

УДК 575.061.634 : 599.742.7

© 1990 г.

ЧАСТОТЫ МУТАНТНЫХ ГЕНОВ В ДВУХ ПОПУЛЯЦИЯХ ДОМАШНИХ КОШЕК ЮЖНОГО САХАЛИНА

ХОЛИН С. К.

Проведен анализ частот мутантных генов в популяциях домашних кошек Холмска и Южно-Сахалинска (о. Сахалин). Обнаружено, что частоты мутантных аллелей d и t^b значительно отличаются от таковых в других популяциях Советского Союза. Высокое сходство с популяциями Китая показывает, что популяции кошек южного Сахалина испытали существенное влияние со стороны популяций зарубежного Дальнего Востока. Кроме того, результаты исследования показывают, что изученные популяции генетически очень близки к популяциям Владивостока и Хабаровска. Такая близость, вероятно, возникла благодаря сходству историко-миграционных процессов в этом дальневосточном регионе.

Тодд [1] провел интересный анализ частот мутантных аллелей в популяциях домашних кошек побережья Индийского океана и Южно-Китайского моря. Им была показана генетическая гомогенность в популяциях кошек вдоль всего рассмотренного побережья. По его мнению такая гомогенность в значительной степени вызвана постоянным обменом мигрантами между портовыми городами вследствие интенсивной морской торговли, существующей в этом регионе не одно столетие. Было отмечено аналогичное влияние популяций кошек Юго-Восточной Азии на популяцию кошек Владивостока [2]. Кроме того, было показано, что популяции кошек Дальнего Востока в силу исторических причин имеют весьма своеобразное происхождение [2, 3]. Поэтому дальнейшее исследование частот мутантных генов в этом регионе представляет интерес для более точного понимания происхождения популяций домашних кошек Дальнего Востока.

С этой целью исследованы частоты мутантных генов в двух популяциях острова Сахалин (г. Холмск и Южно-Сахалинск). Южная часть о. Сахалин интересна тем, что история освоения этого района была сложна и противоречива. Долгое время юг Сахалина оставался «неразделенной» между Россией и Японией территорией. Затем он полностью был присоединен к России, а после 1905 г. на 40 лет отторгнут Японией. Поэтому естественно предположить, что существующие здесь в настоящее время популяции кошек были основаны и сформировались под влиянием кошек как России, так и Японии.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА

Исследование частот мутантных аллелей проведено в сентябре — октябре 1986 г. в популяциях домашних кошек г. Холмска и Южно-Сахалинска, о. Сахалин. Кроме того, в феврале 1984 г. получены данные о частоте гена O сцепленного с полом локуса Orange в популяции Холмска. В наблюдениях 1986 г. были учтены названный аллель и аллели шести аутосомных локусов: Agouti (a), Tabby (t^b), Dilution (d), Long hair (l), White spotting (S) и White (W). Аллель l контролирует длину шерсти,

Наблюдаемое и ожидаемое (в скобках) соотношение генотипов локуса Orange, проверка на панмиксию и оценка частоты гена O

Популяция	Распределение генотипов			χ^2 , df=1	q(O) ± SE
	O/?	O/+	+/?		
Холмск, 1984 г.	5 (5,04)	8 (7,95)	63 (63,01)	0,014	0,119±0,031
Холмск, 1986 г.	9 (7,26)	8 (11,43)	92 (90,31)	1,478	0,119±0,027
Южно-Сахалинск	13 (10,45)	12 (17,07)	163 (160,48)	2,168	0,101±0,019

Таблица 2

Наблюдаемое соотношение фенотипов (Obs.) и оценка частот мутантных аллелей (q) в популяциях Холмска и Южно-Сахалинска

Генотип	Холмск		Южно-Сахалинск		Однородность частот фенотипов, χ^2
	Obs.	q ± SE	Obs.	q ± SE	
aa	32/100	0,566±0,041	47/175	0,518±0,032	0,815
+?	68/100		128/175		
dd	1/109	0,096±0,048	3/188	0,126±0,036	0,235
+?	108/109		185/188		
t ^b t ^b	17/77	0,470±0,061	26/143	0,426±0,038	0,477
+?	60/77		117/143		
S?	87/112	0,528±0,042	150/193	0,528±0,032	0,0002
++	25/112		43/193		
ll	16/115	0,373±0,043	25/199	0,354±0,033	0,116
+?	99/115		174/199		
W?	1-3/115	0,004-0,013	1-6/199	0,003-0,015	-
++	112-114/115		193-198/199		

остальные определяют тип окраски и рисунка шерстного покрова. Характер фенотипического проявления и наследования генов описаны в [4].

Животных наблюдали на улицах, во дворах домов и т. п. Наблюдениями были охвачены большинство районов города в обоих случаях. Число животных, проанализированных по каждому локусу, указано в табл. 1 и 2. В некоторых случаях из-за сильной выраженности гена S нельзя было определить тип окраски или рисунок шерсти, зависящие от аллелей других локусов. Это несколько уменьшило объемы выборки по некоторым локусам. Часть кошек полностью белой окраски при наблюдении с большого расстояния нельзя было с полной уверенностью идентифицировать как носителей аллеля W или S. Чем вызвано неточное определение частоты аллеля W.

Поскольку пол животных не определялся, оценки частоты гена O проведены методом максимального правдоподобия [5], а ошибки рассчитаны по формулам, приведенным в [6]. Формулы для нахождения ожидаемых численностей генотипов по локусу Orange также взяты из [6]. Расчет частот аллелей других локусов и их ошибок проведен обычным способом [3, 7].

Достоверность различия частот фенотипов между парами выборок оценивалась по критерию χ^2 (таблица 2×2) [8]. Для сравнения популяций использована мера генетических различий — стандартное генетическое расстояние, введенное Неем [9].

В табл. 1 приведены результаты проверки на панмиксию по локусу Orange. Такая проверка показывает, что для данных за 1984 г. из Холмска наблюдается практически полное соответствие наблюдаемых и ожидаемых частот генотипов ($P > 0,90$). В выборках за 1986 г. из обоих популяций наблюдается нехватка черепаховых кошек (генотип O/+), но отклонения от ожидаемых значений не достигают значимого уровня ($P > 0,20$ и $P > 0,10$ соответственно). Одной из причин наблюдаемого отклонения могут быть ошибки в диагностике черепаховых кошек [10].

В табл. 1 приведены оценки частот гена O, а в табл. 2 рассчитанные в предположении панмиксии частоты аллелей других локусов. Согласно этим данным, сходство генетических профилей двух исследованных популяций очевидно. Проверка на гетерогенность частот мутантных фенотипов по критерию χ^2 не выявила достоверных различий между обеими выборками по всем рассмотренным локусам (O: $\chi^2 = 0,30$, $P > 0,80$, $df = 2$; остальные значения в табл. 2, $P > 0,30 - 0,975$, $df = 1$).

ОБСУЖДЕНИЕ

Как уже отмечалось ранее [2, 3], на первых стадиях формирования популяций домашних кошек Дальнего Востока они, вероятно, испытали большое влияние популяций юга России и Украины и вместе с тем некоторое воздействие популяций Юго-Восточной Азии.

Для популяций южной части о. Сахалин это должно быть также справедливо. Действительно, в весьма разнородной группе поселенцев здесь, как и в Приморье, преобладали выходцы из центральных и южных районов России и Украины ([12] с. 183, [14]). Во второй половине XIX в. здесь присутствовали японцы, а с 1905 г. юг Сахалина в течение 40 лет находился во владении Японии. Это указывает на то, что популяции домашних кошек южного Сахалина должны были испытать сильное влияние со стороны популяций кошек Японии.

К сожалению, в настоящее время частоты мутантных аллелей в популяциях домашних кошек Японии практически неизвестны. Исключение составляет популяция Мисимы [13], для которой точно определены только частоты двух аллелей O (0,27) и a (0,81). Эти частоты резко выделяют данную популяцию среди других популяций домашних кошек всего Дальнего Востока (сравни с табл. 3).

Высокое сходство генетических профилей исследованных популяций г. Холмска и Южно-Сахалинска легко объяснимо не только их географической близостью. Трудно предположить, что в условиях островной изоляции и при сходных условиях исторического развития они имели различные источники происхождения.

Частоты аллелей O, t^b, d и l в популяциях южного Сахалина свидетельствуют о довольно сильной их обособленности от других популяций СССР и ставят их в промежуточное положение между последними и портовыми популяциями Китая.

Частота гена O (0,10—0,12) в популяциях Сахалина ниже обычной частоты этого гена в популяциях СССР (0,20—0,25), Японии (0,27), Китая и Юго-Восточной Азии (0,30—0,39). Такая частота наиболее близка к частоте, наблюдаемой в популяциях, входящих в «коридор» низких частот гена O (0,03—0,10) [2, 3, 10]. В этот «коридор» на территории СССР входят популяции Украины, юга России и Кавказа. С учетом особенностей формирования населения Дальнего Востока это указывает на то, что

Частоты мутантных генов в популяциях домашних кошек СССР и Юго-Восточной Азии

Популяция	Частоты мутантных генов								Источник литературы
	O	a	T ^a	t ^b	d	l	s	w	
Холмск	119	566	0	470	96	373	528	13	Собственные данные
Южно-Сахалинск	101	518	0	426	126	354	528	15	
Владивосток	109	531	0	309	201	232	409	13	[3]
Хабаровск	125	474	0	390	308	206	527	9	[3]
Макао	360	440	230	390	0	0	460	5	[1]
Гонконг	390	440	150	480	0	0	450	0	[1]
Тайвань	339	543	12	289	253	0	468	3	[15]
Бангкок	300	750	40	0	130	0	300	0	[1]
Сингапур	315	600	240	113	130	0	440	10	[1]
Магдагачи	230	523	20	115	267	319	465	0	[10]
Иркутск	240	634	52	195	236	364	384	22	[10]
Новосибирск	203	619	10	83	374	446	329	9	[7]
Талас	128	655	0	160	305	472	353	4	[7]
Алма-Ата	121	541	16	155	360	562	214	3	[7]
Златоуст	160	640	60	150	290	270	380	0	[11]
Куйбышев	220	455	0	0	125	559	414	0	[10]
Ленинград	250	571	0	444	423	639	312	13	[10]
Гомель	140	602	17	91	403	263	426	8	[7]
Орджоникидзе	29	602	14	168	327	279	401	0	[7]
Ростов-на-Дону	75	511	0	397	354	158	323	0	[7]
Севастополь	124	527	0	118	269	366	254	0	[7]
Анапа	130	630	0	210	330	0	420	20	[11]
Армавир	34	626	0	222	529	244	456	7	[3]
Краснодар	70	520	0	220	230	130	330	10	[11]
Кировабад	100	600	0	0	240	110	390	10	[11]
Баку	90	520	0	160	330	170	310	0	[11]

Примечание. Частоты генов умножены на 1000.

первые два района были, вероятно, одними из источников образования популяций кошек Сахалина. Интересно, что приток кошек из популяций Японии не вызвал значительного увеличения частоты гена O, частота которого в настоящее время практически идентична таковой в материковых популяциях Дальнего Востока.

С другой стороны, частота аллеля t^b значительно выше, а частота аллеля d ниже, чем в других популяциях Советского Союза. Это сближает популяции Сахалина с популяциями Макао и Гонконга, где частота аллеля t^b того же порядка, а аллель d не обнаружен вообще (см. табл. 3).

Аналогично низкая частота аллеля d наблюдается только в портовых популяциях на побережье Индийского океана [1]. В то же время частота аллеля t^b в этих популяциях ниже 0,20, а высокие значения частоты этого аллеля характерны для внутренних популяций Ирана и Пакистана [1]. Ранее было высказано предположение, что необычно высокая частота t^b в Ленинграде (0,444) может быть связана с недавним возобновлением этой популяции за счет значительного притока кошек из популяций Западной Европы [10, 11]. Можно предположить, что высокая частота аллеля t^b в популяциях южного Сахалина возникла также в результате притока кошек из Японии, где, вероятно, существует такая же высокая частота этого аллеля, как и в портовых популяциях Китая.

Значения стандартного генетического расстояния (D) между группами популяций, полученные в результате попарного сравнения популяций по средним частотам мутантных генов

Группа популяций	1	2	3	4	5	6	7	8
1. Сахалин	—							
2. Дальний Восток	120	—						
3. Китай	256	319	—					
4. Юго-Восточная Азия	317	491	296	—				
5. Сибирь	556	235	499	793	—			
6. Средняя Азия	641	264	727	855	76	—		
7. Север Европейской части СССР	482	164	486	740	12	48	—	
8. Юг Европейской части СССР	434	123	654	773	109	43	55	—
9. Закавказье	629	262	727	1051	60	44	50	69

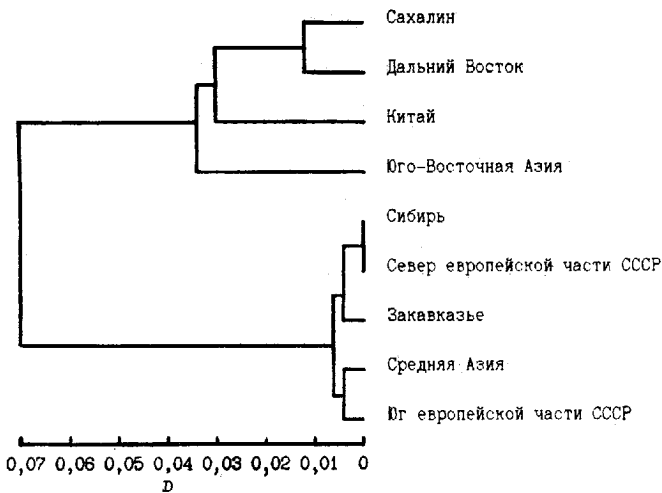
Примечание. Значения D умножены на 10000.

Высокие значения частоты аллеля l (0,373 и 0,354) сходны с частотами, наблюдаемыми в сибирских популяциях. Наиболее вероятной причиной возникновения высокой частоты этого аллеля в популяциях Сахалина мог быть естественный отбор (в популяциях Китая и Юго-Восточной Азии этот аллель отсутствует).

В обеих популяциях Сахалина не обнаружен аллель T^a локуса Tabby, хотя, например, в популяциях Китая и Восточной Сибири он присутствует (причем в популяциях Китая с высокой для этого аллеля частотой).

Более точное представление о генетической близости популяций дает сравнение значений генетических расстояний между популяциями. Генетические расстояния были рассчитаны по пяти наиболее информативным аллелям O, a, t^b, d и S [1, 16]. Аллели T^a и W не были включены в расчет из-за очень низкой частоты или полного отсутствия в большинстве популяций, а аллель l исключен из-за неоднозначной идентификации длинношерстного фенотипа в разных исследованиях [17].

В табл. 4 представлены значения стандартных генетических расстояний между группами популяций, полученным по средним значениям частот мутантных аллелей в этих группах, на основе которых проведен иерархический кластерный анализ методом невзвешенных парно-групповых средних (UPGMA [18]) (см. рисунок). Рассматриваемые группы популяций образуют две ветви в дендрограмме. Одну ветвь образуют популяции Дальнего Востока и Восточной Азии. Другую — все остальные популяции Советского Союза. Это подтверждает предположение о том, что популяции Сахалина и Дальнего Востока имеют высокое генетическое родство с популяциями Восточной Азии. Необходимо отметить, что популяции материковой части Дальнего Востока генетически ближе к популяциям Советского Союза, чем к популяции Сахалина (среднее генетическое расстояние 0,0210 и 0,0548, соответственно), что подтверждает более сильное влияние популяций Восточной Азии на популяции Сахалина. Предположение о возможном происхождении популяций материковой части Дальнего Востока от популяций южной России и Украины [2, 3] подтверждается низкими значениями генетических расстояний с



Дендрограмма генетических расстояний (D) между группами популяций домашних кошек СССР и Восточной Азии

этой группой популяций (см. табл. 4). Для популяций Сахалина это не так явно.

Сравнительный анализ генетических профилей исследованных дальневосточных популяций кошек СССР, таким образом, подтверждает выдвинутое предположение о сложном происхождении этих популяций. Сходство историко-миграционной картины на Дальнем Востоке отразилось в высокой однородности частот мутантных аллелей в популяциях кошек этого региона. В то же время приток кошек из Японии в течение длительного времени привел к тому, что популяции кошек о. Сахалин приобрели высокое генетическое сходство с популяциями Восточной Азии. Последнее обстоятельство резко выделяет популяции домашних кошек южной части о. Сахалин среди других изученных популяций Советского Союза.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Todd N. B. Cat population genetic on the littoral of the Indian ocean and South China sea: preliminary assessment // *Carnivore Genet. Newsl.* 1983. V. 4. P. 248.
2. Манченко Г. П., Балакирев Е. С. Частота сцепленного с полом гена Orange и мутации kinky-tail в популяциях домашних кошек Владивостока // *Генетика.* 1981. Т. 17. № 12. С. 2191.
3. Манченко Г. П. Новые данные о частотах мутантных генов окраски у домашних кошек СССР // *Генетика.* 1981. Т. 17. № 12. С. 2195.
4. Robinson R. *Genetics for cat breeders.* Oxford: Pergamon Press, 1977. 105 p.
5. Robinson R. Mutant gene frequencies in cats of Cyprus // *Theor. Appl. Genet.* 1972. V. 42. P. 293.
6. 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.
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.
8. Глогов Н. В., Живоатовский Л. А., Хованов Н. В., Хромов-Борисов Н. Н. *Биометрия.* Л.: Изд-во ЛГУ, 1982. 264 с.
9. Nei M. Genetic distance between populations // *Amer. Naturalist.* 1972. V. 106. P. 283.
10. Borodin P. M., Bochkarev 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.

11. *Robinson R., Manchenko G. P.* Cat gene frequencies in cities of the USSR // *Genetica*. 1981. V. 55. P. 41.
12. *Чезов А. П.* Остров Сахалин. Южно-Сахалинск: Дальневост. кн. изд-во. Сахалин. отд-ние, 1980. 304 с.
13. *Kotai T.* Incidence of the genes for coat colors in Japanese cats // *Annot. Zool. Japon.* 1952. V. 25. P. 209.
14. *Алексеев А. И.* Освоение русскими людьми Дальнего Востока и Русской Америки. М.: Наука, 1982. 288 с.
15. *Chu K.* Mutant allele frequencies in domestic cats of Taiwan // *J. Heredity*. 1986. V. 77. P. 277.
16. *Blumenberg B.* Genetic difference and selection in domestic cat populations of the United Kingdom and former British Colonies // *Theor. Appl. Genet.* 1977. V. 49. P. 243.
17. *Todd N. B., Todd L. M.* Mutant allele frequencies among domestic cats of Turkey and Greece // *Genetica*. 1976. V. 46. P. 183.
18. *Sneath P. H. A., Sokal R. R.* Numerical Taxonomy. San Francisco: W. H. Freeman and Co., 1973. 573 p.

Биолого-почвенный институт ДВО
АН СССР, Владивосток

Поступила в редакцию
3.XI.1989
Окончательный вариант получен
5.III.1990

FREQUENCIES OF MUTANT ALLELES IN DOMESTIC CAT POPULATIONS OF SOUTHERN SAKHALIN

KHOLIN S. K.

*Institute of Biology and Pedology, Academy of Sciences
of the USSR, Far East Division, Vladivostok*

S u m m a r y

Analyses of mutant gene frequencies have been completed for the domestic cat populations of cities Kholmsk and Juzhno – Sakhalinsk (Sakhalin isles). Mutant allele frequencies reported here differ from these of other Soviet Union populations of the t^b and d loci. It is suggest that Sakhalin populations were influenced by domestic cat populations from East Asia. The genetic profile of the domestic cat of Sakhalin shows the close relationship with China populations. Furthermore, the results of the present study are very similar to those previously reported for Vladivostok and Khabarovsk. These similarity, perhaps, may be depend on their settlement history.