигнут в начале 2000-х гг., когда североамериканские зоопарки объединили свои разрозненные коллекции в единую популяцию для совместного управления (Robeck et al. 2005). Тем не менее накопленного опыта оказалось недостаточно для полной автономии популяций в неволе. Статистика последних десятилетий неутешительна: из семнадцати белух, родившихся в океанариумах США за 30 лет, только восемь пережили младенческий возраст. Общая выживаемость новорождённых не превышает 50% (Boyd 2019; Kilborn 1994). Основной причиной «провала» программ разведения считается отсутствие достоверной генетической информации об отцовстве. Без точного знания родословной невозможно отобрать качественных кандидатов для воспроизводства, что вынуждает западные институты постоянно искать приток «новой крови» из дикой природы.

Долгое время Россия выступала основным экспортёром белух для мировых океанариумов. Сегодня наша страна переходит от экспорта к самостоятельному воспроизводству. Научно-образовательный комплекс (НОК) «Приморский океанариум» во Владивостоке стал флагманом в этой области. Здесь не только содержится самая многочисленная в стране стая пингвинов Гумбольдта, но и регулярно фиксируются случаи рождения морских млекопитающих, включая ларгу *Phoca largha* Pallas, 1811. В 2021 г. в дельфинарии океанариума произошло знаковое событие – первый в России случай успешного рождения белухи в неволе. В данный момент в комплексе содержится группа из четырёх взрослых особей (одна самка – Джессика и три самца – Лер, Нил, Мий) и двух родившихся в океанариуме детёнышей (полнородных сибсов – Калина и Дея, родителями сибсов являются Джессика и Лер). Изучение изменчивости микросателлитных локусов белух имеет прочную научную базу. Ранее подобные исследования проводились как на природных популяциях (Buchanan et al. 1996; Valsecchi, Amos 1996), так и на животных, содержащихся в искусственной среде (Rosenbaum et al. 1995). Однако специфика Приморского океанариума, где в одной социальной группе присутствуют три потенциальных отца, требует разработки локального, но универсального протокола идентификации. Целью данного исследования является оценка генетической изменчивости, степени инбридинга

и фактического родства в группе белух НОК «Приморский океанариум». Мы ставили задачу разработать и апробировать панель из восьми микросателлитных маркёров, которая обеспечит максимальную мощность индивидуальной идентификации. Полученные данные позволят не только подтвердить происхождение уже рождённых детёнышей, но и заложить основу для научно обоснованного планирования будущих спариваний, обеспечивая адаптивную и репродуктивную приспособленность последующих поколений белух вне естественной среды обитания.

## Материал и методы

### Выделение ДНК, ПЦР, фрагментный анализ

Кровь для проведения молекулярно-генетического анализа отбирали добровольно из вен хвостового плавника в пробирки с КЗЭДТА в качестве антикоагулянта (Минимед, Россия). ДНК каждой белухи была выделена из крови с помощью набора ExtractDNA Blood & Cells (Евроген, Россия). Качество экстрагированной ДНК было проверено на спектрофотометре NanoDrop™ 2000 (Thermo Fisher Scientific, США), а также посредством электрофореза тотальной ДНК в однопроцентном агарозном геле.

Для проведения ПЦР применяли праймеры для микросателлитных локусов белух и афалин, выбранных из литературных данных и представленных в таблице 1. К 5'-концу каждого прямого праймера была добавлена флюоресцентная метка. Амплификацию для каждого образца проводили дважды с целью предотвращения ошибок генотипирования.

Амплификация была проведена в реакционной смеси объёмом 12 мкл, содержащей следующие компоненты: 5x ScreenMix-HS (Евроген, Россия), 10 mM прямого и обратного праймера (каждого); 20–40 нг тотальной ДНК, деионизированную воду. Условия ПЦР следующие: начальная денатурация при 95 °С в течение 5 мин, далее для 40 циклов: денатурация при 95 °С – 30 сек., отжиг (с оптимальной температурой для каждого праймера, см. таблицу 1) – 30 сек., элонгация при 72 °С – 45 сек.; финальная элонгация при 72 °С – 10 мин.

Продукты ПЦР визуализировали в двухпроцентном агарозном геле. Далее готовили смесь из ПЦР-продуктов, меченных разными флюоресцирующими красителями. ПЦР-смесь добавляли в смесь для генотипирования, содержащую формамид и маркёр молекулярного веса СД-450 (Синтол, Россия), и затем подвергали электрофорезу на генетическом анализаторе ABI 3500xL (Applied Biosystems, США). Длину фрагментов в полученных ПЦР-продуктах определяли с помощью программы GeneMapper 5.0 (Applied Biosystems, США).

### Статистический анализ

Тест на соответствие ожиданиям Харди-Вайнберга (P) с использованием метода цепей Маркова и проверка на неравновесие по сцеплению для всех пар локусов были выполнены в программе Genepop 4.7.0 (Rousset 2008).

Для определения мощности подобранной микросателлитной панели были рассчитаны кумулятивная вероятность исключения (Probability of Exclusion, PE) и значения вероятности совпадения генотипов (Probability of Identity, PI). Число аллелей на локус ( $N_a$ ), число эффективных аллелей, значения наблюдаемой ( $H_o$ ) и ожидаемой ( $H_e$ ) гетерозиготности, информационный индекс Шеннона ( $I$ ) были определены в программе GenAIEx 6.5.1 (Peakall, Smouse 2012). Коэффициент инбридинга ( $F_{is}$ ) получен в программе Cervus 3.0.7 (Kalinowski et al. 2007).

**Табл. 1.** Праймеры для микросателлитных локусов белух и афалин, использованные для анализа генетической изменчивости.

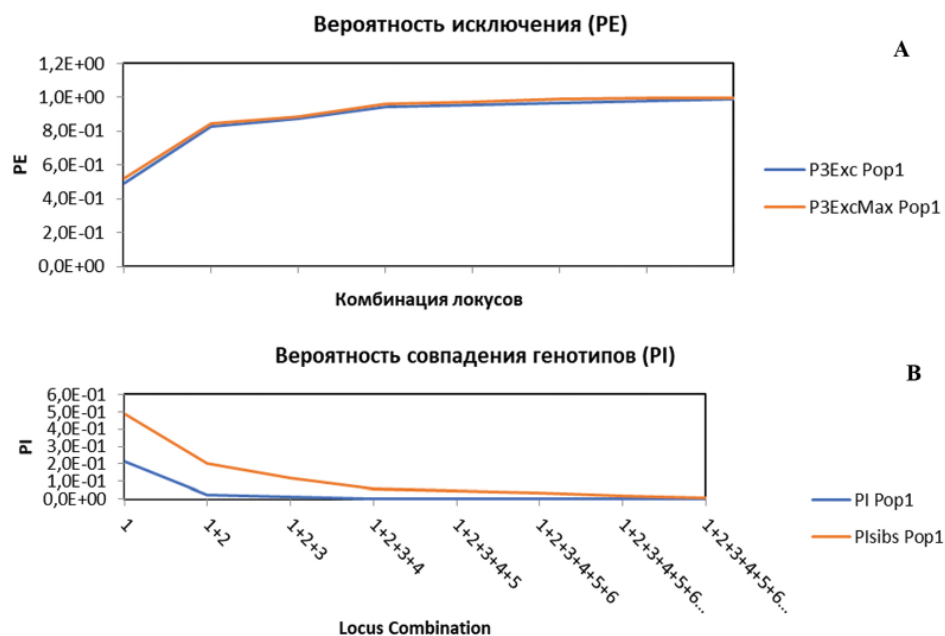
**Table 1.** Primers for beluga whales' microsatellite loci used for genetic variability analysis.

№ No	Название Name	Последовательность Sequence	Темпе- ратура отжига Annealing temperature (°C)	Источник Reference
1	DlrFCB3	/FAM/ CAA GTG CCT ATC AGT AGA TGA ATG CTT GTA TCT ATA ACT CTG GTT ATG G	57	Buchanan et al. 1996
2	DlrFCB4	/ROX/ CCT GTC AGG AGA ATT GAG GTA TCC GGA TAA GGC CAT TAG CCT CCA CC		
3	DlrFCB5	/TAMRA/ CTC CTC ATG GTC AGA CTC CCA G GTA CAT TTA CCC ATT CAG AAC TTT GG	54	
4	DlrFCB6	/FAM/ GTA CCC TTG GAC TTG TCA CCC TC ACT GCC TAT ATT AGT CAG GGT TCT C		
5	DlrFCB11	/R6G/ TTT CCC ATG TTG TTC TAA CGA AGA C GCC AGC CCA GAG CTG TAG TCC	56	
6	DlrFCB16	/ROX/ TCA CAC CCT ATC TTT TCA TCA TAG C TGA TAA TTC TGC ATG GTA TAA TCG C	58	
7	DlrFCB17	/TAMRA/ TCA GCC TCT ATA ACG TCC TGA GC ATG GGG ACT GCC TAT ATT AGT CAG		
8	EV37Mna and b	/FAM/ AGC TTG ATT TGG AAG TCA TGA TAG TAG AGC CGT GAT AAA GTG C TAG TAG AGC CGT GAT AAA GTG C	56	

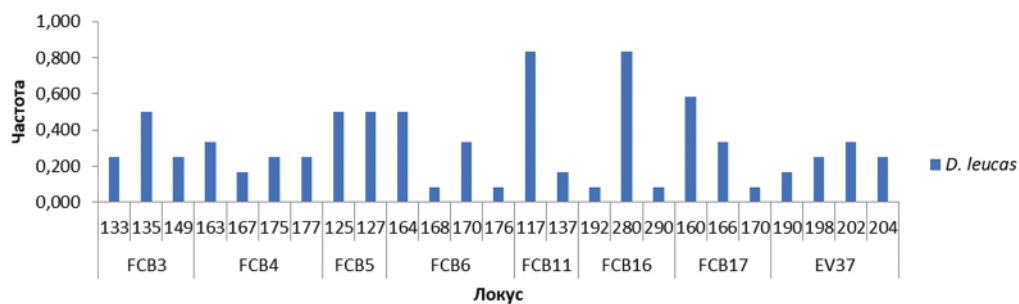
## Результаты

Для оценки разрешающей способности выбранной панели из восьми микросателлитных локусов была рассчитана кумулятивная вероятность исключения (PE). Суммарное значение PE для первого и второго родителя приблизилось к 1.0 (PE > 0.99), что подтверждает высокую статистическую достоверность используемых маркеров для идентификации родственных связей внутри исследуемой группы (рис. 1А). Также для определения надёжности индивидуальной идентификации животных были рассчитаны кумулятивные значения вероятности совпадения генотипов (PI). Значение PI для особей достигает порога значимости уже при использовании 2–3 локусов (рис. 1В).

В связи с наличием родственных связей внутри группы критическим показателем является PIsibs (probability of identity for siblings – одинаковые генетические профили у полных сибсов). На графике видно (рис. 2), что при объединении всех восьми локусов значение PIsibs стремится к нулю, это доказывает высокую разрешающую способность выбранной панели. Анализ распределения аллельных частот показал наличие полиморфизма во всех восьми исследованных локусах. Число аллелей на локус варьирует от двух (локусы FCB11, FCB16) до четырёх (локус FCB6, EV37), что свидетельствует об умеренном уровне генетического разнообразия внутри группы белух океанариума. Локусы FCB6 и EV37 характеризуются наиболее равномерным распределением частот, что делает их наиболее информативными для задач индивидуальной идентификации. Напротив, в локусах FCB11 и FCB16 наблюдается



**Рис. 1.** Графики разрешающей способности микросателлитной панели для белух: кумулятивная вероятность исключения (probability of exclusion, PE) (A); кумулятивные значения вероятности совпадения генотипов (probability of identity, PI) (B).  
**Fig. 1.** Resolution plots of the microsatellite loci panel for beluga whales: probability of exclusion, PE (A); probability of identity, PI (B).



**Рис. 2.** Распределение частот аллелей по восьми микросателлитным локусам у исследуемой группы белух.  
**Fig. 2.** Allele frequencies of the eight microsatellite loci of beluga whales.

выраженное доминирование одного аллеля, что снижает их расчётную гетерозиготность, но фиксирует уникальный генетический профиль данной группы.

Анализ основных популяционно-генетических параметров (табл. 2) показал наличие высокого уровня генетического разнообразия в исследуемой группе белух. Среднее число аллелей на локус составило  $3.125 \pm 0.295$ . Наиболее информативными оказались локусы FCB4, FCB6 и EV37, продемонстрировавшие наибольшие значения индекса Шеннона ( $I > 1.1$ ). Особый интерес представляет сравнение показателей гетерозиготности. Средняя наблюдаемая гетерозиготность ( $H_o = 0.688 \pm 0.097$ ) превышает несмещённую ожидаемую гетерозиготность ( $H_e = 0.591 \pm 0.069$ ). Отрицательное значение коэффициента инбридинга ( $F_{is} = -0.248 \pm 0.054$ ) свидетельствует об избытке гетерозигот в выборке. Такое распределение типично для малых сформированных

**Табл. 2.** Показатели генетической изменчивости для исследуемой группы белух *D. leucas*.  
**Table 2.** Values of genetic variability for the studied group of beluga whales *D. leucas*.

Локус	<i>N</i>	<i>Na</i>	<i>Ne</i>	<i>I</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>Fis</i>	<i>P</i>
FCB3	6.000	3.000	2.667	1.040	0.833	0.682	-0.333	1.000
FCB4	6.000	4.000	3.789	1.358	1.000	0.803	-0.358	1.000
FCB5	6.000	2.000	2.000	0.693	0.667	0.545	-0.333	1.000
FCB6	6.000	4.000	2.667	1.127	0.833	0.682	-0.333	0.795
FCB11	6.000	2.000	1.385	0.451	0.333	0.303	-0.200	1.000
FCB16	6.000	3.000	1.412	0.566	0.333	0.318	-0.143	1.000
FCB17	6.000	3.000	2.182	0.888	0.500	0.591	0.077	1.000
EV37	6.000	4.000	3.789	1.358	1.000	0.803	-0.358	1.000
<b>Среднее</b>	6.000	3.125	2.486	0.935	0.688	0.591	-0.248	
<b>SE</b>	0.000	0.295	0.332	0.122	0.097	0.069	0.054	

**Примечание.** *N* – число особей, *Na* – число аллелей на локус, *Ne* – эффективное число аллелей, *I* – информационный индекс Шеннона, *Ho* – наблюдаемая гетерозиготность, *He* – ожидаемая гетерозиготность, *Fis* – коэффициент инбридинга, *P* – значение теста на соответствие ожиданиям Харди-Вайнберга, *SE* – стандартная ошибка.

**Note.** *N*: number of individuals, *Na*: number of alleles per locus, *Ne*: effective number of alleles, *I*: Shannon diversity index, *Ho*: observed heterozygosity, *He*: expected heterozygosity, *Fis*: inbreeding coefficient, *P*: value of departure from Hardy-Weinberg equilibrium, *SE*: standard error.

групп животных, где отсутствуют близкородственные связи, что делает данную группу ценным генетическим резерватом для программ искусственного разведения.

Наибольшие значения эффективного числа аллелей отмечены для локусов FCB4 ( $Ne = 3.789$ ) и EV37 ( $Ne = 3.789$ ), где этот показатель практически совпадает с фактическим числом аллелей ( $Na = 4.000$ ). Это свидетельствует о высокой степени полиморфизма и сбалансированной частоте встречаемости аллельных вариантов в данных локусах. Напротив, в локусах FCB11 и FCB16 наблюдается существенное снижение эффективного числа аллелей (1.385 и 1.412, соответственно) относительно общего числа обнаруженных аллелей. Это объясняется наличием выраженных мажорных аллелей (частотой более 0.800), которые вносят основной вклад в генотип группы, снижая общую информативность данных участков ДНК в текущей выборке.

### Обсуждение

Результаты оценки генетической изменчивости в группе белух *Delphinapterus leucas* Приморского океанариума выявили среднее число аллелей на локус  $Na = 3.125 \pm 0.295$  и эффективное число аллелей ( $Ne = 2.486 \pm 0.332$ ). В сравнении с данными по крупным природным популяциям Охотского моря и Арктики, где *Na* может достигать 12–17 (Meschersky et al. 2013; Shpak et al. 2019), наши показатели закономерно ниже, что обусловлено малым размером выборки ( $n = 6$ ). Однако ключевым индикатором является наблюдаемая гетерозиготность ( $Ho = 0.688 \pm 0.097$ ). Этот показатель сопоставим со значениями для диких популяций Белого моря ( $Ho = 0.719$ ) и Западной Гренландии ( $Ho = 0.734$ ), зафиксированными в работе Г. О’Корри-Кроу (G O’Corry-Crowe) с соавторами (O’Corry-Crowe et al. 2010). Значительное превышение наблюдаемой гетерозиготности над ожидаемой ( $He = 0.591 \pm 0.069$ ) и отрицательный коэффициент инбридинга указывают на отсутствие близкородственного скрещивания среди основателей. Это резко контрастирует с ситуацией в изолированных

природных группах, таких как в заливе Якутат, где  $H_o = 0.580$ , и наблюдается дефицит гетерозигот из-за высокого уровня родства (O’Corry-Crowe et al. 2015). Таким образом, текущий состав белух Приморского океанариума характеризуется более высоким адаптивным потенциалом, чем некоторые реликтовые дикие популяции.

Для долгосрочного существования малых групп критически важно выявление скрытого родства между особями-основателями. Животные, изъятые из одного географического региона (о-в Чкалова), могут быть родственниками из-за высокой филопатрии вида (O’Corry-Crowe et al. 2020). В ходе первичного анализа родства нами было выявлено, что самка Джессика и самец Мий являются полнородными сибсами (Yagodina, Batishcheva 2026). Без учёта этих данных случайное скрещивание брата и сестры привело бы к резкому росту инбридинга и проявлению генетического груза. Как отмечал М. Е. Бойд, именно накопление вредных рецессивных аллелей стало причиной смертности до 50% детёнышей в первые годы жизни в программах разведения белух в США (Boyd 2019). Текущий отрицательный коэффициент инбридинга в исследуемой группе свидетельствует о том, что родительская пара (Джессика + Лер) была генетически оправдана и обеспечила рождение здорового потомства.

Одной из наиболее сложных задач в управлении коллекциями морских млекопитающих является установление родства в группах с несколькими потенциальными самцами-производителями. Традиционная модель социальной организации белух как строго матрилинейной была пересмотрена Г. О’Корри-Кроу с соавторами, которые доказали существование сложных социальных связей, не ограничивающихся материнским родством, включая устойчивые «союзы самцов» (O’Corry-Crowe et al. 2020).

В условиях Приморского океанариума наличие трёх взрослых самцов (Лер, Нил и Мий) при одной самке (Джессика) создает уникальную модель социального взаимодействия. Применение восьмилokusной панели микросателлитных маркеров позволило со 100% достоверностью подтвердить биологическое отцовство двух рождённых детёнышей. Как было установлено нами ранее (Yagodina, Batishcheva 2026), отцом обоих сибсов является один доминантный самец, что подтверждает иерархическую структуру мужских групп и наличие репродуктивной монополии даже в условиях неволи. Это согласуется с данными Э. Кацуматы о том, что, несмотря на сезонную полиэстричность белух, социальные факторы играют решающую роль в успехе спаривания (Katsumata 2010). Как отмечают Дж. Ситта с соавторами и С. Майти с соавторами, генетическая верификация исключает ошибки племенных книг, которые в мировой практике могут достигать 20%, и позволяет точно оценить генетический вклад каждого самца в будущее поколение (Citta et al. 2018; Maity et al. 2022).

Рождение впервые в России двух полнородных сибсов (детёныши Калина и Дея) позволило провести эмпирическую проверку мощности метода. Рассчитанный показатель вероятности совпадения генотипов сибсов стремится к нулю уже при использовании семи локусов. Практическое генотипирование подтвердило, что, несмотря на разделение 50% генов по происхождению, каждый детёныш обладает уникальным аллельным профилем.

Это имеет фундаментальное значение для паспортизации. В условиях океанариума, где молодые животные со временем становятся внешне трудноотличимы, генетический паспорт обеспечивает абсолютную точность идентификации. Это соответствует принципам «генетической метки» (genetic mark-recapture), описанным в работе Дж. Ситта с соавторами (Citta et al. 2018), и позволяет гарантированно отслеживать судьбу каждого животного при возможных обменах между учреждениями.

## Заключение

Совокупный анализ текущих данных и результатов многолетнего мониторинга подтвердил возможность успешного размножения в неволе, отсутствие инбридинга и высокий уровень генетического здоровья группы белух Приморского океанариума. Разработанный протокол на основе восьми микросателлитных локусов доказал свою эффективность в решении задач верификации отцовства и идентификации скрытого родства среди основателей. Полученные результаты являются необходимым условием для долгосрочного планирования программ разведения белух в России, обеспечивая сохранение биологического разнообразия морских млекопитающих.

## Благодарности

Авторы выражают признательность директору Приморского океанариума О. Г. Шевченко и руководителю службы по работе с морскими млекопитающими А. Е. Брыкову за предоставление материалов и реактивов для проведения исследования. Также благодарим ведущего специалиста ветеринарного отдела В. А. Ячмень за сбор биологического материала.

Исследование проведено на площадке ЦКП «Приморский океанариум», ИЦМБ ДВО РАН.

## Литература (References)

- Armada-Tapia S., Castillo-Geniz J. L., Victoria-Cota N., Arce-Valdés L. R., Enríquez-Paredes L. M. 2023. First evidence of multiple paternity in the blue shark (*Prionace glauca*). *Journal of Fish Biology* 102(2): 528–531. <https://doi.org/10.1111/jfb.15272>
- Boyd M. E. 2019 The beginning of the end for belugas in captivity in the United States. *Animal Law Review* 25(2): 93–123.
- Buchanan F. C., Friesen M. K., Littlejohn R. P., Clayton J. W. 1996. Microsatellites from the beluga whale *Delphinapterus leucas*. *Molecular Ecology* 5(4): 571–575. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.1996.00109.x>
- Burton C. 2002. Microsatellite analysis of multiple paternity and male reproductive success in the promiscuous snowshoe hare. *Canadian Journal of Zoology* 80(11): 1948–1956. <https://doi.org/10.1139/z02-187>
- Citta J. J., O’Corry-Crowe G., Quakenbush L. T., Bryan A. L., Ferrer T., Olson M. J., Hobbs R. C., Potgieter B. 2018. Assessing the abundance of Bristol Bay belugas with genetic mark-recapture methods. *Marine Mammal Science* 34(3): 666–686. <https://doi.org/10.1111/mms.12472>
- Dobson F. S., Abebe A., Correia H. E., Kasumo C., Zinner B. 2018. Multiple paternity and number of offspring in mammals. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 285(1891): 20182042. <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2018.2042>
- Kalinowski S. T., Taper M. L., Marshall T. C. 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology* 16(5): 1099–1106. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03089.x>
- Katsumata E. 2010. Study on reproduction of captive marine mammals. *Journal of Reproduction and Development* 56(1): 1–8. <https://doi.org/10.1262/jrd.09-212E>
- Kilborn S. S. 1994. Object carrying in a captive beluga whale (*Delphinapterus leucas*) as a possible surrogate behavior. *Marine Mammal Science* 10: 496–501. <https://doi.org/10.1111/j.1748-7692.1994.tb00510.x>
- Lee L., Tirrell N., Burrell C., Chambers S., Vogel S., Domyan E. T. 2018. Genetic tests reveal extra-pair paternity among Gentoo penguins (*Pygoscelis papua ellsworthii*) at Loveland Living Planet Aquarium: Implications for ex situ colony management. *Zoo Biology* 37(4): 236–244. <https://doi.org/10.1002/zoo.21432>
- Maity S., Singh S. K., Yadav V. K., Chandra K., Sharma, L. K., Thakur M. 2022. DNA matchmaking in captive facilities: A case study with tigers. *Molecular Biology Reports* 49(5): 4107–4114. <https://doi.org/10.1007/s11033-022-07376-3>
- Meschersky I. G., Shpak O. V., Litovka D. I., Glazov D. M., Borisova E. A., Rozhnov V. V. 2013. A genetic analysis of the beluga whale *Delphinapterus leucas* (Cetacea: Monodontidae) from summer aggregations in the Russian Far East. *Russian Journal of Marine Biology* 39(2): 125–135. <https://doi.org/10.1134/S1063074013020065>

- O'Brien J. K., Steinman K. J., Schmitt T., Robeck T. R.** 2008. Semen collection, characterization and artificial insemination in the beluga (*Delphinapterus leucas*) using liquid-stored spermatozoa. *Reproduction, Fertility and Development* 20(7): 770–783. <https://doi.org/10.1071/RD08031>
- O'Corry-Crowe G., Lydersen C., Heide-Jørgensen M. P., Hansen L., Mukhametov L. M., Dove O., Kovacs K. M.** 2010. Population genetic structure and evolutionary history of North Atlantic beluga whales (*Delphinapterus leucas*) from West Greenland, Svalbard and the White Sea. *Polar Biology* 33(9): 1179–1194. <https://doi.org/10.1007/s00300-010-0807-y>
- O'Corry-Crowe G., Lucey W., Archer F. I., Mahoney B.** 2015. The genetic ecology and population origins of the beluga whales, *Delphinapterus leucas*, of Yakutat Bay. *Marine Fisheries Review* 77(1): 47–58. <https://doi.org/10.7755/MFR.77.1.5>
- O'Corry-Crowe G., Suydam R., Quakenbush L., Smith T. G., Lydersen C., Kovacs K. M., Orr J., Harwood L., Litovka D., Ferrer T.** 2020. Group structure and kinship in beluga whale societies. *Scientific Reports* 10: e11462. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-67314-w>
- Pandey P., Hyun J. Y., Yu M., Lee H.** 2021. Microsatellite characterization and development of unified STR panel for big cats in captivity: a case study from a Seoul Grand Park Zoo, Republic of Korea. *Molecular biology reports* 48(2): 1935–1942. <https://doi.org/10.1007/s11033-021-06202-6>
- Peakall R. O. D., Smouse P. E.** 2012. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics* 28(19): 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
- Robeck T. R., Monfort S. L., Calle P. P., Dunn J. L., Jensen E., Boehm J. R., Young S., Claret S. T.** 2005. Reproduction, growth and development in captive beluga (*Delphinapterus leucas*). *Zoo Biology: Published in affiliation with the American Zoo and Aquarium Association* 24(1): 29–49. <https://doi.org/10.1002/zoo.20037>
- Rosenbaum H. C., Calle P. P., Cook R. A., Amato G.** 1995 Paternity assessments for a captive breeding group of beluga whales // International Association for Aquatic Animal Medicine Conference Proceedings. <https://www.vin.com/doc/?id=3981304> (accessed on 03 May 2026)
- Rousset F.** 2008. Genepop'007: a complete re-implementation of the Genepop software for Windows and Linux. *Molecular ecology resources* 8(1): 103–106. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01931.x>
- Shpak O. V., Meschersky I. G., Glazov D. M., Litovka D. I., Kuznetsova D. M., Rozhnov V. V.** 2019. Structure and assessment of beluga whale, *Delphinapterus leucas*, populations in the Russian Far East. *Marine Fisheries Review* 81(3–4): 72–86. <https://doi.org/10.7755/MFR.81.3-4.3>
- Smith K.** 2019. First thirty days of life: examining calf behavioral development in beluga whales (*Delphinapterus leucas*) and Pacific white-sided Dolphins (*Lagenorhynchus obliquidens*) at one zoological facility. Master's Theses, University of Southern Mississippi. [https://aquila.usm.edu/masters\\_theses/606](https://aquila.usm.edu/masters_theses/606) (accessed on 03 May 2026)
- Valsecchi E., Amos W.** 1996. Microsatellite markers for the study of cetacean populations. *Molecular Ecology* 5(1): 151–156. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1996.tb00301.x>
- Yagodina V., Batishcheva N.** 2026 Paternity determination for two captive beluga whales born at the Primorsky Aquarium, Russia. *Thalassas* 42: e83. <https://doi.org/10.1007/s41208-026-01105-4>