

УДК 575.061.634:599.742.7

НОВЫЕ ДАННЫЕ О ЧАСТОТАХ МУТАНТНЫХ ГЕНОВ ОКРАСКИ У ДОМАШНИХ КОШЕК ЕВРОПЕЙСКОЙ ЧАСТИ РОССИИ (г. КАМЫШИН)

© 2012 г. С. К. Холин

Учреждение Российской академии наук Биолого-почвенный институт Дальневосточного
отделения РАН, Владивосток 690022

e-mail: h.axyridis@mail.ru

Поступила в редакцию 21.06.2011 г.

Проведен анализ частот мутантных генов окраски шерсти домашней кошки популяции г. Камышин Волгоградской обл. Показано промежуточное положение популяции по частотам мутантных генов O и t^b , что согласуется с существованием так называемых “коридора” низких частот первого гена и зоны, в которой отсутствует второй. Отмечена одна из самых высоких частот гена d в данной популяции. Частоты других генов находятся в обычных пределах, наблюдаемых в других популяциях.

Наиболее интенсивное изучение частот мутантных генов окраски шерсти домашней кошки пришлось на 70–80-е годы XX столетия. Было накоплено большое количество данных практически со всего мира [1]. На этом фоне территория современной России остается весьма слабо исследованной. Всего в настоящее время имеются данные о частотах генов в популяциях 21 города и других населенных пунктов Российской Федерации [2–13]. В работе [14] приведены данные о частотах фенотипов домашней кошки популяции г. Усурийск (Приморский край). Эти данные представлены в графическом виде и не дают возможность рассчитать частоты мутантных генов.

Неполные данные о географическом распределении частот мутантных генов окраски не позволяют установить причины возникновения так называемого “коридора” низких частот гена O , проходящего от Западной Европы через Украину по югу России, через Кавказ до Ирана [3, 4, 6, 7], а также не дают ответа на вопрос об отсутствии кошек с “мраморной” окраской (ген t^b) в популяциях в узкой полосе на линии Будапешт–Самара–Новосибирск [3, 6].

Цель данной работы – отчасти восполнить недостаток данных по популяционной генетике кошек в европейской части Российской Федерации. Для этого была обследована популяция г. Камышин Волгоградской области, которая интересна тем, что расположена на границах двух описанных выше зон низких значений частот мутантных генов O и t^b .

Исследование частот мутантных аллелей проведено в феврале 1985 г. и августе 1990 г. в популяции домашних кошек г. Камышина Волгоградской области. В обоих случаях определяли частоты

гена O , сцепленного с полом локуса *Orange*, а также генов шести аутосомных локусов: *Agouti* (a), *Tabby* (t^b), *Dilution* (d), *Long hair* (l), *White spotting* (S) и *White* (W). Частоту гена l определяли только в 1985 г. Ген l контролирует длину шерсти, остальные определяют тип окраски и рисунка шерстного покрова. Характер фенотипического проявления и наследования генов описаны в [15].

Животных наблюдали на улицах, во дворах домов и других местах. Наблюдениями были охвачены большинство районов города в обоих случаях. Число животных, проанализированных по каждому локусу, указано в табл. 1 и 2.

Поскольку пол животных не определялся, оценки частоты гена O проведены методом максимального правдоподобия [16], а ошибки рассчитаны по формулам, приведенным в [4]. Формулы для нахождения ожидаемых численностей генотипов по гену O взяты из [17]. Расчет частот аллелей других локусов и их ошибок проведен обычным способом [7]. Оценку доли самцов в выборке проводили по формуле, предложенной в [16]. Статистические тесты на достоверность различий выполнены по [18, 19]. Ординация методом главных координат проведена с помощью программы NTSYS [20]. Ординация основана на матрице попарных сравнений частот мутантных аллелей популяций 11 городов европейской части России, Белоруссии и Украины. В качестве меры генетических различий использована формула Кидда и Кавалли–Сфорца [21]. В анализ были включены пять аллелей (O , a , t^b , d и S).

В табл. 1 приведены результаты проверки на панмиксию по локусу *Orange*. Согласно полученным данным, в обоих случаях наблюдается практически полное соответствие наблюдаемых и

Таблица 1. Наблюдаемое и ожидаемое (в скобках) соотношение генотипов локуса *Orange*, проверка на панмиксию и оценка частоты гена *O* ($q(O)$) в выборках из популяции г. Камышин

Выборка	Генотип			$\chi^2, d.f. = 1$	$q(O) \pm SE$
	<i>O</i> /?	<i>O</i> /+	+/?		
1985 г.	2 (1.84)	3 (3.26)	52 (51.89)	0.084	0.061 ± 0.028
1990 г.	6 (5.90)	9 (9.20)	70 (69.90)	0.039	0.123 ± 0.031

Таблица 2. Наблюдаемое соотношение фенотипов (Obs.) и оценка частот мутантных аллелей (q) в выборках из популяции г. Камышин

Генотип	1985 г.		1990 г.		Критерий однородности частоты фенотипов, $\chi^2, d.f. = 1$	Средневзвешенная частота аллеля
	Obs.	$q \pm SE$	Obs.	$q \pm SE$		
<i>aa</i>	10/55	0.426 ± 0.061	15/79	0.436 ± 0.051	0.014	0.432
+?	45/55		64/79			± 0.061
<i>dd</i>	13/57	0.478 ± 0.058	14/85	0.406 ± 0.050	0.890	0.436
+?	44/57		71/85			± 0.060
<i>p^bp^b</i>	1/44	0.151 ± 0.075	0/70	0	0.386*	0.094
+?	43/44		70/70			± 0.075
<i>S</i> ?	38/57	0.422 ± 0.054	57/85	0.426 ± 0.044	0.002	0.425
++	19/57		28/85			± 0.054
<i>ll</i>	20/58	0.587 ± 0.053	Нет	—	—	0.587
+?	38/58		данных			± 0.053
<i>W</i> ?	1/58	0.009 ± 0.009	1/86	0.006 ± 0.006	0.645*	0.007
++	57/58		85/86			± 0.008

Примечание. В числителе — число особей с данным генотипом, в знаменателе — объем выборки. Для частот аллелей дана стандартная ошибка (SE).

* Точный критерий Фишера (p).

ожидаемых частот генотипов ($p > 0.50$). Вычисленная доля самцов составила $m = 0.543 \pm 0.233$ в 1985 г. и $m = 0.511 \pm 0.142$ в 1990 г. и в обоих случаях статистически не отличалась от ожидаемого равного соотношения полов ($p > 0.50$).

Как следует из полученных результатов за разные годы, выборки различаются по частоте гена *O* в 2 раза. Однако тест на однородность частот не выявил статистически значимых различий между выборками ($\chi^2 = 2.384, p > 0.10, d.f. = 1$). Средневзвешенная частота гена *O* для суммарной выборки составила 0.099 ± 0.022 .

В табл. 2 приведены оценки частот других аллелей, рассчитанные в предположении панмиксии. Согласно этим данным, выборки практически идентичны по оценкам частот генов. Проверка на

гетерогенность частот мутантных фенотипов по критерию χ^2 не выявила достоверных различий между выборками по всем рассмотренным локусам ($p > 0.30-0.95$). Для локусов *Tabby* и *White* был использован точный критерий Фишера, поскольку наблюдаемые значения частот фенотипов очень низки. На основе этой проверки в табл. 2 приведены средневзвешенные оценки частот мутантных аллелей.

Популяция кошек г. Камышина географически находится рядом с так называемым “коридором” низких частот гена *O* и популяциями, в которых отсутствуют кошки “мраморной” окраски. В настоящее время имеются данные по частотам генов из двух популяций кошек (города Самара и Ростов-на-Дону) [3, 7], которые географически

наиболее близки к рассматриваемой популяции, равноудалены от нее, входят в упомянутые зоны. По частоте гена *O* популяция Камышина, действительно, находится в промежуточном положении по отношению к двум другим популяциям (табл. 3). Это относится также к частоте гена *t^b*. В обоих случаях отмечается статистически значимая гетерогенность популяций по частотам генов и фенотипов ($p < 0.05-0.001$) (табл. 3).

Таким образом, наблюдаемые частоты генов *O* и *t^b* подтверждают промежуточное положение популяции домашних кошек Камышина между двумя наблюдаемыми зонами с низкими значениями частот этих генов.

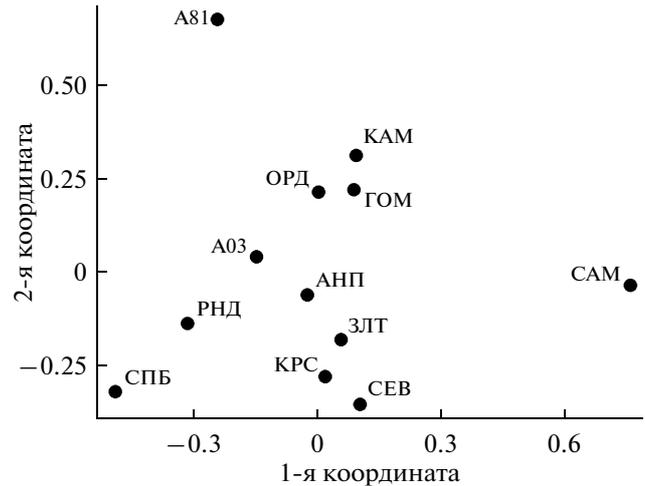
В популяции Камышина наблюдается одна из самых высоких частот гена *d* (0.436), которая характерна для популяций европейской части России (0.230–0.529), за исключением популяции Самары, где частота этого гена относительно низка (0.125). Этот ген, точнее окраска, т.н. “разбавленная”, за которую он отвечает, входит в группу наиболее предпочитаемых человеком [22, 23].

При определении частоты гена *l*, контролирующего длину шерсти, могут быть допущены неточности. Это обусловлено трудностью отнесения некоторых особей кошек к длинношерстному типу [24].

Частоты генов *a*, *S*, *W* в исследованной популяции укладываются в пределы изменчивости, наблюдаемой в мировом масштабе [1].

Поскольку г. Камышин лежит на исторически сложившихся путях миграций людей и основных транспортных артериях – реками Волга и Дон, – напрашивается историческая трактовка наблюдаемых частот мутантных аллелей. Действительно промежуточная частота генов *O* и *t^b* в исследованной популяции может свидетельствовать о ее смешанном происхождении. Тем более, что исторически г. Камышин (дата основания 1668 г. [25]) младше, чем г. Самара (1586 г.) и наиболее географически близкие гг. Саратов (1590 г.) и Волгоград (1555 г.)¹.

На рисунке представлены результаты анализа матрицы генетических дистанций между популяциями 11 городов методом главных координат. Популяции домашних кошек Ростова-на-Дону, Камышина и Самары располагаются в пространстве координат в соответствии со своим географическим положением и наблюдаемыми различиями по частоте генов окраски шерсти. Однако взаиморасположение всех включенных в анализ популяций показывает, что не всегда географическое положение и удаленность популяций соответствуют их генетическим различиям. Так, например, максимально удаленные друг от друга



Распределение 11 популяций домашних кошек европейской части России, Белоруссии, Украины в пространстве первых двух главных координат на основе анализа матрицы генетических расстояний. Россия: СПБ – Санкт-Петербург, САМ – Самара [2], ЗЛТ – Златоуст, АНП – Анапа, КРС – Краснодар [3], РНД – Ростов-на-Дону [6], А81 – Армавир [6], А03 – Армавир [12], КАМ – Камышин; ГОМ – Гомель (Белоруссия) [7]; ОРД – Орджоникидзе, СЕВ – Севастополь (Украина) [7].

популяции Санкт-Петербурга и Ростова-на-Дону генетически также близки, как и популяции, граничащие с Ростовом-на-Дону. Популяция Камышина оказывается наиболее генетически сходной с популяцией г. Орджоникидзе (Украина), также

Таблица 3. Частоты мутантных генов популяций домашних кошек г. Камышин и двух географически близких городов

Ген	Популяция			Критерий однородности частоты фенотипов, χ^2 , $d.f. = 2$
	Ростов-на-Дону	Камышин	Самара	
<i>O</i>	0.075	0.099	0.156	6.544* ***
<i>a</i>	0.511	0.432	0.455	2.057
<i>t^b</i>	0.397	0.094	0	16.113** ***
<i>d</i>	0.354	0.436	0.125	11.322***
<i>l</i>	0.158	0.587	0.559	38.197***
<i>S</i>	0.323	0.425	0.414	4.928
<i>W</i>	0	0.007	0	–

* В этом случае оценивалась гетерогенность частот генов.

** Сравнивались только две популяции домашних кошек Ростова-на-Дону и Камышина, т.к. в популяции Самары частота гена равна нулю ($d.f. = 1$).

*** Статистически значимая гетерогенность ($p < 0.05$), данные по популяциям Самары и Ростова-на-Дону из [2, 6].

¹ Для этих двух городов данных по частотам мутантных аллелей домашних кошек нет.

входящей в “коридор” низких частот гена *O*, и популяцией г. Гомель (Беларусь), граничащей с зоной отсутствия аллеля *f^b*.

Таким образом, генетический профиль популяции кошек г. Камышин демонстрирует промежуточное положение по частотам таких ключевых аллелей, как *O* и *f^b*, тем самым подтверждая существование “коридора” для первого и зоны отсутствия для второго, а другие аллели имеют частоты в пределах обычной изменчивости, за исключением аллеля *d*, для которого отмечена необычайно высокая частота.

Анализ частот мутантных аллелей в популяциях домашних кошек всего мира [1] и мегаполисов [8, 26] и изучение влияния факторов среды, пространственной и социальной структуры [28] на особенности распределения частот генов окраски [27] предполагают необходимость корректировки историко-миграционной трактовки географической изменчивости данного вида.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Vinogradov A.E. Fine structure of gene frequency landscapes in domestic cat: The old and new worlds compared // *Hereditas*. 1997. V. 126. P. 95–102.
2. Гончаренко Г.Г., Зятьков С.А., Лысенко А.Н. Генетическая структура и уровень дифференциации в популяциях *Felis catus* европейского континента // *ДАН*. 2010. Т. 431. № 6. С. 827–830.
3. Borodin P.M., Vochkarev M.N., Smirnova I.S., Manchenko G.P. Mutant allele frequencies in domestic cat populations of six Soviet cities // *J. Heredity*. 1978. V. 69. P. 169–174.
4. Robinson R., Manchenko G.P. Cat gene frequencies in cities of the U.S.S.R. // *Genetica*. 1981. V. 55. P. 41–46.
5. Манченко Г.П., Балакирев Е.С. Частота сцепленного с полом гена *Orange* и мутации *Kinky-tail* в популяции домашних кошек Владивостока // *Генетика*. 1981. Т. 17. № 12. С. 2191–2194.
6. Манченко Г.П. Новые данные о частотах мутантных генов окраски у домашних кошек СССР // *Генетика*. 1981. Т. 17. № 12. С. 2195–2202.
7. Гончаренко Г.Г., Лопатин О.Е., Манченко Г.П. Мутантные гены окраски в популяциях домашних кошек средней Азии и европейской части СССР // *Генетика*. 1985. Т. 21. № 7. С. 1151–1158.
8. Сергиевский С.О. Популяционная фенетика домашней кошки в г. Ленинграде // *Фенетика природных популяций: Матер. IV Всесоюз. совещ. (Борок, ноябрь 1990 г.)*. М., 1990. С. 260–262.
9. Холин С.К. Частота фенотипически проявляемого гена *Orange* в популяциях домашних кошек Приморского края // *Фенетика природных популяций: Матер. IV Всесоюз. совещ. (Борок, ноябрь 1990 г.)*. М., 1990. С. 303–305.
10. Холин С.К. Частоты мутантных генов в двух популяциях домашних кошек южного Сахалина // *Генетика*. 1990. Т. 26. № 12. С. 2200–2206.
11. Палтусова Ю.В., Вилкова В.А., Голубева Н.А. Частоты мутантных генов у домашних кошек республики Карелия // *Матер. 58-й научн. конф. молодых ученых и студентов. СПбГАВМ. СПб., 2004*. С. 68–69.
12. Голубева Н.А., Жигачев А.И. Новые данные о частотах генов окраса и длины шерсти у кошек. 1. Популяция кошек г. Армавир // *Генетика*. 2007. Т. 43. № 8. С. 1079–1083.
13. Березина Е.С. Морфологические особенности и генетика окрасов кошки домашней в популяции лесной зоны Среднего Прииртышья // *Вестн. КрасГАУ*. 2011. Вып. 9. С. 174–179.
14. Быковская Н.В., Циос А.В. Генетический полиморфизм в популяции кошек г. Уссурийска // *Животный и растительный мир Дальнего Востока: Серия Экология и систематика животных*. Вып. 6. Уссурийск, 2002. С. 149–161.
15. Robinson R. *Genetics for Cat Breeders*. 2nd ed. Oxford: Pergamon Press, 1977.
16. Adalsteinsson S., Blumenberg B. Simultaneous maximum likelihood estimation of the frequency of sex-linked orange and the male ratio in the cat // *Carnivore Genet. Newsl.* 1984. V. 4. P. 68–77.
17. Robinson R., Silson M. Mutant gene frequencies in cats of Southern England // *Theor. Appl. Genet.* 1969. V. 39. P. 326–329.
18. Животовский Л.А. Статистические методы анализа частот генов в природных популяциях // *Итоги науки и техники. Общая генетика*. М.: ВИНТИ, 1983. Т. 8. С. 76–104.
19. Животовский Л.А. *Популяционная биометрия*. М.: Наука, 1991. 271 с.
20. Rohlf F.G. *NTSYS-pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system*. N.Y.: Exter Publ., 1988.
21. Kidd K.K., Cavalli-Sforza L.L. The role of genetic drift in the differentiation of Icelandic and Norwegian cattle // *Evolution*. 1974. V. 28. P. 381–395.
22. Clark J.M. The effects of selection and human preference on coat colour gene frequencies in urban cats // *Heredity*. 1975. V. 35. P. 195–210.
23. Vinogradov A.E. Locally associated alleles of cat coat genes // *J. Hered.* 1994. V. 85. P. 86–91.
24. Todd N.B., Todd L.M. Mutant allele frequencies among domestic cats of Turkey and Greece // *Genetica*. 1976. V. 46. P. 183–192.
25. Города России: энциклопедия / Гл. ред. Г.М. Лаппо. М.: Научное изд-во “Большая Российская энциклопедия”; ТЕРРА-Книжный клуб, 1998. 559 с.
26. Robinson R. Mutant gene frequencies in cats of the Greater London Area // *Theor. Appl. Genet.* 1987. V. 74. P. 579–583.
27. Lloyd A.T. Geographic distribution of mutant alleles in domestic cat populations of New England and the Canadian Maritimes // *J. Biogeography*. 1985. V. 12. P. 315–322.
28. Pontier D., Rioux N., Heizmann A. Evidence of selection on the orange allele in the domestic cat *Felis catus*: the role of social structure // *Oikos*. 1995. V. 73. P. 299–308.

New Data on Coat Color Mutant Gene Frequencies in Domestic Cats of the European Part of Russia (the City of Kamyshin)

S. K. Kholin

*Institute of Biology and Soil Sciences, Far Eastern Branch, Russian Academy of Sciences, Vladivostok, 690022 Russia
e-mail: h.axyridis@mail.ru*

Frequencies of mutant alleles that control coat color of domestic cats were determined in population of the city of Kamyshin, Volgograd oblast. Intermediate position of the population with respect to the *O* and *t^b* mutant gene frequencies was demonstrated. These data were consistent with the idea on the existence of the so-called corridor of low frequencies of the first gene and the zone of absence of the second gene. One of the highest frequencies of gene *d* was recorded. The frequencies of the other genes were in the ranges observed in other populations.