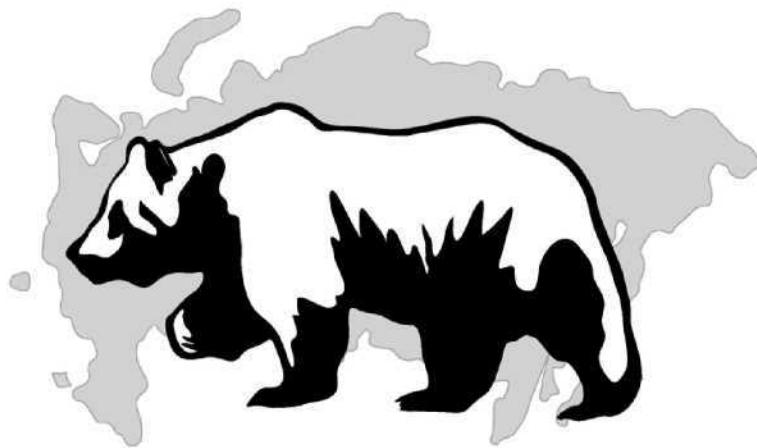


Териологическое общество при РАН  
Федеральный исследовательский центр  
Южный научный центр Российской академии наук  
Зоологический музей МГУ им. М.В. Ломоносова  
Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова  
Российской академии наук  
Всероссийский научно-исследовательский институт  
охотничьего хозяйства и звероводства им. проф. Б.М. Житкова

**Научная конференция**

# **МЛЕКОПИТАЮЩИЕ РОССИИ: ФАУНИСТИКА И ВОПРОСЫ ТЕРИОГЕОГРАФИИ**



Товарищество научных изданий КМК  
Ростов-на-Дону  
17-19 апреля 2019 г.

**«Млекопитающие России: фаунистика и вопросы териогеографии».** Ростов-на-Дону. 17-19 апреля 2019 г. М.: Тов-во науч. изданий КМК. 336 с.

Сборник включает материалы участников конференции «Млекопитающие России: фаунистика и вопросы териогеографии». Основное направление конференции - изучение пространственной, временной и генетической структуры видов млекопитающих, составляющих фауну России. Обсуждается ряд фундаментальных научных проблем, решение которых неразрывно связано с изучением состава фауны и структуры составляющих ее видов: это целенаправленный сбор и доступное хранение первичной информации; идентификация видов в морфологически однородных группах животных; исследование пространственной и временной структуры распределения животных современными методами; исследование генетической разнородности в структуре популяций; изучение роли интродукции в формировании местной фауны.

Конференция проводится при финансовой поддержке  
Российского фонда фундаментальных исследований, проект № 19-04-20088

Страница конференции  
<http://sev-in.ru/ru/mlekopitaisie-rossii-faunistika-i-voprosy-teriogeografii>

# ОБЗОР ФИЛОГЕОГРАФИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ТЕМНОЙ ПОЛЕВКИ (*MICROTUS AGRESTIS* L., 1761)

М.И. Чепраков, Н.Ф. Черноусова

Институт экологии растений и животных УрО РАН, Екатеринбург  
cheprakov@ipae.uran.ru

На протяжении последних лет изучение филогеографической структуры темной полевки (*Microtus agrestis* L., 1761), выполненное рядом исследователей с использованием одного митохондриального локуса (цитохром B, 385-1143 пн) и шести ядерных локусов (всего 4272 пн), выявило существование трех высоко генетически дифференцированных линий этого вида (Jaarola, Searle, 2004; Paupério et al., 2012). Особи португальской линии (Paupério et al., 2012) ограничены в своем распространении центральной Португалией и Галисией (Galicia) в северо-западной Испании (рис. 1). Особи южной линии встречаются в Испании, южной Франции, Швейцарии, Италии, Словении и Венгрии (Jaarola, Searle, 2002, 2004). Область распространения представителей северной линии охватывает Великобританию, остальную часть Франции, Данию, Германию, Польшу, Чехию, Румынию, Скандинавию и Россию (Herman, Searle, 2011).

В пределах северной линии выделяют шесть сублиний: северо-британскую, западную, французскую, центральноевропейскую, скандинавскую и восточную (Herman, Searle, 2011). В пределах России встречаются только

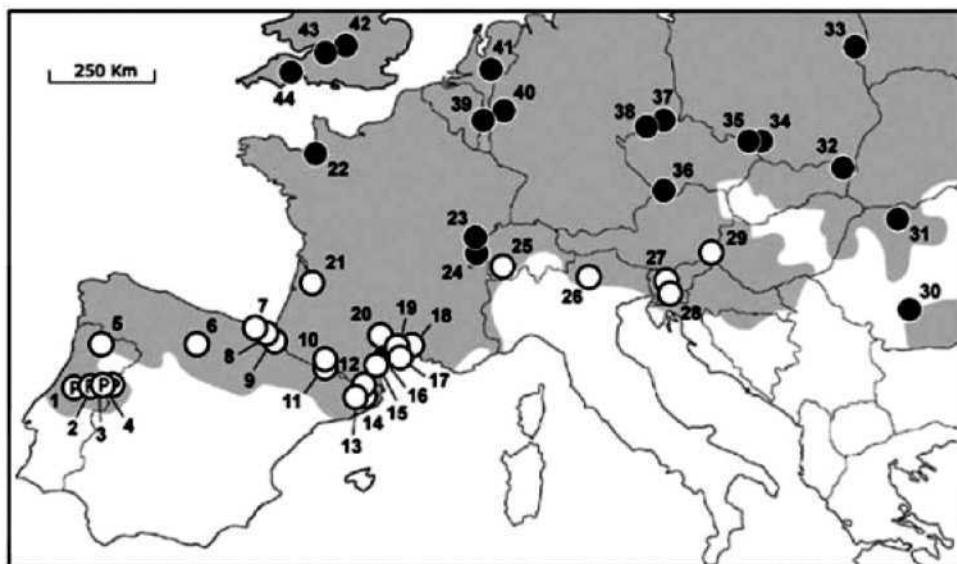


Рис. 1. Географическое распределение локалитетов, в которых обнаружены особи северной (темные круги), южной (светлые круги) и португальской (светлые круги с Р внутри) линий сyt b гена темной полевки (по Jaarola, Searle, 2004).

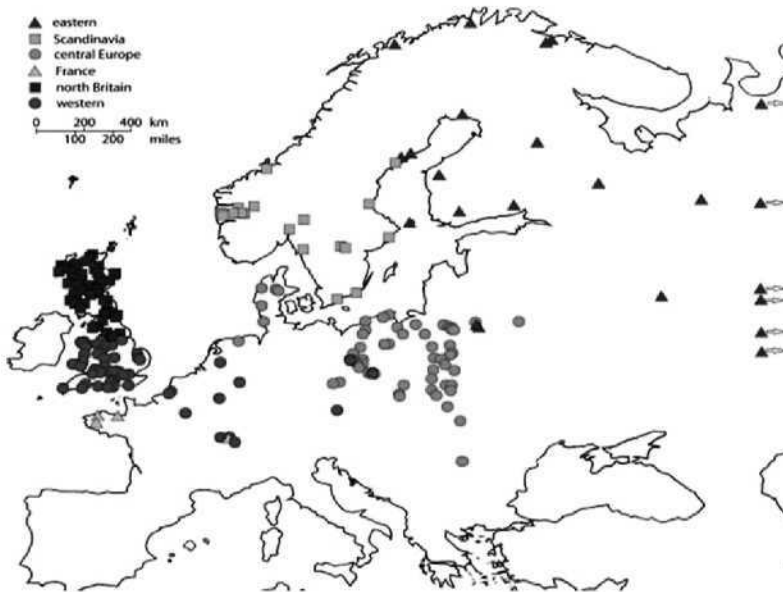


Рис. 2. Географическое распределение локалитетов шести сублиний северной цитохром b гена линий темной полевки (по Herman et al., 2014).

представители восточной сублинии cyt b гена (рис.2; Herman, Searle, 2011, Herman et al., 2014).

Дивергенция между линиями цитохрома b темной полевки лежит в пределах от  $3,1 \pm 0,5$  до  $5,9 \pm 0,7\%$ . Нуклеотидное разнообразие самое низкое внутри португальской клады ( $0,29 \pm 0,03\%$ ), среднее - в пределах южной клады ( $0,56 \pm 0,05\%$ ) и наибольшее - внутри северной линии ( $1,16 \pm 0,23\%$ , Paupério et al., 2012). Оценка дивергенции между линиями по ядерным генам показала подобный уровень различий (от 2,3 до 5,4%). Однако, имеется некоторое несоответствие между результатами, полученными на основе митохондриальных и ядерных генов. По митохондриальным данным северная линия темной полевки имеет больший уровень дивергенции (5,8%) от двух других, а южная и португальская линии расходятся между собой на уровне 3,3%. По ядерным данным больший уровень дивергенции (5,4%) имеет португальская линия, а южная и северная расходятся на уровне 2,3% (Barbosa et al., 2018). Для таких близких видов, как обыкновенная (*M. arvalis*,  $2n = 46$ ) и восточноевропейская (*M. rossiaemeridionalis*,  $2n = 54$ ) полевки такого несоответствия нет. Уровень дивергенции между ними по митохондриальным данным составляет 5,8%, а по ядерным данным - 7,6%. А для кариоморф обыкновенной полевки таких, как *M. arvalis arvalis* и *M. arvalis obscurus*, уровень дивергенции по митохондриальным данным составляет 2,7%, а по ядерным данным - 3,8% (Barbosa et al., 2018).

Дивергенция между субкладами северной линии цитохрома b не превышает 0,5%. Внутри сублиний северной клады это разнообразие имеет сходную величину и все эти сублинии происходят от общего предка (Herman,

Searle, 2011). Время отделения сублиний от этого предка составляет в среднем от 10,5 до 12,5 т.л.н. со средними пределами от 8 до 16 т.л.н. (Herman et al., 2014). Время разделений трех митохондриальных линий (португальской, южной и северной) оценивают в интервалах  $70 \pm 30$  т.л.н. Это соответствует ранне-валдайскому (зыряновскому, Weichselian) оледенению позднего плейстоцена (Markova et al., 1995). Согласно демографической модели в северной линии с начала голоцена происходит демографическая экспансия, продолжающаяся до настоящего времени. Для южной линии выявлена на порядок меньшая демографическая экспансия, начавшаяся в середине голоцена. Для португальской линии такой экспансии не установлено (Paupério et al., 2012)

Учитывая уровень генетической дивергенции, авторы находят возможным придать каждой из линий сит b гена видовой статус. В соответствие с географическим распространением особей португальской клады можно идентифицировать как представителей вида *Microtus rozianus* (Vocage, 1865), особей южной клады - как представителей вида *M. leverniedii* (Crespon, 1844), а особей северной клады можно относить к виду *M. agrestis* (L., 1751). Эти три предполагаемых вида будут являться криптическими, так как нет явных морфологических различий между ними (Paupério et al., 2012).

С нашей точки зрения, по крайней мере, особей восточной субклады можно ассоциировать с подвидом *M. a. agrestis* (L., 1751), а центральноевропейской - с подвидом *M. a. gregarius* (L., 1766).

В связи с вышеизложенным очевидно, что в дополнение к изучению генетической дивергенции, представляет интерес использование морфологических подходов для изучения локальных и географических популяций темной полевки.

Работа выполнена в рамках государственного задания Института экологии растений и животных **УрО РАН**.

## Литература

- Barbosa S., Paupério J., Pavlova S. V., Alves P. C., Searle J. B. The *Microtus* voles: Resolving the phylogeny of one of the most speciose mammalian genera using genomics // *Molecular phylogenetics and evolution*. 2018. V. 125. P. 85-92.
- Herman J. S., Searle J. B. Post-glacial partitioning of mitochondrial genetic variation in the field vole // *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*. 2011. V. 278. P. 3601-3607.
- Herman J. S., McDevitt A. D., Kawalko A., Jaarola M., Wójcik J. M., Searle J. B. Land-bridge calibration of molecular clocks and the post-glacial colonization of Scandinavia by the Eurasian field vole *Microtus agrestis* // *PloS one*. 2014. V. 9. № 8. P. e103949.
- Jaarola M., Searle J. B. Phylogeography of field voles (*Microtus agrestis*) in Eurasia inferred from mitochondrial DNA sequences // *Molecular ecology*. 2002. V. 11. № 12. P. 2613-2621.
- Jaarola M., Searle J. B. A highly divergent mitochondrial DNA lineage of *Microtus agrestis* in southern Europe // *Heredity*. 2004. V. 92. № 3. P. 228-234.
- Markova, A. K. . Late Pleistocene distribution and diversity of mammals in northern Eurasia // *Paleontologia i Evolucio*. 1995. № 28-29. P. 5-143.
- Paupério, J., Herman, J. S., Melo-Ferreira, J., Jaarola, M., Alves, P. C., Searle, J. B. Cryptic speciation in the field vole: a multilocus approach confirms three highly divergent lineages in Eurasia // *Molecular Ecology*. 2012. V. 21. № 24. P. 6015-6032.