



МЕЖДУНАРОДНАЯ АССОЦИАЦИЯ АКАДЕМИЙ НАУК

НАЦИОНАЛЬНАЯ АКАДЕМИЯ НАУК БЕЛАРУСИ

ГНПО «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по биоресурсам»

МИНИСТЕРСТВО ЛЕСНОГО ХОЗЯЙСТВА РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ

ГПУ «Республиканский ландшафтный заказник «Налибокский»»

ГПУ «Березинский биосферный заповедник»

ТЕРИОФАУНА БЕЛАРУСИ И СОПРЕДЕЛЬНЫХ РЕГИОНОВ

Материалы международной научно-практической конференции,
посвященной 90-летию со дня рождения профессора П. Г. Козло.

Минск, 24-26 сентября 2024 г.

Научное электронное издание



Минск
«Беларуская навука»
2024

УДК 569(476)(082)
ББК 28.1(4Бел)я43

Редакционная коллегия:
В. В. Шаун (главный редактор), И. А. Крищук, И. А. Соловей, Е. И. Машков

В сборнике представлены материалы ученых из Беларуси, России, Сербии, Таджикистана, Узбекистана по различным аспектам исследований териофауны.

Адресуется ученым, студентам и аспирантам профильных вузов, а также широкому кругу читателей, интересующихся млекопитающими.

УДК 569(476)(082)
ББК 28.1(4Бел)я43

ISBN 978-985-08-3219-1

© ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам», 2024
© Оформление. РУП «Издательский дом
«Беларуская навука», 2024

М. Н. Ранюк, М. В. Модоров, В. Г. Монахов, Е. С. Терехова

Институт экологии растений и животных, Екатеринбург 620144, Россия,
mon@ipae.uran.ru

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ПОПУЛЯЦИИ СОБОЛЯ (*MARTES ZIBELLINA* L.) ЮЖНОГО ЗАБАЙКАЛЬЯ

В данной работе проведен анализ генетической структуры соболя Забайкалья и соседних территорий на основании данных об изменчивости 11 микросателлитных локусов яДНК у 268 особей из 11 географических выборок. Три выборки Южного Забайкалья проявляют пониженное генетическое разнообразие и формируют отдельный от других исследованных выборок генетический кластер. Полученные нами данные дают дополнительные основания для выделения популяции чикойского соболя в отдельный подвид *Martes zibellina obscura* Timofeev et Nadeev 1955.

Ключевые слова: соболь, популяция, микросателлитные локусы, Забайкалье.

Соболь *Martes zibellina* L. типичный хищник таежных биоценозов Урала, Сибири и Дальнего Востока. Необходимость ревизии подвидовой структуры соболя обсуждается практически в каждом систематическом обзоре, с пометкой о трудностях ее осуществления из-за высокой лабильности, массовой реинтродукции и широты ареала вида (Гептнер и др., 1963; Монахов, 1976; Павлинов, Россоломо, 1978; Бакеев и др., 2006; Ranyuk et al., 2021). В различных источниках описывается от 2 до 30 подвидов соболя (Monakhov, 2011). В 1955 г. В. В. Тимофеевым и В. Н. Надеевым в монографии «Соболь» приводится описание изолированной популяционной группировки соболя Забайкалья, для которой авторы предлагают статус подвида *Martes zibellina obscura* (Тимофеев, Надеев, 1955). Данная популяционная группировка соболя отделена от основной части ареала южного Забайкалья долинами рек Селенга, Хилок, Ингода и Онон, а также широкими полосами степей (Монахов, Тимофеев, 1973). Однако последующие исследования морфологических характеристик данной группировки не выявили значимых отличий в размерах и окраске меха от других популяций прибайкальского соболя (Монахов, 1968), и в дальнейшем в современных сводках подвид *M. z. obscura* принимается как синоним *Martes zibellina princeps* Virula, 1922 (Anderson, 1970; Абрамов, Хляп, 2012), или как локальная форма (Монахов, 1976; Бакеев и др., 2006).

Цель данного исследования – оценить степень изолированности чикойской популяции соболя при помощи анализа генетической структуры населения соболя Забайкалья.

Материал и методы. Для анализа использовали образцы тканей (мышцы и кожа), предоставленные охотниками, добывавшими соболя на легальной основе. Всего было проанализировано 268 особей из 11 географических выборок (рис. 1, таблица).

Для выделения ДНК использовали набор DNA-extran-2 КИТ (Синтол, Россия). У каждого животного была оценена изменчивость 11 микросателлитных локусов, согласно методике описанной ранее (Modorov et al., 2020). В этой же работе было показано, что выбранные микросателлитные локусы расположены в различных группах сцепления.

Сравнение наблюдаемой частоты генотипов каждого локуса с частотой генотипов, следующей из уравнения Харди-Вайнберга, расчет показателей аллельного разнообразия и гетерозиготности, оценку генетических дистанций (F_{st}), а также анализ матрицы генетических дистанций методом главных координат проводили в программе GenALEX v. 6.5 (Peakall, Smouse, 2006; 2012). Для характеристики генетической структуры также применяли байесовскую кластеризацию, реализованную в программе STRUCTURE v. 2.3.4 (Pritchard, Stephens, 2000). Оценка наиболее вероятного числа внутривидовых единиц (K) проводили в программе Structure Harvester (Earl, von Holdt, 2012). Для этого в программе STRUCTURE v. 2.3.4 для каждой K в диапазоне от 2 до 5 выполняли по 5 тестов включающих 100 000 итераций, первые 10 000 из проведенных итераций из анализа исключали.

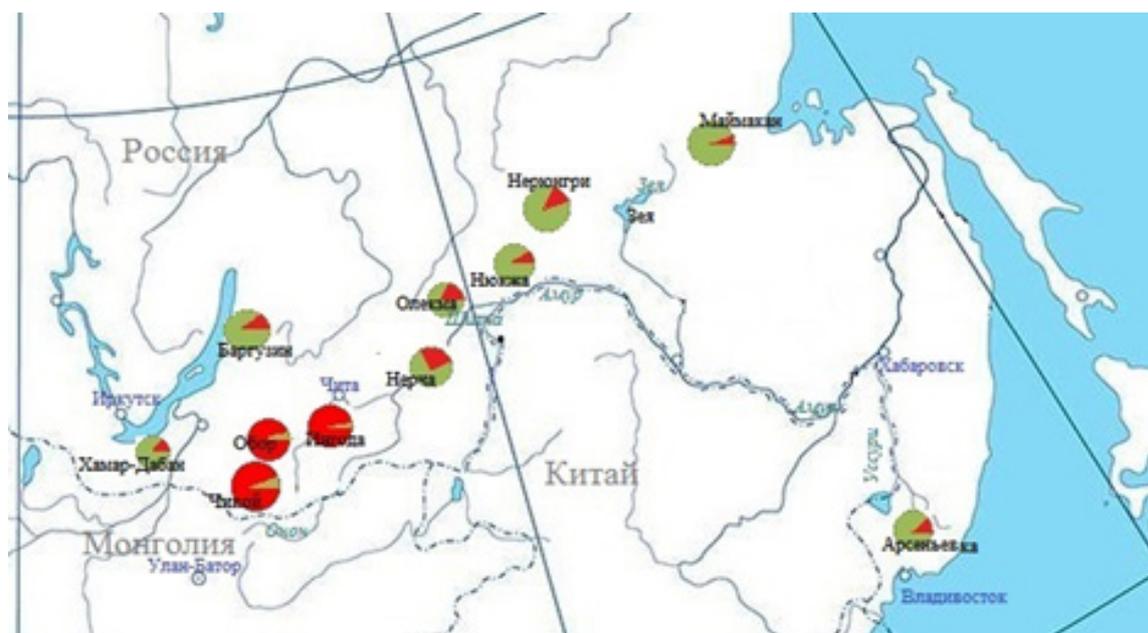


Рис. 1. Распределение изученных признаков в 29 выборках *M. zibellina*: распределение доли генетических групп по результатам байесовской классификации (генетические группы (кластеры) по микросателлитным локусам: красный – доля группы А, зеленый – доля группы В)

Результаты и обсуждение. Для всех 11 проанализированных локусов однонаправленных отклонений наблюдаемых частот генотипов от частот, ожидаемых согласно уравнению Харди-Вайнберга, не отмечено. Поэтому для анализа генетической структуры популяции какие-либо локусы исключены не были. Среднее число аллелей на локус (N_a) в исследованных выборках соболя составляло от 4,36 до 7,45 (см. таблицу). Наименьшие значения наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности отмечены в выборках Ингода, Чикой и Обор.

Генетические характеристики исследуемых выборок соболя на основе данных по изменчивости 11 микросателлитных локусов яДНК

№	Выборка	n	N_a	N_e	H_o	H_e
1	Хамар-Дабан (горный хребет Хамар-Дабан)	54	7,45	4,42	0,67	0,71
2	Баргузин (Баргузинский горный хребет)	14	6,09	3,73	0,62	0,69
3	Чикой (бассейн р. Чикой)	18	4,82	2,74	0,54	0,58
4	Обор (бассейн р. Обор)	25	5,09	3,15	0,58	0,60
5	Ингода (бассейн р. Ингода)	23	4,36	2,58	0,46	0,54
6	Нерча (бассейн р. Нерча)	26	7,09	4,06	0,62	0,70
7	Олекма (бассейн р. Олекма)	11	6,55	4,46	0,70	0,70
8	Нюкжа (бассейн р. Нюкжа)	21	6,64	3,68	0,65	0,70
9	Нерюнгри (окрестности г. Нерюнгри)	25	7,09	4,16	0,64	0,69
10	Маймакан (бассейн р. Майя)	38	7,36	4,19	0,69	0,69
11	Арсеньевка(окрестности п. Арсеньевка)	13	6,18	4,02	0,68	0,67

Примечание: n – размер выборки; N_a – среднее число аллелей на локус; N_e – эффективное число аллелей на локус; H_o – наблюдаемая гетерозиготность; H_e – ожидаемая гетерозиготность.

При попарном сравнении выборок значения генетических дистанций (F_{st}) составили от 0,011 до 0,101. Результаты анализа главных координат (PCoA), полученных с использованием матрицы генетических дистанций, представлены на рис. 2. На первые две оси приходится 63,5 % доли объясняемой дисперсии, из которых 46,4 % приходится на ось 1. Первая ось главных координат разделяет выборки Обор, Чикой и Ингода (рис. 2, группировка 2) от остальных исследованных выборок соболя (рис. 2, группировка 1).

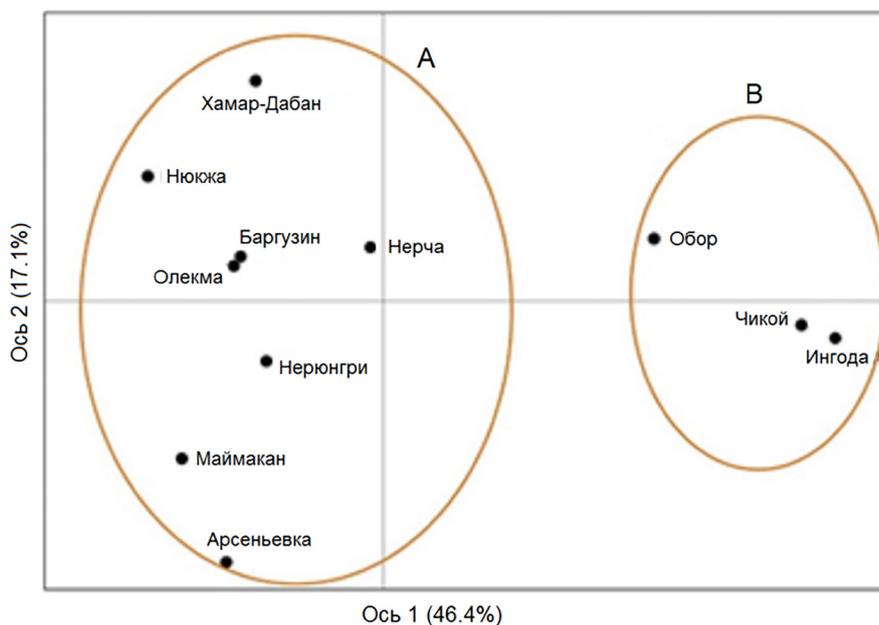


Рис. 2. Результаты анализа главных координат (РСОА), рассчитанных на основании матрицы генетических дистанций (F_{st}). А и В – генетические группы (кластеры)

Метод Evanno et al. (2005), реализованный в программе CLUMPAK (Kopelman et al., 2015), свидетельствует о том, что анализируемый генофонд соболя состоит из двух генетических кластеров, условно названных нами А и В ($K = 2$). Результаты байесовской кластеризации для $K = 2$ представлены на рис. 1, на основании чего можно говорить о том, что генофонд соболей, представленных выборками Обор, Чикой и Ингода в основном принадлежит группе В, тогда как все остальные выборки относятся к группе А.

Данный результат свидетельствует о самостоятельности и изолированности южнозабайкальской группировки соболя. В. В. Тимофеев и В. Н. Надеев (1955), при описании чикойского подвида соболя, *M. z. obscura*, указали его географическое распространение: «...заселяет юго-восточную оконечность Яблонового хребта (системы рек Чикой... и Ингоды)». Позднее это подтвердили А. П. Иданова с соавторами (1967). Эта группировка «...помимо своей изолированности, отличается относительно высокой (для южной части ареала) плодовитостью, некоторыми особенностями возрастной структуры и относительно большим количеством темных соболей» (Монахов, Тимофеев, 1973; с. 89). Уникальность южнозабайкальской популяции может быть обусловлена сочетанием физико-географических условий региона: континентальность климата, особенности орографии, обеспечивающие пространственную изоляцию данного участка ареала в течение продолжительного (более полувека) периода.

Таким образом, популяционная группировка соболя южного Забайкалья имеет существенные генетические отличия от других группировок региона и может рассматриваться как изолированная популяция со свойствами подвида *Martes zibellina obscura* Timofeev et Nadeev 1955, ранее считавшегося синонимом баргузинского подвида *Martes zibellina princeps*.

Список использованных источников

1. Абрамов, А. В. Отряд Carnivora / А. В. Абрамов, Л. А. Хляп // Млекопитающие России: систематико-географический справочник (Сборник трудов Зоологического музея МГУ. Т. 52). – М.: Т-во науч. изданий КМК, 2012. – С. 313–382.
2. Бакеев, Н. Н. Географическая изменчивость окраски меха соболя и ее динамика / Н. Н. Бакеев // Тр. ВНИИОЗ. Киров. – 1976. – Вып. 26. – С. 26–54.
3. Млекопитающие Советского Союза Т. II, ч. 1 / В. Г. Гептнер [и др.]. – М.: Высшая школа, 1967. – 1004 с.
4. Иданова, А. П. Обогащение охотничьей фауны: Распространение соболя / А. П. Иданова, М. А. Лавов, В. В. Тимофеев // Атлас Забайкалья (Бурятская АССР и Читинская область). – М.; Иркутск: ГУГК, 1967. – С. 65.

5. Монахов, Г. И. Географическая изменчивость и таксономическая структура соболя фауны СССР / Г. И. Монахов // Тр. ВНИИОЗ. – 1976. – Вып. 26. – С. 54–86.
6. Монахов, Г. И. О таксономическом положении чикойского соболя / Г. И. Монахов // Зоологический журнал. – 1968. – Т. 47. – С. 1578–1580.
7. Монахов, Г. И. Предбайкалье и Забайкалье / Г. И. Монахов, В. В. Тимофеев // Соболев, куницы, харза. – М.: Наука, 1973. – С. 84–95.
8. Павлинов, И. Я. Географическая изменчивость и внутривидовая систематика соболя (*Martes zibellina* L.) на территории СССР / И. Я. Павлинов, О. Л. Россолимо // Млекопитающие: (Исслед. по фауне Сов. Союза). – М.: МГУ, 1979. – С. 241–256.
9. Тимофеев, В. В. Соболев / В. В. Тимофеев, В. Н. Надеев. – М.: Заготиздат, 1955. – 404 с.
10. Anderson, E. Quaternary evolution of the genus *Martes* (Carnivora, Mustelidae) / E. Anderson // Acta Zoologica Fennica. – 1970. – Vol. 130. – P. 1–132.
11. Earl, D. A. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method / D. A. Earl, B. M. Von Holdt // Conservation Genetics Resources. – 2012. – Vol. 4, № 2. – P. 359–361.
12. Evanno, G. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study / G. Evanno, S. Regnaut, J. Goudet // Molecular Ecology. – 2005. – Vol. 14, № 8. – P. 2611–2620.
13. CLUMPAK: A program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K / N. M. Kopelman [et al.] // Molecular Ecology Resources. – 2015. – Vol. 15, № 5. – P. 1179–1191.
14. Microsatellite multiplex assay for sable (*Martes zibellina*) and pine marten (*Martes martes*) / M. Modorov [et al.] // Mammal research. – 2020. – Vol. 65, № 4. – P. 855–862.
15. Monakhov, V. G. *Martes zibellina* (Carnivora: Mustelidae) / V. G. Monakhov // Mammalian Species. – 2011. – Vol. 43, № 1. – P. 75–86.
16. Peakall, R. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update / R. Peakall, P. E. Smouse // Bioinformatics. – 2012. – Vol. 28. – P. 2537–2539.
17. Peakall, R. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research / R. Peakall, P. E. Smouse // Mol. Ecol. Notes. – 2006. – Vol. 6. – P. 288–295.
18. Pritchard, J. K. Inference of population structure using multilocus genotype data / J. K. Pritchard, M. Stephens, P. Donnelly // Genetics. – 2000. – Vol. 155. – P. 945–959.
19. Genetic differentiation of autochthonous sable populations in Western and Eastern Siberia / M. Ranyuk [et al.] // Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research. – 2021. – Т. 59. – P. 2539–2552. <https://doi.org/10.1111/jzs.12565>.

M. N. Raniuk, M. V. Modorov, V. G. Monakhov, E. S. Terekhova

*Institute of plant and animal ecology RAS, Ekaterinburg 620144, Russia,
mon@ipae.uran.ru*

GENETIC FEATURES OF THE SABLE (*MARTES ZIBELLINA* L.) POPULATION OF SOUTHERN TRANSBAIKALIA

We studied the genetic structure of sable (*Martes zibellina* L.) in Transbaikalia and neighboring territories on the basis of 11 microsatellite loci in 268 individuals from 11 geographic samples. Three samples from Southern Transbaikalia show low level of genetic diversity and formed a separate genetic cluster from the other studied samples. Our results confirmed the sable's subspecies *Martes zibellina obscura* Timofeev et Nadeev 1955.

Keywords: sable, population, microsatellite loci, Transbaikalia.