

УДК 599.325.2:575.17(571.6)

И.В. КАРТАВЦЕВА, И.Н. ШЕРЕМЕТЬЕВА, В.Ю. ГУСЬКОВ, А.А. ВАКУРИН,  
Е.В. КУМАКШЕВА, Л.В. ФРИСМАН

## К уточнению таксономического положения северной пищухи *Ochotona hyperborea* Сихотэ-Алиня

С привлечением методов генетического анализа исследовано таксономическое положение пищухи *Ochotona hyperborea* из популяций центрального Сихотэ-Алиня и южных отрогов Буреинского хребта. Показана подвиговая самостоятельность каждой из исследованных популяций и генетическая близость пищух Сихотэ-Алиня и островов Сахалин и Хоккайдо.

Ключевые слова: пищуха, *Ochotona hyperborea*, митохондриальная ДНК, филогения, внутривидовая таксономия, хромосомы, Сихотэ-Алинь.

**Taxonomic status of northern pika (*Ochotona hyperborea*) from the Sikhote-Alin.** I.V. KARTAVTSEVA, I.N. SHEREMETYEVA, V.Yu. GUS'KOV, A.A. VAKURIN (Institute of Biology and Soil Science, FEB RAS, Vladivostok), E.V. KUMAKSHEVA (Research Institute of Epidemiology and Microbiology, Siberian Branch of Russian Academy of Medical Science, Vladivostok), L.V. FRISMAN (Institute of Complex Analysis of Regional Problems, FEB RAS, Birobidzhan).

*Taxonomical position of northern pika (*Ochotona hyperborea*) from the Central Sikhote-Alin and southern part of the Bureinsky ridge by genetic analyses was investigated. Subspecies independence of each of the investigated populations and genetic of the Sikhote-Alin animals with pikas from the Sakhalin and the Hokkaido islands was shown.*

*Key words: pika, *Ochotona hyperborea*, mitochondrial DNA, phylogeny, interspecies taxonomy, chromosomes, Sikhote-Alin.*

### Введение

Хребет Сихотэ-Алинь расположен южной и центральной частями в Приморском крае, северной – в Хабаровском крае. Видовой состав растений и животных здесь уникален. Наличие в современной флоре Приморья, Приамурья и Сахалина реликтов третичной флоры указывает на то, что они пережили эпохи оледенений в наиболее благоприятных местообитаниях (рефугиумах) и расселялись отсюда в периоды межледниковий. Выживали и распространялись также животные. Данные молекулярно-генетических исследований подтвердили наличие рефугиума на территории Приморского края для ряда

\*КАРТАВЦЕВА Ирина Васильевна – доктор биологических наук, главный научный сотрудник, ШЕРЕМЕТЬЕВА Ирина Николаевна – кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, ГУСЬКОВ Валентин Юрьевич – аспирант, ВАКУРИН Алексей Александрович – ведущий инженер, (Биолого-почвенный институт ДВО РАН, Владивосток), КУМАКШЕВА Елизавета Владимировна – младший научный сотрудник (Научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Г.П. Сомова СО РАМН, Владивосток), ФРИСМАН Любовь Васильевна, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник (Институт комплексного анализа региональных проблем ДВО РАН, Биробиджан). \*E-mail: irina-kar52@rambler.ru

Работа выполнена при финансовой поддержке грантов Президиума ДВО РАН (проекты 12-П-СО-06-018 и 12-1-П6-02).

видов позвоночных [7], в том числе мелких млекопитающих [22–24]. Однако генетическое разнообразие млекопитающих Сихотэ-Алиня до конца не изучено.

Если таксономический статус крупных видов, таких как медведь, лось, тигр, не вызывает сомнения, то систематика мелких млекопитающих, таких как зайцы, пищухи, белки, мыши, полевки, землеройки, летучие мыши, почти во всех таксонах все еще находится в состоянии ревизии. Поэтому те списки видов, которые можно найти в настоящее время, не являются полными.

Данная работа, опирающаяся на результаты генетического анализа, посвящена выяснению таксономического статуса одного из слабо изученных таксонов мелких млекопитающих – северной пищухи *Ochotona hyperborea* Pallas, 1811.

Северная пищуха принадлежит семейству Пищуховые Ochotonidae Thomas, 1897, отряду Зайцеобразные Lagomorpha Brandt, 1855 [11]. На территории Дальнего Востока России данный вид распространен в районах горных систем от Чукотского полуострова до южных отрогов хр. Сихотэ-Алинь в Приморском крае и на о-ве Сахалин [10]. Пищуха предпочитает каменистые россыпи как открытых горных склонов, так и покрытых лесом и кустарником. Относительно недавно этот вид был выделен из вида альпийской пищухи *O. alpina* Pallas 1773. Так как для данного семейства число хромосом является хорошим дифференцирующим видов признаком [4, 5], различия в числе хромосом *O. alpina* ( $2n = 42$ ) и *O. hyperborea* ( $2n = 40$ ) [1] явились надежным подтверждением их видовой самостоятельности. Затем, на основании морфологических и молекулярно-генетических исследований особей *O. hyperborea* из Сибири, Забайкалья и Монголии, три подвида были подняты до видового ранга – *O. turuchanensis* Naumov, 1932, *O. mantchurica* Thomas, 1909, *O. hoffmanni* Formozov et al., 1996 [13, 14, 16, 20, 21]. В настоящее время все пять морфологически слабо различимых видов входят в группу *alpina-hyperborea*. По данным акустического анализа (звуковой диапазон сигналов) пищух *O. hyperborea* разделили на три географические расы: северную, южную и восточную (рис. 1). Пищухи Дальнего Востока вошли в северную и восточную расы [8, 9, 20].

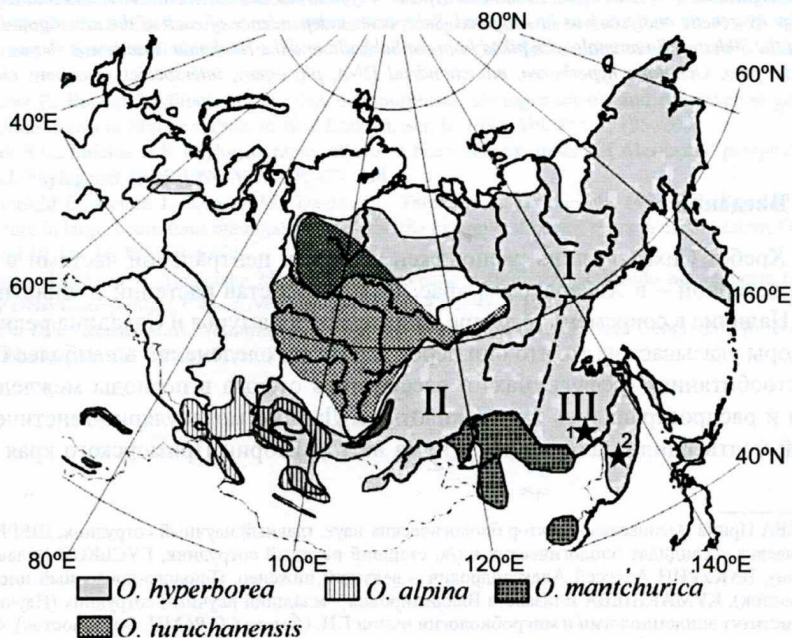


Рис. 1. Ареалы пищух группы видов *alpina-hyperborea*. Штриховой линией обозначены границы «акустических» рас *O. hyperborea* – северная (I), южная (II) и восточная (III) (по: [20]). Звездочки – точки отлова: 1 – южные отроги Буреинского хребта (заповедник «Бастак»), 2 – центральный Сихотэ-Алинь

Согласно последним исследованиям, на Сихотэ-Алине обитает северная пищуха *O. hyperborea*, принадлежащая к северной расе. Впервые с территории материковой части юга Дальнего Востока России методами молекулярного анализа была исследована одна самка этого вида с Буреинского хребта, основной массив которого расположен в Хабаровском крае [15]. Предположительно, эта пищуха была отловлена из популяции, обитающей на южных отрогах, в зоне государственного заповедника «Бастак» в Еврейской автономной области (ЕАО). Анализ гомологичных участков контрольного региона митохондриальной ДНК (мтДНК) исследованной самки в сравнении с пищухами о-ва Сахалин и материковой популяции из Северной Кореи показал их генетическое сходство и принадлежность всех изученных особей к одному виду – *O. hyperborea* [15]. Пищух из этих трех географических регионов многие исследователи относят к самостоятельным подвидам: *O. h. yoshikurai* Kishida, 1932 (о-в Сахалин, центральная часть), *O. h. coreana* Allen et Andrews, 1913 (Северная Корея) и *O. h. cinereo-flava* Schrenk, 1858 (Хабаровский край, Тугуро-Чумиканский район) [3, 12]. Однако пищуху с Буреинского хребта, для которой исследована мтДНК, отнести к последнему подвиду можно лишь условно, так как из мест описания подвида данных молекулярно-генетического анализа нет. К этому подвиду, как правило, относят пищух, распространенных на западном и северном побережье Охотского моря и в центральной Якутии [3].

Последующие исследования особенностей мтДНК двух генов – цитохрома *b* (*cyt b*) и цитохрома оксидазы I (*CoI*) – северной пищухи из Амурской области (Зейского заповедника) и нескольких регионов Дальнего Востока показали наличие двух хорошо дифференцированных клад – северной и южной [20].

Данные хромосомного исследования и молекулярно-генетического анализа гена (*CoI*) мтДНК пищухи из популяции южных отрогов Буреинского хребта (заповедник «Бастак») показали ее принадлежность виду *O. hyperborea* и близость к особям того же вида из популяций островов Сахалин и Хоккайдо [17].

Однако исследования эти были предварительные, и характер отличий пищух материковых популяций от островных не был показан. Подвидовой статус пищух Буреинского хребта остался неопределенным, а пищух в Приморском крае – вовсе неисследованным.

Настоящая работа продолжает изучение молекулярно-генетической изменчивости северной пищухи из центрального Сихотэ-Алиня на территории юга Дальнего Востока России. Нами был проанализирован ген цитохрома *b* мтДНК пищух из популяций центрального Сихотэ-Алиня. Для определения генетических дистанций, которые могут указывать на различия популяционного, подвидового или видового уровня [6], нами исследованы пищухи южных отрогов Буреинского хребта.

### Материалы и методы

В работе использованы шесть образцов тканей северной пищухи *Ochotona hyperborea* с юга Дальнего Востока России (рис. 1):

1. Еврейская АО, Государственный заповедник «Бастак», 70 км от южных отрогов Буреинского хребта (48°58' N, 132°48' E). Животные № 2993, 2997 отловлены осенью 2011 г. из одной популяции на заболоченном участке долины р. Бира. Эти же особи были использованы при исследовании гена субъединицы цитохром *c* оксидазы I (*COI*) мтДНК и для хромосомного анализа [7, 25].

2. Приморский край, Красноармейский район, 60 км к СВ от с. Мельничное (45°40' N, 132°59' E). Животные № 3241, 3242, 3243 отловлены в лесных завалах тайги в декабре 2011 г. и № 3779 – в феврале 2012 г. Пищухи принадлежали к двум небольшим семьям, обитающим на расстоянии примерно 100 м друг от друга. Место отлова расположено в 2–3 км от западной границы биосферного заповедника «Сихотэ-Алинский». Кариотипированы не были.

Выделение ДНК осуществляли стандартным методом экстракции фенол-хлороформом из фиксированных 95%-м спиртом тканей. Фрагмент цитохрома *b* (1140 пн) амплифицирован методом полимеразной цепной реакции с использованием прямого L10ch (5'-GTATGTCATAATCTTACATGGA-3') и обратного H1 (5'-ATTTTCAGCTTTG-GGTGCTG-3') праймеров. Амплификацию проводили в 25 мкл реакционной смеси, включавшей 1–2 мкг тотальной ДНК, 2,5 мкл 10× буфера (СибЭнзим, г. Новосибирск), 1 мкл 20 мМ смеси dNTPs, 0,5 мкл каждого праймера, 3 ед. Taq-полимеразы (СибЭнзим, г. Новосибирск) и деионизированную воду. ПЦР-реакцию проводили по следующей схеме: начальная денатурация ДНК (94 °С – 120 с), 40 циклов амплификации (94 °С – 10 с, 56 °С – 10 с, 72 °С – 60 с) и достройка цепей (72 °С – 420 с). Продукты амплификации подвергали циклическому секвенированию с помощью набора Big Dye Terminator версия 3.1 (Applied Biosystems, США), с использованием прямого и обратного праймеров при следующих условиях: начальная денатурация ДНК (96 °С – 60 с), 25 циклов амплификации (96 °С – 30 с, 50 °С – 10 с, 60 °С – 240 с). Последовательности нуклеотидов определяли на автоматическом секвенаторе ABI Prizm 3130 (Applied Biosystems, США) в Биолого-почвенном институте ДВО РАН (г. Владивосток).

Редактирование и выравнивание полученных последовательностей проводили с помощью программы BioEdit 7.0.9.0. Помимо собственных данных в работе использованы последовательности гомологичного участка цитохрома *b* мтДНК северной пищухи *O. hyperborea*, хранящиеся в базе данных Genbank/NCBI под номерами: EU549744–EU549746 [19]; EF567053, EF567054; HM366943, HM366944; AB053257; EF567057 [21], а также последовательности цитохрома *b* мтДНК маньчжурской пищухи *O. mantchurica*, хранящиеся в базе данных Genbank/NCBI под номером EF567058 [21], и альпийской пищухи *O. alpina* – под номерами EF567055 [21]; HM346527, HM3465278 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucscore/HM346527>).

Филогенетические реконструкции выполнены с использованием метода «максимального правдоподобия» (ML), устойчивость порядка кластеризации оценивали с помощью бутстрэп-анализа (1000 повторностей). Выбор модели построения филогенетических реконструкций и расчет генетических дистанций осуществляли с помощью программы MEGA 5.1.

Хромосомные препараты готовили в полевых условиях по общепринятой методике кратковременной культуры клеток костного мозга, взятого из бедренной кости [2]. Метафазные хромосомы анализировали на световом микроскопе AxioSkop 40. Фотоснимки получены на цифровой камере AxioCamHR при помощи программы AXIOVISION 4.7 (Carl Zeiss MicroImaging GmbH, Германия). Работа выполнена на оборудовании микроскопной лаборатории в центре коллективного пользования «Биотехнология и генетическая инженерия» БПИ ДВО РАН.

### Результаты и обсуждение

Анализ гена цитохрома *b* мтДНК показал разделение всех северных пищух, вовлеченных в анализ в данной работе, на две филогруппы – «северную» и «восточную» (см. таблицу, рис. 2). Генетическая дистанция между этими филогруппами составила  $0,0463 \pm 0,0044$ , что в 1,5–2 раза меньше, чем дистанции между видами *O. alpina* / *O. hyperborea*, *O. mantchurica* / *O. Hyperborea*:  $0,0896 \pm 0,0085$  и  $0,0744 \pm 0,0074$  соответственно. В свою очередь внутри северной филогруппы видно разделение на западный – *O. h. svatoshi* (Забайкалье) и восточные подвиды – *O. h. kolyomensis* (Якутия, Магаданская обл.) и *O. h. hyperborea* (Чукотка). Это разделение соответствует ранее выделенным «акустическим» расам [20]: южной (*O. h. svatoshi*) и северной (*O. h. kolyomensis* и *O. h. hyperborea*). Дистанция между особями восточных подвидов (*O. h. kolyomensis* и *O. h. hyperborea*) северной пищухи ( $0,0169 \pm 0,0035$ ) более чем в 2 раза меньше, чем дистанция между восточными и западным



Такие дистанции сопоставимы с дистанцией между популяциями пищух островов Сахалин и Хоккайдо –  $0,0236 \pm 0,0046$ . Полученные данные могут свидетельствовать в пользу того, что пищухи Сихотэ-Алиня обладают признаками самостоятельного подвидового уровня и нуждаются в дальнейших морфологических исследованиях.

Особи из заповедника «Бастак» формировали самостоятельный подкластер в восточной филогруппе. Несмотря на то что географическое расстояние между местами отлова особей заповедника «Бастак» и центрального Сихотэ-Алиня относительно небольшое (около 400 км), генетическая дистанция между ними даже выше, чем дистанция между западным и восточными подвидами в северной филогруппе, –  $0,0481 \pm 0,0064$ . Такая дистанция соответствует подвидовым группировкам, известным для млекопитающих [6]. Полученные нами данные подтверждают предложенное ранее деление северных пищух на две клады по другим маркерам [15, 20], однако позволяют также сделать вывод о более сложном генетическом подразделении восточной филогруппы.

На примере *O. hyperborea* интересно рассмотреть вопрос о сопоставлении данных по различным методам анализа и признакам. Большинство подвидов, выделенных по морфологическим признакам, хорошо дифференцируются на молекулярно-генетическом уровне. При этом у столь широкоареального вида неизвестна хромосомная изменчивость [5, 16, 18]. Так, не обнаружено различий кариотипов между североуральским изолятом *O. h. uralensis* и магаданскими *O. h. kolymensis* [1]. Недавно кариотипированные нами пищухи из заповедника «Бастак» имеют  $2n = 40$ . Среди аутосом выделено две группы: 11 пар (1 крупная, 6 средних и 4 мелких) мета-субметацентрических (M-Sm) и 8 пар (1 крупная, 2 средних и 5 мелких) субтело-acroцентрических аутосом (St-Ac). X-хромосома субтелоцентрическая средних размеров, Y-хромосома – мелкий акроцентрик. Число двуплечих хромосом, как M-Sm, так и St-Ac морфологии, различными исследователями трактуется неоднозначно, поэтому в хромосомных работах принято приводить не только описание морфологии хромосом, но и раскладку метафазных хромосом. Различия в числе хромосом различной морфологии могут быть дифференцирующим признаком таксономического уровня. Поэтому здесь мы впервые приводим раскладку хромосом (рис. 3) для сравнения полученных нами кариологических данных с ранее опубликованными [17, 25]. Так, с территории Дальнего Востока исследованы кариотипы двух подвидов: *O. h. kolymensis* из материковой части ареала (Магаданская область) [1, 5] и *O. h. yesoensis* из островной (о-в Хоккайдо, Япония) [9]. Число и морфология хромосом у северных пищух всех исследованных популяций были одинаковыми. Таким образом, географической изменчивости кариотипов *O. hyperborea* на территории Дальнего Востока нами не обнаружено.

Полученные результаты по изменчивости гена цитохрома *b* мтДНК свидетельствуют о принадлежности двух исследованных нами популяций пищух юга Дальнего Востока России к разным подвидам.

Особи северной пищухи из заповедника «Бастак», вероятно, относятся к подвиду *O. h. cinereo-flava*. Для подтверждения этого мнения необходим дополнительный морфологический анализ коллекционного материала. Особи северной пищухи с центрального Сихотэ-Алиня могут быть описаны как самостоятельный подвид. Кроме того, результаты

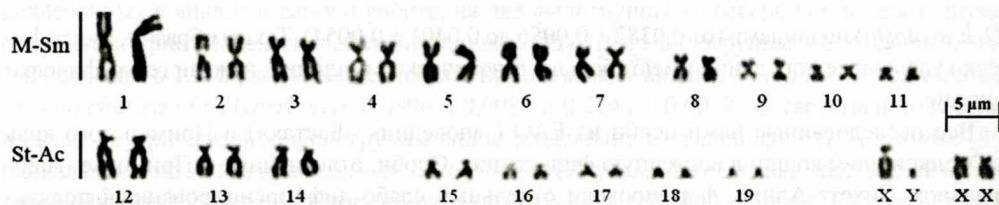


Рис. 3. Кариотип северной пищухи *O. hyperborea* из заповедника «Бастак» (ЕАО) – рутинная окраска: полный набор самца № 2993 и самки № 2997. Группы хромосом по положению центромер: M-Sm – мета-субметацентрические, St-Ac – субтело-acroцентрические

филогенетического анализа говорят о близости пищух популяций Сихотэ-Алиня в Приморском крае и островов Сахалин и Хоккайдо, что позволяет предположить расселение пищух на эти острова с хр. Сихотэ-Алинь, а не с Буреинского хребта.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. Воронцов Н.Н., Иваницкая Е.Ю. Сравнительная кариология пищух (Lagomorpha, Ochotonidae) северной Палеарктики // Зоол. журн. 1973. Т. 52, № 4. С. 584–588.
2. Графодатский А.С., Раджабли С.И. Хромосомы сельскохозяйственных и лабораторных млекопитающих. Новосибирск: Наука, 1988. 128 с.
3. Громов И.М., Ербаева М.А. Млекопитающие фауны России и сопредельных территорий. Зайцеобразные и грызуны. СПб., 1995. 522 с. (Определители по фауне России, изд. Зоол. ин-том РАН; вып. 167).
4. Иваницкая Е.Ю. Опыт применения цитогенетических данных в решении проблем исторической зоогеографии: внутриконтинентальные и межконтинентальные связи пищух (*Ochotona*: Lagomorpha) и землероек-бурозубок (*Sorex*: Insectivora) // Современные подходы к изучению изменчивости. Владивосток: ДВО АН СССР, 1989. С. 74–91.
5. Иваницкая Е.Ю. Сравнительный анализ дифференциально окрашенных хромосом пищух и надвидовая система рода *Ochotona* (Ochotonidae, Lagomorpha) // Вопросы систематики, фаунистики и палеонтологии мелких млекопитающих. Л.: Наука, 1991. С. 110–125. (Тр. Зоол. ин-та АН СССР; т. 243).
6. Картавцев Ю.Ф., Ли Ж.-С. Анализ нуклеотидного разнообразия по генам цитохрома *b* и цитохромоксидазы 1 на популяционном, видовом и родовом уровнях // Генетика. 2006. Т. 42, № 4. С. 437–461.
7. Крюков А.П. Сравнительная филогеография некоторых позвоночных восточной Палеарктики // Вестн. Моск. ун-та. 2010. Сер. 16. Биология. Т. 65, № 4. С. 62–64.
8. Лисовский А.А. Отряд Lagomorpha // Млекопитающие России: систематико-геогр. справ. М.: Т-во науч. изд. КМК, 2012. С. 127–141. (Сб. тр. Зоол. музея МГУ; т. 52).
9. Лисовский А.А. Сравнительный анализ акустического репертуара и изменчивости звуковых сигналов пищух (*Ochotona*, Mammalia) группы *alpina-hyperborea* // Бюл. МОИП. Отд. биол. 2005. Т. 110, вып. 6. С. 12–26.
10. Николаев И.Г. Отряд Lagomorpha – Зайцеобразные // Наземные млекопитающие Дальнего Востока СССР: определитель. М.: Наука, 1984. С. 102–117.
11. Павлинов И.Я., Яхонтов Е.Л., Агаджанян А.К. Млекопитающие Евразии. Т. 1. Rodentia: систематико-геогр. справ. / под ред. О.Л. Россолимо. М.: Изд-во МГУ, 1995. 240 с. (Исследования по фауне).
12. Соколов В.Е., Иваницкая Е.Ю., Груздев В.В., Гептнер В.Г. Млекопитающие России и сопредельных регионов: Зайцеобразные. М.: Наука, 1994. 272 с.
13. Формозов Н.А., Лисовский А.А., Баклушинская И.Ю. Кариологическая диагностика пищух (*Ochotona*, Lagomorpha) плато Путорана // Зоол. журн. 1999. Т. 78, № 5. С. 606–612.
14. Формозов Н.А., Баклушинская И.Ю. Маньчжурская пищуха (*Ochotona mantchurica scorodumovi*) из междуречья Шилки и Аргуни: кариотип и вопросы таксономии пищух Приамурья и прилегающих территорий // Зоол. журн. 2011. Т. 90, № 4. С. 490–497.
15. Формозов Н.А., Григорьева Т.В., Сурин В.Л. Молекулярная систематика пищух подрода *Pika* (*Ochotona*, Lagomorpha) // Зоол. журн. 2006. Т. 85, № 12. С. 1465–1473.
16. Формозов Н.А., Баклушинская И.Ю. О видовом статусе хэнтэйской пищухи (*Ochotona hoffmanni* Formozov et al., 1996) и внесении ее в состав фауны России // Бюл. МОИП. Отд. биол. 1999. Т. 104, вып. 5. С. 68–72.
17. Фрисман Л.В., Картавцева И.В., Лисовский А.А., Шереметьева И.Н., Вакурин А.А., Капитонова Л.В., Аверин А.А. Идентификация видов серых полевок и пищухи в заповеднике «Бастак» // X Дальневосточная конференция по заповедному делу: материалы конф. Благовещенск: Изд-во БГПУ, 2013. С. 313–315.
18. Hayata I., Shimba N. A note on the somatic chromosomes of the Japanese pika, *Ochotona hyperborea yesoensis* Kishida // J. Faculty Sci. Hokkaido Univ. Ser. 6. 1969. Vol. 17, N 2. P. 393–396.
19. Lanier H.C., Olson L.E. Inferring divergence times within pikas (*Ochotona* spp.) using mtDNA and relaxed molecular dating techniques // Mol. Phylogenet. Evol. 2009. Vol. 53. P. 1–12.
20. Lisovsky A.A., Ivanova N.V., Borisenko A.V. Molecular phylogenetics and taxonomy of the subgenus *Pika* (*Ochotona*, Lagomorpha) // J. Mammalogy. 2007. Vol. 88, N 5. P. 1195–1204.
21. Lisovsky A.A., Qisen Yang, Pil'nikov A.E. Taxonomy and distribution of the pikas (*Ochotona*, Lagomorpha) of *alpina-hyperborea* group in North-East China and adjacent territories // Russ. J. Theriology. 2008. Vol. 7, N 1. P. 5–16.
22. Sakka H., Quere J.P., Kartavtseva I.V., Pavlenko M.V., Chelomina G.N., Atopkin D.M., Bogdanov A.S., Michaux J. Comparative phylogeography of four *Apodemus* species (Mammalia: Rodentia) in the Asian Far East: evidence of Quaternary climatic changes in their genetic structure // Biol. J. Linnean Soc. 2010. Vol. 100. P. 797–821.
23. Sato Jun J., Hosoda Tetsuji, Kryukov A.P. et al. Genetic diversity of the sable (*Martes zibellina*, Mustelidae) in Russian Far East and Hokkaido inferred from mitochondrial NADH dehydrogenase subunit 2 gene sequences // Mammal Study. 2011. Vol. 36, N 4. P. 209–222.
24. Serizawa K., Suzuki H., Iwasa M.A., Tsuchiya K., Pavlenko P.V., Kartavtseva I.V., Chelomina G.N., Dokuchaev N., Han S.H. A spatial aspect on mitochondrial DNA genealogy in *Apodemus peninsulae* from East Asia // Biochem. Genetics. 2002. Vol. 40, N 5/6. P. 149–161.
25. Vakurin A.A., Kartavtseva I.V., Lisovsky A.A., Aверин A.A., Frisman L.V. The complex solution of pikas identification from “Bastak” Reserve // Modern Achievements in Population, Evolutionary and Ecological Genetics: Intern. Symp. (MAPEEG): abstrs. Vladivostok, 2013. P. 74.