



УДК 575.17: 599.742.41

Микроэволюция байкальского соболя

Л. И. Федорова¹, И. А. Кайгородова²

¹ *Иркутская государственная сельскохозяйственная академия, Иркутск*

² *Лимнологический институт СО РАН, Иркутск*

E-mail: ludiko@list.ru

Аннотация. В последнее время в Прибайкалье возросло число добываемых соболей со светлой окраской опушения, что ставит вопрос о выявлении причин «осветления» коренных более ценных тёмных форм этого вида. Филогеографический анализ популяций соболя из основных промысловых районов Иркутской области и Приморского края выявил их генетическую близость, возникшую, скорее всего, в результате интрогрессии в период реинтродукции на территории Приморского края.

Ключевые слова: Популяционный анализ, филогеография, *Martes zibellina*, Прибайкалье.

Введение

В XX в. под воздействием природных и антропогенных факторов ареал соболя *Martes zibellina* L. был разделён на ряд изолированных популяций [3]. Для восстановления численности и улучшения промысловых качеств соболя как ценного промыслового вида были проведены масштабные мероприятия по расселению особей с высоким качеством меха на территории, где наблюдалось сокращение вида [1; 3]. Наибольшее количество зверьков (63 % от общего числа переселённых) было отловлено для этих целей из Северо-Восточного и Западного Прибайкалья [2; 6]. Аборигенные популяции, почти исчезнувшие на территориях расселения, замещались другими более жизнеспособными особями, и, возможно, проходило их скрещивание. В результате акклиматизационных работ соболи из некоторых популяций потеряли свою первичную окраску и морфологические признаки [5].

За последние годы на территории Прибайкалья, где исконно обитал самый ценный соболь, отмечено колебание окраски опушения, направленное в сторону осветления. Для выявления закономерностей и причин этого явления могут быть полезны современные методы молекулярно-генетического анализа. В настоящее время генетическая структура природных популяций сибирского соболя изучена фрагментарно [4], а на территории Иркутской области практически не изучена. Цель нашей работы состоит в исследовании микроэволюционных процессов в популяциях соболя Прибайкальского региона с использованием методов молекулярной генетики.

Материалы и методы

Сбор биологического материала проводился в 2012–2013 гг. на территории Иркутской области (Киренский и Казачинско-Ленский районы) и Приморского края (Тернейский район).

Молекулярный анализ. ДНК экстрагировали из мозговой ткани животных цетавлоном, следуя слегка модифицированной классической методике [9]. Фрагмент гена mtCOI длиной 710 н. п. амплифицировали, используя пару универсальных праймеров [8]. Секвенирование ПЦР-продуктов проводили на базе ЦКП «Геномика» (г. Новосибирск).

Филогенетический анализ. Для редактирования нуклеотидных последовательностей использовали программу BioEdit [10]. Выравнивание выполнено с помощью программы CLUSTAL W v. 2.0. [7]. В качестве группы сравнения были использованы три гомологичные последовательности других представителей рода куньих из международной базы генетических данных NCBI: две от американской куницы *M. americana* и одна от лесной куницы *M. martes*. Для анализа филогенетических отношений и определения генетических дистанций использовали пакет программ MEGA v. 5.2 [11].

Результаты и обсуждение

В результате молекулярного анализа получена 21 нуклеотидная последовательность митохондриального гена COI соболей, отловленных в Иркутской области и в Приморском крае. Длина прочитанного фрагмента составила 680 н. п. Гомологичные последовательности из международного банка данных, принадлежащие близкородственным видам куньих *M. martes* (GQ901979) и *M. americana* (JF443265 и JF443263), использованы в качестве аутгруппы. В качестве наиболее подходящей для данной выборки последовательностей выбрана модель молекулярной эволюции K2 + G + I (Kimura 2-parameter + gamma distribution + invariability of sites), которая была использована для построения филогенетического дерева. Как показал последующий анализ, максимально правдоподобное филогенетическое дерево имеет стабильную топологию и значительную статистическую достоверность основных узлов ветвления, о чём свидетельствуют высокие значения бутстрепных индексов (рис.).

Выведенная с помощью специализированной компьютерной программы филогенетическая схема наглядно демонстрирует эволюционные связи внутри исследуемой группы. Как видно на рисунке, нуклеотидная последовательность лесной куницы *M. martes* достоверно ближе к *M. zibellina*, чем последовательности американской куницы *M. americana*. Исследуемая группа молекулярных данных собственно соболей разделилась на две ветви. Одну ветвь составили особи из дальневосточной популяции и соболи из Киренского района Иркутской области, генетические расстояния между которыми близки к нулю. Другую ветвь формируют преимущественно восточносибирские соболи.

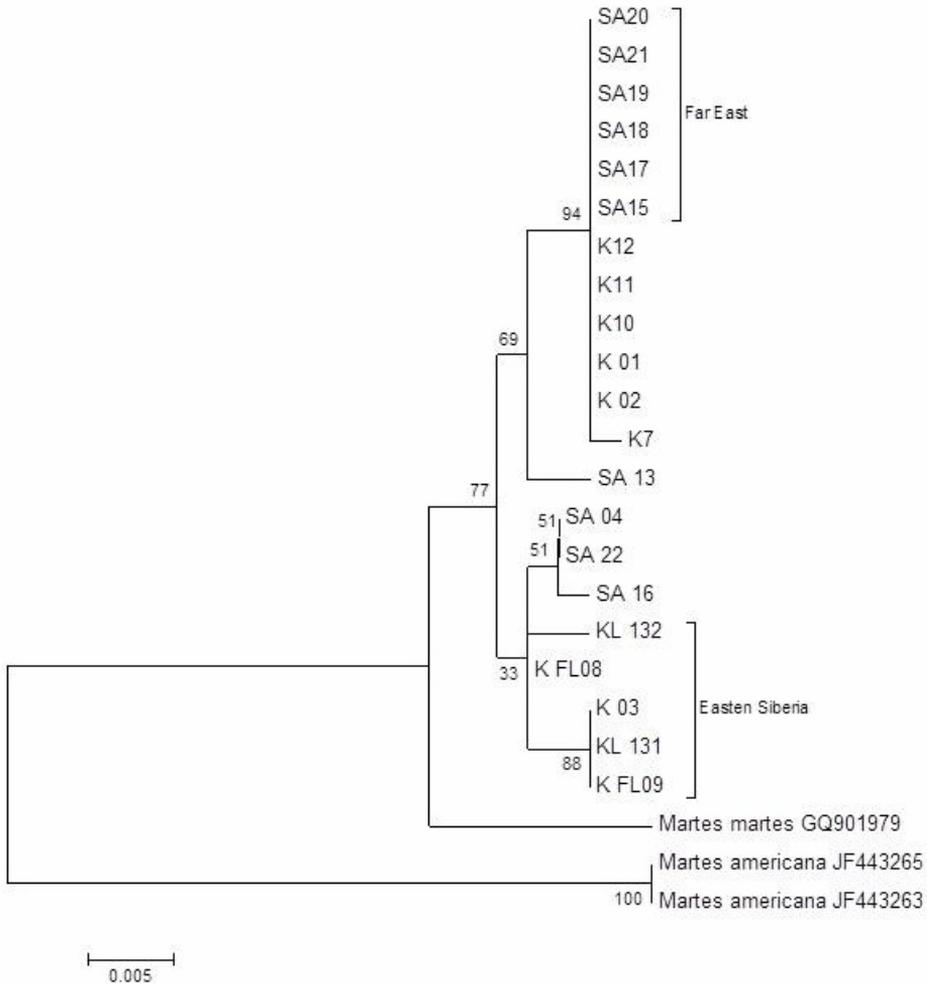


Рис. Филогенетические взаимоотношения популяций соболя *Martes zibellina* L. на основе сравнения фрагментов гена mtCOI. Цифры в узлах ветвления означают бутстреп-поддержки (500 реплик)

Однако внутривидовую подразделённость байкальского соболя выявить не удалось. Две особи из Казачинско-Ленского района, не образуя отдельной ветви, кластеризуются внутри группы киренских соболей. Возможно, причиной послужило недостаточное количество имеющегося в нашем распоряжении материала из этой популяции. Кроме того, шесть последовательностей киренских соболей, как оказалось, практически идентичны (0,3 % нуклеотидных замен) теренейским, поэтому на древе они с вероятностью в 94 % образуют единую гладкую ветвь. Наблюдаемая филогенетическая близость дальневосточных и восточносибирских популяций возникла, скорее всего, в результате интрогрессии в период проведения мероприятий по реинтродукции соболя на территорию Дальнего Востока.

Авторы выражают благодарность А. В. Кондратову, В. В. Тараканову и Н. Н. Деникиной за помощь в сборе материала.

Список литературы

1. Акклиматизация охотничье-промысловых зверей и птиц в СССР / М. П. Павлов [и др.]. – Киров, 1973 – 536 с.
2. Бакеев Н. Н. Соболь, куницы, харза / Н. Н. Бакеев, В. В. Тимофеев. – М. : Наука, 1973. – С. 16–24.
3. Бакеев Н. Н. Соболь / Н. Н. Бакеев, Г. И. Монахов, А. А. Синицин. – Киров ; Вятка, 2003. – 336 с.
4. Изменение митохондриального генома domestифицированного соболя (*Martes zibellina*) / Б. В. Андрианов [и др.] // Генетика. – 2012. – Т. 48(4). – С. 529–541.
5. Ранюк М. Н. Изменчивость краниологических признаков в популяциях соболя (*Martes zibellina*), возникших в результате акклиматизации / М. Н. Ранюк, В. Г. Монахов // Зоол. журн. – 2011. – Т. 90(1). – С. 82–96.
6. Тимофеев В. В. Соболь / В. В. Тимофеев, М. П. Павлов // Акклиматизация охотничье-промысловых зверей и птиц в СССР. – Киров, 1973. – Ч. 1. – С. 51–105.
7. Clustal W and Clustal X version 2.0 / M. A. Larkin [et al.] // Bioinformatics. – 2007. – Vol. 23. – P. 2947–2948.
8. DNA primer for amplification of mitochondrial cytochrome C oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates / O. Folmer [et al.] // Mol. Mar. Biol. Biotech. – 1994. – Vol. 3. – P. 294–299.
9. Doyle J. Preservation of plant samples for DNA restriction endonuclease analysis / J. Doyle, E. Dickson // Taxon. – 1987. – Vol. 36. – P. 715–722.
10. Hall T. A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT / T. A. Hall // Nucl. Acids. Symp. Ser. – 1999. – Vol. 41. – P. 95–98.
11. MEGA 5.2: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods / K. Tamura [et al.] // Mol. Biol. Evol. – 2011. – Vol. 28. – P. 2731–2739.

Microevolution of Baikal Sable *Martes zibellina*

L. I. Fedorova¹, I. A. Kaygorodova²

¹ Irkutsk State Agricultural Academy, Irkutsk

² Limnological Institute SB RAS, Irkutsk

Abstract. During last 20 years production of light color sables was increased in the Irkutsk region. It raises a question of revealing the reason of «lightening» of indigenous dark sable forms. Phylogeographic analysis of sable populations from the main commercial areas of the Irkutsk region and the Far East showed the lack of genetic variability that could arise as a result of introgression during the re-introduction activities in the Far East.

Keywords: population analysis, phylogeography, *Martes zibellina*, Pribaikalie.

Федорова Людмила Ивановна
магистрант
Иркутская государственная
сельскохозяйственная академия
664007, г. Иркутск, ул. Тимирязева, 59
тел.: (3952) 29–06–60
e-mail: ludiko@list.ru

Fedorova Lyudmila Ivanovna
Undergraduate Student
Irkutsk State Agricultural Academy
59, Timiryazev st., Irkutsk, 664007
tel.: (3952) 29–06–60
e-mail: ludiko@list.ru

Кайгородова Ирина Александровна
кандидат биологических наук
старший научный сотрудник
Лимнологический институт СО РАН
664033, г. Иркутск, ул. Улан-Баторская, 3
тел.: (3952) 42–29–23
e-mail: irina@lin.irk.ru

Kaygorodova Irina Aleksandrovna
Candidate of Sciences (Biology)
Senior Research Scientist
Limnological Institute SB RAS
3, Ulan-Batorskaya st., Irkutsk, 664033
tel.: (3952) 42–29–23
e-mail: irina@lin.irk.ru