

СОХРАНЕНИЕ БИОРАЗНООБРАЗИЯ

КАМЧАТКИ И ПРИЛЕГАЮЩИХ МОРЕЙ

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ ПОПУЛЯЦИИ СОБОЛЯ *MARTES ZIBELLINA* *KAMTSCHADALICA*

*Genetic monitoring of a population of sable *Martes zibellina kamtschadalica**

Н.П. Балмышева*, А.В. Петровская*, А.С. Валенцев**

*Институт биологических проблем Севера ДВО РАН, Магадан

**Камчатский филиал Тихоокеанского института географии ДВО РАН,
Петропавловск-Камчатский

Дальний Восток выделяется среди других областей России разнообразием климатических условий и, как следствие, фауна этой области имеет сложный видовой состав как по своему происхождению, так и по экологии. Исследование особенностей биологии и популяционной структуры соболя - *Martes zibellina* L – ценного пушного зверя и, в частности, его камчатского подвида *M. z. kamtschadalica*, представляет научный и практический интерес. Полную характеристику подвида дали Кузнецов (1941), Тимофеев, Надеев (1955), Белов, Монахов (1970). По единому мнению ученых, камчатский соболь отличается от соболей других популяций рядом признаков и характеризуется более крупными размерами, что позволяет выделить его в отдельный подвид.

Развитие современных молекулярно-генетических методов анализа, основанных на использовании феномена геномного полиморфизма, существенно расширило представление о генетических процессах, протекающих в природных популяциях животных. Основная цель проводимого нами исследования заключается в изучении генетической структуры камчатской популяции соболя по данным о рестрикционном полиморфизме гена цитохрома b митохондриальной ДНК (мтДНК).

Для выделения мт ДНК использовали образцы мышечной ткани, собранные в течение 1999-2001 гг. Проанализировано 60 образцов, собранных на территории шести районах Камчатской области (Елизовский, Мильковский, Соболевский, Быстринский, Усть-Большерецкий, Усть-Камчатский районы).

Выделение мтДНК, последующая амплификация и рестрикционный анализ выполнены согласно ранее описанной методике (Балмышева, Соловенчук, 1999). Исследовался участок мтДНК, имеющий общую длину 1300 пар нуклеотидов – ген цитохрома b. Для оценки изменчивости гена цитохрома b рестрикционный анализ проводился с помощью набора из шести ферментов ресткции - Hinf I, Hae III, Rsa I, Taq I, BstN I, Alu I.

В предыдущих работах по исследованию полиморфизма мтДНК нами зафиксировано наличие трех материнских линий, условно обозначенных как гаплотипы А, В и С, в хабаровской популяции (n=78) и искусственно созданной магаданской популяции (n=52). В сахалинской популяции у исследованных образцов (n=8) зарегистрирован гаплотип В. При анализе гена цитохрома b мтДНК соболя (n=4), обитающего на Курильских островах, зарегистрирован гаплотип А. Данный гаплотип характерен и для соболя, обитающего на Хоккайдо (Masuda, Yoshida, 1994.). У всех проанализированных особей камчатской популяции (n=60) зарегистрирован гаплотип А. Данные о размере и количестве рестрикционных фрагментов гена цитохрома b мтДНК соболей камчатской популяции представлены в таблице.

На Камчатке численность и ареал соболя был восстановлены только за счет местных ресурсов. С нашей точки зрения маловероятно, что депрессия популяции в значительной степени нарушила исходную генетическую структуру.

По данным рестрикционного анализа и секвенирования разделение материнских линий мтДНК соболя А, В и С произошло примерно 500-800 тыс. лет назад, исходя из скорости эволюции мтДНК 2% на миллион лет, т.е. в плейстоцене (Brown et al., 1979). В работах Avise (1994) отмечалось, что изменчивость мтДНК во многом зависит от времени существования популяции с момента основания и исходной структуры предковой популяции. Популяции, обособившиеся в конце плейстоцена, даже в условиях полной изоляции, при скорости эволюции мтДНК 2-2.5% замен на млн. лет, вряд ли, будут иметь такие значительные генетические различия.

Определив по шкале «молекулярных часов» эволюционный возраст последовательностей гена цитохрома b - 130-230 тыс. лет, мы предполагаем, что окончательное заселение Камчатки соболем произошло в позднем плейстоцене. Как указывал Ф. Дарлингтон (1966), важную роль при расселении животных играет расстояние. Учитывая географическую удаленность Камчатки («изоляция расстоянием»), можно предположить, что мономорфизм камчатской популяции, возможно, обусловлен малой величиной исходной популяции. Популяции дифференцируются генетически одна от другой за счет мутаций, генетического дрейфа и природной селекции. Величина генетической изменчивости внутри популяции зависит от эффективного размера материнской популяции, т. е. среднего числа репродуктивных особей, передающих свой генетический материал последующему потомству, и продолжительности процесса, измеряемого числом поколений (Avise, 1994.).

Огромное воздействие на распространение гаплотипов мтДНК в частично или полностью изолированной популяции индивидуумов имеет строго материнский тип наследования мтДНК и отсутствие рекомбинаций. В процессе своего развития нативные популяции претерпевают стохастические изменения, направленные на уменьшение разнообразия генотипов в последовательных поколениях. Так, в условиях полной изоляции спустя примерно $4N_e$ генераций в природной популяции ограниченной численности сохранится только одна линия на популяцию. Этот сценарий, приводящий к полному или значительному доминированию одной митохондриальной линии, подтверждается многочисленными наблюдениями, и в первую очередь для частично или полностью изолированных популяций животных, к числу которых относятся камчатская популяция соболя.

Сравнительный анализ генетической структуры полиморфной хабаровской и мономорфной камчатской популяций подтверждает наличие эффекта островной изоляции для камчатского соболя. Своеобразие генного пула камчатской популяции согласуется с выделением камчатского соболя в отдельный подвид - *M. z. kamtschadalica*.

Длины рестрикционных фрагментов гена цитохрома b мтДНК камчатского соболя

	Hinf I	Hae III	Rsa I	Taq I	BstN I	Alu I
Длины рестрикционных фрагментов (п.н)	480	510	760	1000	920	1300
	350	490	390	220	380	
	160	230	150	80		
	120	65				
	70					
	65					

Список литературы

- Балмышева Н.П., Соловенчук Л.Л. 1999. Генетическая изменчивость гена цитохрома b митохондриальной ДНК соболя (*Martes zibellina* L.) магаданской популяции // Генетика. Т.35, № 9. С.1252-1257.
- Белов Г.А., Монахов Г.И. 1970. О таксономическом положении камчатского соболя (*Martes zibellina camtschadalica*, Birula, 1918) // Зоол. журн. Т.49. Вып.7. С.1096-1098.
- Дарлингтон Ф. 1966. Зоогеография. М.: Прогресс. 520 с.
- Кузнецов Б.А. 1941. Географическая изменчивость соболей и куниц фауны СССР // Тр. Моск. зоотехн. ин-та. Т.1. С.113-133.
- Тимофеев В.В., Надеев В.Н. Собр. 1955. М.: Заготиздат. 403 с.
- Masuda R., Yoshida M.C. 1994. Nucleotide sequence variation of cytochrome b genes in three species of weasels *Mustela itatsi*, *Mustela sibirica*, and *Mustela nivalis*, detected by improved PCR product-direct sequencing technique // J. Mamm. Society of Japan. Vol.19, № 1. P.33-43.
- Brown W.M., George M., Wilson A.C. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. Vol.76. P.1967-1971.
- Awise J.C. 1994. Molecular markers, natural history and evolution. Chapman and Hall, New York. 511 p.