



МЛЕКОПИТАЮЩИЕ РОССИИ: ФАУНИСТИКА И ВОПРОСЫ ТЕРИОГЕОГРАФИИ

Материалы
конференции

17–19 апреля 2019 г.
г. Ростов–на–Дону

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/mlekopitause-rossii-faunistika-i-voprosy-teriogeografii>

«Mammals of Russia: faunistics and zoogeographical issues». Rostov-on-Don. April 17–19, 2019. M.: KMK Scientific Press. 336 pp.

Proceedings of the conference «Mammals of Russia: faunistics and zoogeographical issues». The main focus of the conference is study of the spatial, temporal and genetic structure of mammalian species from the Russian fauna list. Solution of these fundamental questions is linked to the study of the fauna composition and taxonomic structure of species. The main issues are: targeted collection and accessible storage of initial information; identification of species in morphologically homogeneous groups of animals; investigation of the spatial and temporal distribution of animals using modern methods; study of population genetic diversity; study of the role of introduction in the formation of local fauna.

The conference is supported by the Russian Foundation for Basic Research,
project No. 19-04-20088

Conference page:
<http://sev-in.ru/ru/mlekopitause-rossii-faunistika-i-voprosy-teriogeografii>

ISBN 978-5-907099-91-3

© ИПЭЭ им. А.Н.Северцова РАН, 2019.

© ЮНЦ РАН, 2019.

© Тов-во научных изданий КМК, 2019.

**ГЕНЕТИЧЕСКОЕ И МОРФОЛОГИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ
МОГЕР ДАЛЬНОГО ВОСТОКА
(TALPOMORPHA, TALPIDAE, *MOGERA*)**

**Е.Д. Землемерова^{1,2}, А.В. Абрамов³, А.П. Крюков⁴, В.С. Лебедев⁵,
М.-С. Мин⁶, С.-Дж. Ли⁶, А.А. Банникова²**

¹Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва

²Биологический факультет Московского государственного университета
имени М.В.Ломоносова, Москва

³Зоологический институт Российской академии наук (ЗИН РАН), Санкт-Петербург

⁴Дальневосточное отделение Российской академии наук (ДВО РАН)

⁵Зоологический музей МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва

⁶Научно-исследовательский институт ветеринарии, Колледж ветеринарной медицины,

Сеульский национальный университет, г. Сеул

zemlemerovalena@ya.ru

Одна из давних нерешенных проблем систематики могоер (Talpidae, *Mogera* spp.) – это взаимоотношения уссурийской (*Mogera robusta*) и японской (*M. wogura*) могоер и таксономический статус первой формы. Одни авторы рассматривают уссурийскую могоеру как подвид *M. wogura* (Abe, 1995; Hutterer, 2005; He et al., 2014), другие считают их разными видами (Строганов, 1948; Охотина, 1966; Corbet, 1978; Ohdachi et al., 2009). Видоспецифичность *M. robusta* утверждается на основании крупных размеров, структурных деталей слуховых косточек, одонтологических признаков (Строганов, 1948), различий в окраске меха, особенностей строения наружных гениталий самцов и наличия прианальных желез, отсутствующих у японской могоеры (Охотина, 1966). Многие авторы считали, что на Дальнем Востоке обитают оба этих вида – большую часть Приморья населяет *M. robusta*, тогда как *M. wogura* встречается на юге Хасанского района Приморского края и в Корее (Строганов, 1948; Охотина, 1966; Юдин, 1989).

Оригинальным материалом для молекулярно-генетического исследования послужили 92 экз. *M. robusta* из Приморья и 13 экз. формы «*coreana*» (образцы из Южной Кореи), также был использован материал из ГенБанка. Были проанализированы последовательности митохондриального гена цитохрома *b* (*cytb*) и экзоны 12 ядерных генов: *RAG1* – ген рекомбинационной активности, *BRCA1* – 11 экзон гена рака молочной железы 1, *BRCA2* – 11 экзон гена рака молочной железы 2, *ApoB* – ген аполипротеина Б, *A2ab* – ген α -2 Б адренергического рецептора, *ADRB2* – ген адренорецептора β -2, *BCHE* – ген бутирилхолинэстеразы, *DMP1* – ген дентин матричного протеина 1, *ENAM* – ген энамелина, *GHR* – 10 экзон гена рецептора гормона роста, *TTN* – ген титина, *vWF* – ген фактора фон Виллебранда. K2P-генетические дистанции между видами и внутривидовыми группировками рассчитаны в программах пакета MEGA7. Реконструкция филогенетических деревьев была выполнена с помощью двух широко используемых алгоритмов: максимального правдоподобия (ML) и байесовского анализа (BI). Реконструкции ML-деревьев предварялись определением оптимальной модели эволюции последовательности с помо-

шью программы PartitionFinder v.1.0. на основе критерия BIC. Для проверки устойчивости клад использовалась процедура бутстрэп с 1000 псевдорепликами. Времена дивергенций были рассчитаны в программе BEAST v. 1.8.4.

Для выявления возможных кариологических различий между популяциями был проведен цитогенетический анализ девяти могер из разных районов Приморья. Препараты хромосом окрашивали на стеклах в красителе Гимза или Q-Н-бэндингом.

Морфологический анализ был проведен для представителей рода *Mogera* из восьми локалитетов, всего исследовано 352 черепа. В анализе было использовано семь краниологических промера (GLS, PL, I¹-M³, C-M³, RB, Pm₁-M₃, BAM). Полученные данные были обработаны методом главных компонент (PCA) в программе Statistica 8.0. Были проанализированы только взрослые (1–2 года) особи, самцы и самки анализировались раздельно.

Проведенный молекулярно-генетический анализ по мДНК выявил четыре группировки с высоким уровнем поддержки: три – с Японских островов (Кинки-Токаи, Чугоку-Сикоку и Кюсю) и одна континентальная группировка (Приморье, Китай и Южная Корея). Генетические дистанции между континентальной группировкой и группировками из Японии достигают ~ 6%. Генетические дистанции между образцами континентальной группировки составляют ~ 0.1–0.2%.

Для детального анализа взаимоотношений гаплотипов могер континентальной группы была построена сеть гаплотипов, на которой выделяются два центральных гаплотипа, остальные образцы группируются вокруг них и отличаются на 1–3 замены. Образцы из южной и северной частей Хасанского района не имеют общих гаплотипов с другими образцами Приморья. Результаты анализа «Mismatch distribution» указывают на недавнюю демографическую экспансию в популяциях могер Приморья.

Мы заново провели выделение и амплификацию мДНК для образца из Уссурийского заповедника (#AB037647), который ранее в статье Тсучиа с соавторами (Tsuchiya et al., 2000) формировал отдельную группу «континент-2». Полученная новая последовательность (1140 п.н.) группируется с другими континентальными образцами и не образует отдельной группы.

Сиквенсы экземпляров из коллекции М.В. Охотиной в ЗИН РАН, которые значатся как «*M. wogura*», не отличались от остальных приморских образцов. Полученные фрагменты были аналогичны (K2P ~ 0.1%) соответствующим частям полной последовательности *cytb M. robusta* с Дальнего Востока, включая все диагностические замены, которые отличают континентальную популяцию от островных.

По результатам анализа конкатенированной последовательности 12 ядерных генов могеры из Приморья, Китая и Южной Кореи группируются вместе (рис. 1). Образцы из Южной Кореи занимают базальное положение относительно остальных континентальных образцов.

Время разделения *M. robusta* и *M. wogura* составляет около 0.64 млн. л.н. (0.30–1.0 млн. л.н.), что соответствует среднему плейстоцену. Время разделения *M. robusta* на две подгруппы соответствует верхнему плейстоцену ~ 0.10 млн. л.н. (0.04–0.18 млн. л.н.).

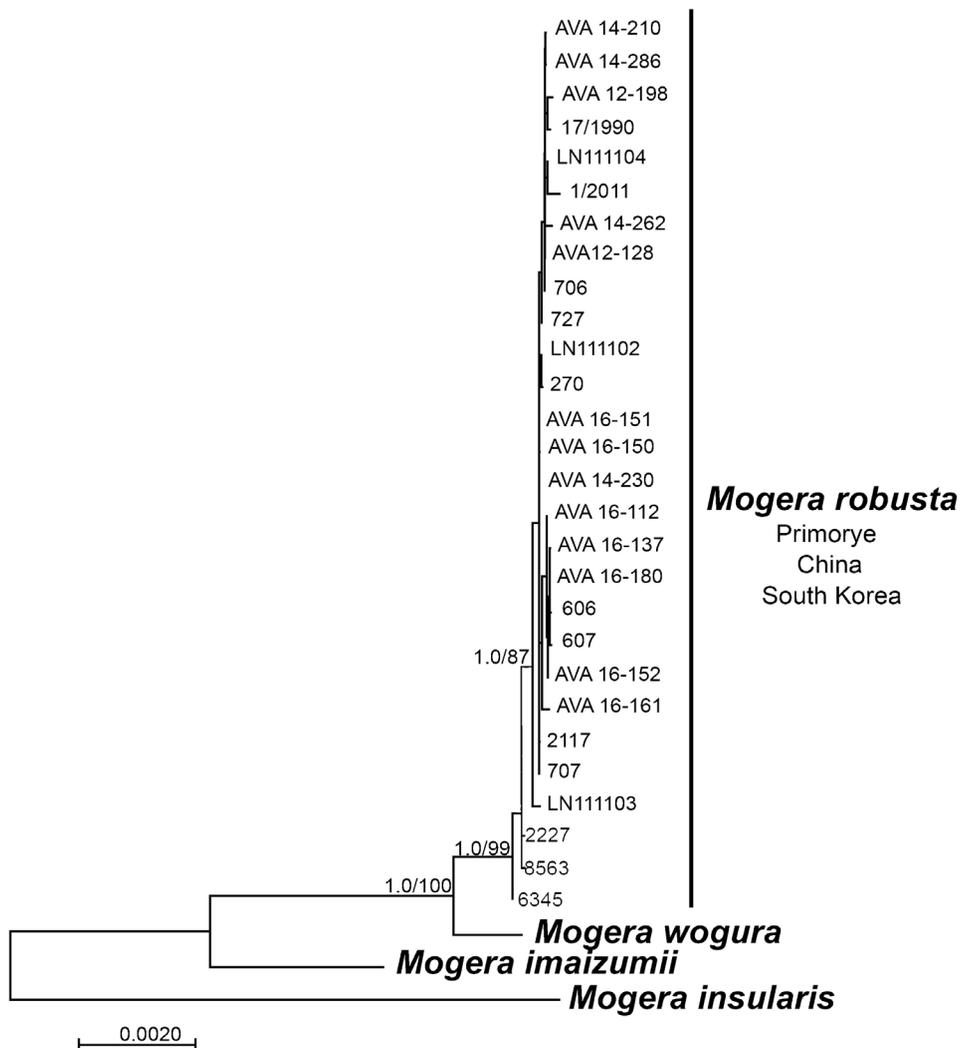


Рис. 1. ML дерево комбинированной последовательности 12 ядерных генов. Числа вблизи узлов дерева – апостериорные вероятности в Байесовом анализе (BI) и бутстрэп-поддержки в ML-анализе.

В кариотипе исследованных уссурийских могоер *M. robusta* $2n=36$; $NFa=58$. Структура хромосом была следующей: 5 М, 4 СМ, 3 СТ и 5 А. X-хромосома – субметацентрическая, а Y-хромосома – небольшая акроцентрическая. Все изученные кариотипы были одинаковы, в том числе и у образца из южной части Хасанского района. В кариотипе *M. wogura* из Японии $2n=36$; $NFa=52$ (Kawada et al., 2001).

Морфологический анализ (рис. 2) показал, что все экземпляры с юга Хасанского района группируются вместе с образцами из остальных районов

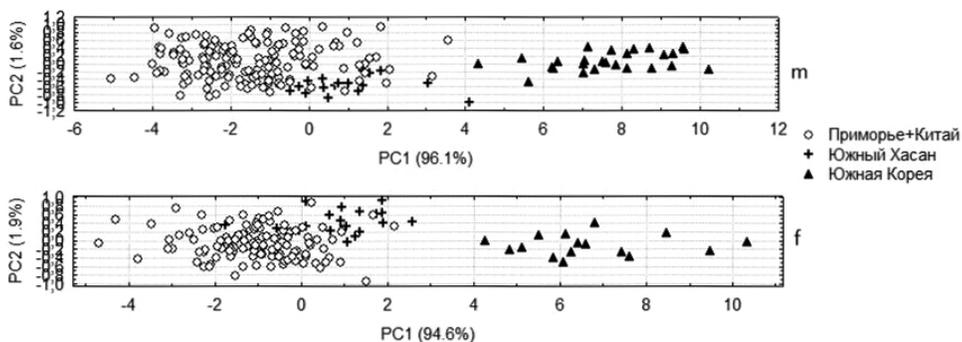


Рис. 2. Результаты морфологического анализа методом главных компонент (PCA).
f – самки, m – самцы.

Приморья и северо-восточного Китая и заметно отличаются от могер из Южной Кореи. Такое разделение на группы наблюдается как у самцов, так и у самок. Значительная морфологическая изменчивость среди континентальных могер может быть связана с экологическими и географическими факторами.

Наши данные свидетельствуют, что уссурийскую (*M. robusta*) и японскую (*M. wogura*) могер следует рассматривать как отдельные виды. Полученные результаты не подтверждают присутствия *M. wogura* на континенте: данный вид обитает только на Японских островах. Существует значительная генетическая разница между континентальными и японскими могоерами на видовом уровне, что следует из анализа двенадцати ядерных генов, одного митохондриального гена и кариотипов. По молекулярным и кариологическим данным различий между могоерами из Приморья и Корейского полуострова не выявлено. Исходя из краниометрических различий, популяции из Приморья и Кореи следует рассматривать как отдельные подвиды, *M. r. robusta* и *M. r. coreana*, соответственно. Для анализа экогеографических закономерностей морфологической изменчивости у континентальных могер необходимо исследование дополнительных материалов из северной части Корейского полуострова и северо-восточного Китая.

Работа выполнена при поддержке грантов РФФИ 16-04-00085, 17-04-00065a и 16-34-00635 мол_а, программы “Дальний Восток” для Дальневосточного отделения РАН проект 0267-2018-0004 и при поддержке ИПЭЭ РАН проекта АААА-А18-118042490058-8.

Литература

- Охотина М.В. Дальневосточный крот и его промысел. Москва: Наука, 1966. 135 с.
- Строганов С.У. Систематика кротовых (Talpidae) // Труды Зоологического института. 1948. Т. 8. № 2. С. 353–389.
- Юдин Б.С. Насекомоядные млекопитающие Сибири. Новосибирск: Наука, 1989. 360 с.
- Abe H. Revision of the Asian moles of the genus *Mogera* // J. Mammalogical Society of Japan. 1995. V. 20. P. 51–68.
- Corbet G. B. The mammals of the Palaearctic region: a taxonomic review. British Museum (Natural History): Cornell University Press, 1978.
- He K., Shinohara A., Jiang X-L., & Campbell K.L. Multilocus phylogeny of talpine moles (Talpini, Talpidae, Eulipotyphla) and its implications for systematics // Molecular Phylogenetics and Evolution. 2014. V. 70. P. 513–521.
- Hutterer R. Order Soricomorpha. In: Wilson D.E., Reeder D.M, eds. Mammal Species of the World, 3rd edn, (pp. 220–311). Baltimore: Johns Hopkins University Press, 2005.
- Kawada S.I., Harada M., Obara Y., Kobayashi S., Koyasu K. & Oda S.I. Karyosystematic analysis of Japanese talpine moles in the genera *Euroscaptor* and *Mogera* (Insectivora, Talpidae) // Zoological Science. 2001. V.18. P.1003–1010.
- Ohdachi S. D., Ishibashi Y., Iwasa M. A. & Saitoh T. (Eds.). The wild mammals of Japan. Kyoto: Shoukadoh Book Sellers, 2009.
- Tsuchiya K., Suzuki H., Shinohara A., Harada M., Wakana S., Sakaizumi M., Han S.-H., Lin L.-K. & Kryukov A. Molecular phylogeny of East Asian moles inferred from the sequence variation of the mitochondrial cytochrome b gene // Genes & Genetic Systems. 2000. V. 75. P. 17–24.