

РОССИЙСКАЯ АКАДЕМИЯ НАУК

ПРОГРАММА ФУНДАМЕНТАЛЬНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ РАН № 11

«БИОРАЗНООБРАЗИЕ И ДИНАМИКА ГЕНОФОНДОВ»

Подпрограмма II «ДИНАМИКА ГЕНОФОНДОВ»



Материалы отчетной конференции

Москва, 2008

**ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПРОЦЕССЫ В ПРИРОДНЫХ ПОПУЛЯЦИЯХ ЦЕННЫХ,
РЕДКИХ И МОДЕЛЬНЫХ ВИДОВ РАСТЕНИЙ И ЖИВОТНЫХ РОССИЙСКОГО
ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА:
ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ ПОПУЛЯЦИЙ МОДЕЛЬНЫХ ВИДОВ ПОЗВОНОЧНЫХ
ЖИВОТНЫХ**

Крюков А.П., Спиридонова Л.Н., Цвирка М.В., Картавцева И.В., Рослик Г.В., Коробицына К.В.,
Шереметьева И.Н., Кораблев В.П.

Биолого-почвенный институт ДВО РАН, Владивосток

Проведен RAPD-PCR анализ генетической дифференциации шести подвидов домашней мыши: *Mus musculus musculus*, *M.m.domesticus*, *M.m.castaneus*, *M.m.gansuensis*, *M.m.wagneri*, *M.m.ssp.(bactrianus?)*. Идентифицировано 373 локуса общей протяженностью около 530 т.п.н. Выявлены таксон-специфические молекулярные маркеры, установлены уровни подвидовых генетических отличий и показана различная степень дифференциации подвидов. Наиболее генетически сходными оказались подвиды *M.m.domesticus* – *M.m.castaneus* и *M.m.musculus* – *M.m.gansuensis*. В построенной филогенетической схеме наиболее отличным от всех остальных подвидов оказался *M.m.wagneri*. Генетические расстояния между ним и остальными перечисленными подвидами в 2-3 раза превышают таковые для “хороших” видов рода *Mus* (*M. spicilegus*, *M. macedonicus*). В каждом из построений (NJ, UPGMA) получены 100% значения бутстреп-индексов, подтверждающие генетическую обособленность *wagneri*. Результат проведенного сравнения позволяет после дополнительных исследований ставить вопрос о возможном повышении систематического ранга *M. m. wagneri* до видового. Однако высказанное ранее предложение (Коробицына, Якименко, 2006), основанное на экологической однородности (общая привязанность к степям и полупустыням, семисинантропность) и сходстве внешних морфологических признаков, об объединении *wagneri*, *gansuensis*

Таблица. Генетические дистанции (D_N , вверху) и подразделенность (G_{St} , внизу) подвидов *Mus musculus* по данным RAPD-анализа

Подвиды <i>M. musculus</i>	<i>musculus</i>	<i>gansuensis</i>	<i>castaneus</i>	<i>domesticus</i>	<i>ssp. (bactrianus?)</i>	<i>wagneri</i>
<i>musculus</i>	-	0.088	0.135	0.132	0.127	0.212
<i>gansuensis</i>	0.404	-	0.111	0.105	0.075	0.228
<i>castaneus</i>	0.430	0.445	-	0.097	0.102	0.254
<i>domesticus</i>	0.435	0.443	0.380	-	0.090	0.236
<i>ssp. (bactrianus?)</i>	0.431	0.389	0.392	0.379	-	0.197
<i>wagneri</i>	0.520	0.589	0.552	0.548	0.518	-

и *manchu* в составе единой подвидовой группы “*wagneri*”, с выведением их из подвидовой группы “*musculus*”, теперь вызывает сомнения. Полученные RAPD-PCR анализом результаты согласуются с кариологическими и аллозимными данными, но значительно отличаются

от результатов, полученных при секвенировании мтДНК.

Проанализированы и сопоставлены распределения таксон-специфичных RAPD-маркеров по ареалу домашней мыши в пределах России. В целом, домашние мыши характеризуются умеренной генетической изменчивостью: полиморфизм $P_{95} = 32.6\%$, гетерозиготность $H = 0.12$, наблюдаемое число аллелей $n_a = 1.6$, эффективное число аллелей $n_e = 1.18$, внутривидовая дифференциация $\Theta_S = 0.39$, индекс Шеннона $I = 0.19$. Большая часть генетического разнообразия приходится на межвидовую составляющую ($H_T = 0.125$), в то время как внутривидовое разнообразие вдвое ниже ($H_S = 0.06$). Выборки оказались хорошо дифференцированы по наборам маркеров, но фоновым во всех популяциях является генотип номинативного подвида *M.m.musculus*. По характеру распределения признаков мы условно разделили все популяции на западную и восточную группы, с границей по Байкалу. В большинстве исследованных выборок отмечено присутствие нескольких подвида-специфичных молекулярных маркеров, выявленных ранее, что подтверждает описанное явление обширной гибридизации сразу нескольких подвида *M. musculus*.

Методом RAPD-PCR с 10 произвольными праймерами исследовано генетическое разнообразие четырех видов восточно-палеарктических сусликов рода *Spermophilus*: *S. undulatus*, *S. parryi*, *S. dauricus* и *S. relictus*. Выявлены молекулярные маркеры разного таксономического уровня: родов, подродов и видов. Для исследованных видов рассчитаны показатели генетической дифференциации (H_T , H_S , D_{ST} , G_{ST} , N_m , D) и построены филогенетические реконструкции и дендрограммы сходства особей и популяций. Показана высокая степень молекулярно-генетической дифференциации всех четырех видов между собой ($G_{ST} = 0.58-0.82$, $D = 0.53-1.06$) и низкий уровень дифференциации подродов *Citellus* и *Urocitellus* ($G_{ST} = 0.33$, $D = 0.27$), выделяемых в соответствии с существующей системой рода *Spermophilus*.

Проанализирована генетическая и морфологическая изменчивость серых полевых мышей группы "maximowiczii". Исследование кариологической изменчивости показало, что в различных популяциях *Microtus maximowiczii* происходит фиксация неодинаковых сочетаний хромосомных перестроек. Особый кариотип обнаружен у *M. maximowiczii gromovi* из окр. пос. Аян Хабаровского края. Несмотря на идентичную с другими популяциями формулу кариотипа ($2n = 44$, $NF = 60$), стабильного у всех особей данной популяции, здесь присутствуют перестройки по 1-й, 4-й и 10-й парам хромосом. Особи этой популяции характеризуются особым морфотипом третьего верхнего моляра. Все эти особенности позволяют повысить таксономический ранг полевки Громова до видового.

Исследован мозаицизм восточноазиатской мыши *Apodemus peninsulae* из 41 популяции Дальнего Востока России ($n = 345$). У большей части особей (87.5%) выявлен полимор-

физм по В-хромосомам. В данном регионе обнаружены как животные со стабильными кариотипами: без В- (12.5%) и с В-хромосомами (26.1%), так и особи-мозаики (61.4%). Вариации чисел В-хромосом составили от 0 до 7, из них до 4 у животных со стабильными кариотипами и до 7 – у особей-мозаиков. Среднее число В-хромосом на особь в разных популяциях мышей Дальнего Востока изменяется от 0 до 4. В клетках двух групп мышей – со стабильными и мозаичными кариотипами – преобладают различные числа хромосом, которые отличаются и в популяциях разных географических регионов. Особи-мозаики имеют от 2 до 5 клеточных клонов. По-видимому, распределение мышей со сходными вариантами клонов в дальневосточных популяциях вида имеет стохастический характер, а система В-хромосом у вида остается несбалансированной.

Исследована генетическая дифференциация на о. Сахалин двух видов птиц – черной вороны *Corvus corone orientalis* и большеклювой вороны *Corvus macrorhynchos*. На основании сиквенсов гена цитохрома В мтДНК от 94 птиц, собранных на протяжении всего острова, построены филогенетические реконструкции и дендрограммы. Для черной вороны обнаружено два высоко дифференцированных кластера, соответствующих популяциям севера и юга острова. Это подтверждает прежние находки, сделанные на ограниченном материале, но противоречит таксономической схеме, подразумевающей единый подвид. В случае большеклювой вороны, наоборот, выявлена генетическая гомогенность, что также не соответствует подразделению на два подвида – *C. m. mandshuricus*, известной для сев. Сахалина и материковой с.-в. Азии, и *C. m. japonensis* с ю. Сахалина, Курильских и Японских островов. Полученные результаты предполагают широкий генный обмен между большеклювыми воронами по всему Сахалину и югу материка, тогда как для черной вороны такой обмен ограничен.