

ПРИЧИНЫ ПОВЫШЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ В ПОПУЛЯЦИЯХ СЕРЫХ ПОЛЕВОК РОДА *ALEXANDROMYS* НА ТЕРРИТОРИИ СРЕДНЕГО ПРИАМУРЬЯ

И.Н. Шереметьева
ФНЦ Биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН,
г. Владивосток

Дана оценка уровня генетического разнообразия в популяциях серых полевков Среднего Приамурья на основе изменчивости мтДНК. Рассмотрены причины его увеличения. В некоторых локальных популяциях полевки Максимовича Среднего Приамурья более чем в 2 раза увеличено генетическое разнообразие, что вызвано зоной контакта двух филогенетических линий в междуречье Биры и Биджана. Повышенное генетическое разнообразие популяции дальневосточной полевки обусловлено сохранением на краю ареала архаичных гаплотипов.

Ключевые слова: генетическое разнообразие, полевки рода *Alexandromys*, Среднее Приамурье.

REASONS FOR INCREASING GENETIC DIVERSITY IN GRAY VOLE POPULATIONS OF *ALEXANDROMYS* GENUS IN THE MIDDLE AMUR RIVER REGION

I.N. Sheremetyeva
Federal Scientific Center of the East Asia Terrestrial Biodiversity FEB RAS,
Vladivostok

The mtDNA control region variability used to estimate the genetic diversity level in gray vole populations in the Middle Amur Region. And also the reasons for increase genetic diversity are considered. In some Maximowicz's vole populations in the Middle Amur region the genetic diversity increased more than doubled, which is due to the contact zone of two phylogenetic lines in the interfluve between Bira and Bijan. The increased genetic diversity of the Reed vole population is due to the archaic haplotypes preservation at the range edge.

Keywords: genetic diversity, gray vole, genus *Alexandromys*, Middle Amur Region.

Любая биологическая система, биоценоз, вид или популяции обладает устойчивостью, по которой понимается ее способность, находится в состоянии динамического равновесия со средой. Важнейшим показателем, от которого зависит устойчивость популяций, прежде всего, является уровень ее полиморфизма. До сих пор, центральной проблемой популяционной генетики считается выявить каковы причин появления различного уровня генетического полиморфизма у разных популяций вида (Lewontin, 1974).

Целью настоящего исследования было на основании анализа контрольного региона мтДНК оценить уровень генетического разнообразия в популяциях серых полевков Среднего Приамурья и проанализировать причины

его увеличения в отдельных популяциях. Материалом для исследования послужили два широкоареальных вида серых полевков *A. fortis* Büchner (1889) и *A. maximowiczii* Schrank (1859). Для обоих видов территория Среднего Приамурья является краем ареала.

В результате анализа контрольного региона мтДНК для полевки Максимовича был отмечен высокий уровень генетической изменчивости ($h=0.99\pm 0.002$ и $\pi=0.021\pm 0.001$), однако каждая отдельная выборка имела снижение нуклеотидного разнообразия (Шереметьева и др., 2015). Исключение составили выборка полевков с острова Большой Уссурийский (BUSS) и выборка полевков с окрестностей пос. Ленинское (LEN) (табл.).

Таблица

Гаплотипическое (h) и нуклеотидное (π) разнообразия в выборках *A. fortis* Büchner (1889) и *A. maximowiczii* Schrank (1859)

Код и объем выборки*	$h\pm S.E.$	$\pi\pm S.E.$
<i>Alexandromys maximowiczii</i>		
NOR (n=15)	0.99±0.028	0.0048±0.001
UVAL (n=10)	0.98±0.054	0.0084±0.001
SAD (n=12)	1.00±0.032	0.0089±0.001
LEN (n=4)	1.00±0.177	0.0212±0.007
BUSS (n=11)	0.98±0.046	0.0134±0.003
BIR (n=10)	0.98±0.055	0.0091±0.002
КНАВ (n=10)	0.98±0.054	0.0037±0.001
<i>Alexandromys fortis</i>		
BLAG (n=6)	0.93±0.122	0.0039±0.001
BUR (n=9)	0.97±0.064	0.0045±0.001
BID (n=10)	0.98±0.054	0.0031±0.001
КНАВ (n=14)	0.99±0.031	0.009±0.002

Примечание – NOR – Амурская область, Норский заповедник, UVAL – Амурская область, окрестности пос. Новокиевский Увал и пос. Белоярово, SAD – Еврейская автономная область, окрестности с. Садовое и пос. Амурзет, LEN – Еврейская автономная область, окрестности пос. Ленинское, BUSS – остров Большой Уссурийский, BIR – Еврейская автономная область, окрестности г. Биробиджан, окрестности пос. Желтый Яр и заповедник «Бастак», КНАВ – Хабаровский край, окрестности пос. Галкино, BLAG Амурская область, окрестности г. Благовещенск, г. Белогорск и пос. Белоярово, BUR – Амурская область, нижнее течение реки Бурея, BID – Еврейская автономная область, окрестности пос. Биджан и пос. Ленинское.

При этом выборка полевков LEN, несмотря на малый объем, имела значение нуклеотидного разнообразия выше, чем для вида в целом. Снижение нуклеотидного разнообразия в отдельных выборках объясняется биологией вида, для которого характерны глубокие депрессии численности, когда вид сохраняется в отдельных небольших достаточно удаленных друг от друга колониях. Увеличение нуклеотидного разнообразия внутри выборки LEN можно объяснить либо тем, что данная выборка наиболее географически близка к центральной популяции, где теоретически должно быть высокое разнообразие, либо в эту выборку вошли особи двух и более

дифференцированных популяций. Вторая гипотеза наиболее правдоподобна, поскольку имеет меньше допущений. Кроме этого обнаружение особи с гаплотипом «Amur» в выборке BUSS так же подтверждает гипотезу о стыке двух генетически различных популяций, которые соответствуют филогенетическим подгруппам «Amur» и «Khab». Распространение особей полевки Максимовича несущих гаплотипы подгруппы «Amur» происходит, вдоль реки Амур вниз по ее течению.

В результате анализа контрольного региона мтДНК для дальневосточной полевки отмечен более низкий уровень генетической изменчивости ($h=0.93\pm 0.008$ и $\pi=0.016\pm 0.0003$) как для вида в целом, так и для отдельных популяций по сравнению с полевкой Максимовича. Во всех исследованных выборках Среднего Приамурья отмечено снижение нуклеотидного разнообразия, чем у вида в целом. Исключение составила выборка Хабаровского края, окрестности пос. Галкино (КНАВ), в которой нуклеотидное разнообразие было в 2-3 раза выше, чем у остальных. Увеличение разнообразия в КНАВ обусловлено наличием в выборке особей двух дифференцированных филогенетических линий, становление которых происходило в различных географически изолированных рефугиумах. Одна из этих линий, очень редко встречается только в некоторых краевых популяциях основного северного ареала вида, но фиксирована в изолятах время формирования, которых свыше 10 тыс. лет (Гуськов, Шереметьева, 2012). Вероятно, эта линия, является более древней на данной территории. Последующее расселение дальневосточной полевки привело к смене гаплотипов на основной северной части ареала. Тогда как архаичные гаплотипы сохранились только на краю ареала в реликтовых популяциях. Одна из таких популяций расположена в окрестностях пос. Галкино Хабаровского края.

Список литературы:

Гуськов В.Ю., Шереметьева И.Н. Генетическая изменчивость и дифференциация малых островных популяций дальневосточной полевки *Microtus fortis* Buchnetr, 1889 (RODENTIA, CRICETIDAE) // Растительный и животный мир островов северо-западной части Тихого океана: мат-лы Международ. курильского и Международ.о сахалинского проектов. Владивосток: Издательство Дальнаука, 2012. С. 388–395.

Шереметьева И.Н., Картавцева И.В., Фрисман Л.В., Васильева Т.В., Аднагулова А.В. Полиморфизм и генетическая структура полевки Максимовича *Microtus maximowiczii* (Schrenck 1858) (Rodentia, Cricetidae) среднего Приамурья по данным секвенирования контрольного региона мтДНК // Генетика. 2015. Т. 51, № 10. С. 1154-1162.

Lewontin R.C. The Genetic Basis of Evolutionary Change. New York and London: Columbia University Press, 1974. P. 346.