

ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ВОЛКА *Canis lupus L.*: ЧТО МЫ ЗНАЕМ И ЧТО ХОТИМ УЗНАТЬ

Политов Д. В.¹, Талала М. С.¹, Бондарев А. Я.², Павлов П. М.²,
Захаров Е. С.³, Межнев А. П.⁴

¹Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН,
Россия, Москва, 119991

²ФГБУ «Центрохотконтроль», Россия, Москва, 117218

³Институт биологических проблем криолитозоны СО РАН, Россия,
Якутск, 677890

⁴Министерство природных ресурсов и экологии Российской Федерации,
Россия, Москва, 125993
E-mail: dmitri_p@inbox.ru

Интерес к изучению популяционно-генетической структуры волка (*Canis lupus L.*) определяется важным экологическим и социо-экономическим значением этого широко распространённого вида. В ряде районов, где стабильно или периодически наблюдается высокая численность волка, стоит задача регулировать рост его популяции из-за существенного вреда, приносимого домашним и охотничьим животным этим сильным и умным хищником. В то же время, на значительной части ареала, в частности, во многих областях Европы, необходимо предпринимать различные меры охраны и даже восстанавливать вид путём реинтродукции на территориях, где он исчез в результате непосредственного преследования человеком или нарушения естественных местообитаний. При низкой численности популяции волка также испытывают последствия гибридизации с собакой. В отношении Палеарктики российскую часть ареала, и прежде всего популяции Сибири, можно рассматривать как ядро видового генофонда. Пространственное распределение генетической изменчивости, как в центре, так и на периферии ареала волка в Евразии, в настоящее время слабо изучено. Баланс территориальности, свойственной стаям, формирующимся на основе доминирующих размножающихся пар и миграционной активности молодых зверей при расселении, а также сезонные миграции волка в тунд-

ровых, степных и горных местообитаниях создают предпосылки, как к формированию, так и размыванию генетически выраженных территориальных группировок. Количественные оценки пространственной подразделённости для большей части ареала волка в России отсутствуют, а баланс факторов, формирующих генетическую структуру вида (поток генов, генетического дрейфа, стабилизирующего и локального дизруптивного отбора) остаётся неизвестным. Если североамериканские и периферийные европейские (Скандинавия, Прибалтика, Балканы, Пиренеи) популяции охарактеризованы по митохондриальным и ядерным ДНК-маркерам, то в отношении волка Дальнего Востока, Сибири, Урала и востока Европейской части России подобные работы ещё только разворачиваются. В настоящем исследовании мы приводим пилотные результаты анализа популяционно-генетической структуры волка Сибири и прилегающих территорий Восточной Европы. Исследовали образцы 496 особей волка, представленных преимущественно фрагментами высушенных шкур зверей, добытых охотниками в 2007–2016 гг. в различных регионах Сибири: Алтайский край, Республика Тыва, Красноярский край, Республика Бурятия, Забайкальский край, Республика Саха (Якутия) и Европейской части России (Северный Кавказ, Ленинградская обл. и др.; приведены в качестве аутгруппы). Основная часть образцов проанализирована с помощью шести микросателлитных локусов с тетра- и пентануклеотидными повторяющимися мотивами (Francisco et al., 1999). Микросателлитный анализ выявил высокий уровень полиморфизма, однако статистически значимых различий показателей аллельного и генного разнообразия между выборками не выявлено, что может свидетельствовать о стабильной популяционно-генетической структуре популяций волка без существенных последствий эффекта резкого снижения численности («бутылочного горлышка»). Средняя ожидаемая гетерозиготность H_E составила 0,685. В то же время относительно низкие попарные значения показателя генетической подразделённости между выборками F_{ST} (0,007–0,07) и среднее значение F_{ST} , равное 0,06, свидетельствуют об интенсивном потоке генов, связывающем территориальные группировки волка различных регионов Сибири. Анализ главных координат по матрице попарных генетических дистанций (PCoA) показал кластеризацию выборок,

в целом соответствующую их географическому происхождению. При этом выявлены основные группировки:

- 1) Алтай + Тыва
- 2) Забайкалье + Бурятия
- 3) Якутия

Результаты анализа многолокусных гаплотипов в программах Geneland и *STRUCTURE* продемонстрировали выраженное изменение распределения вклада различных генетических кластеров (К варьировало от 3 до 5) в генофонд изученных группировок волка, как в широтном, так и в меридиональном направлении. В целом, наблюдается соответствие выявленной генетической структуры данным о динамике численности и распространении форм (подвидов) волка на исследованной территории. В частности, у волка Якутии и севера Красноярского края отмечено наличие кластера, который, вероятно, связан с выделенным ранее на основе морфологии тундровым волком, а у алтайских и забайкальских волков можно предполагать вклад генов степного волка Казахстана и Монголии, соответственно. Выполненный на подвыборке в 133 особи анализ последовательностей контрольного региона митохондриальной ДНК (Талала и др., 2017) показал высокий уровень гаплотипического (0,92) и нуклеотидного (0,02) разнообразия сибирских волков. Построенная медианная сеть гаплотипов выявила наличие предположительно как древних, широко распространённых гаплотипов, так и производных, приуроченных к определённым регионам: 1) Алтай + Тыва; 2) Забайкалье + Бурятия и 3) Якутия, что в целом соответствовало данным анализа ядерных микросателлитных локусов. Таким образом, на исследованной территории выявлен высокий уровень изменчивости молекулярно-генетических маркеров ядерной и цитоплазматической локализации и невысокие значения показателей межпопуляционной дифференциации. Наблюдаемую картину можно объяснить стабильной, поддерживаемой балансом миграции и стабилизирующего отбора генетической структурой популяций волка Сибири. При этом пространственная кластеризация территориальных группировок волка достаточно хорошо выражена, что может отражать локальную адаптацию и естественный отбор местных субпопуляций и отдельных семей. Многое в генетической структуре волка ещё остается неясным. Так, мы планируем оценить дифференциацию сибирских и ев-

ропейских популяций, что позволит оценить статус сибирского лесного волка, по ряду источников представляющего отдельный подвид, а по другим — составляющий единый комплекс со среднерусским волком, и, возможно, являющимся его донорским генофондом при расселении с востока, из областей с высокой численностью, на запад. Перспективы более подробного анализа генетической структуры волка связаны с увеличением охвата территории, спектра и количества молекулярных маркеров. Проясняющаяся в ходе данного исследования картина позволит решать и практические задачи по выявлению территорий, где нужно предпринимать меры охраны волка и регионов, где требуется реализация согласованной между соседними субъектами РФ научно обоснованной программы по регулированию его численности. При этом следует чётко различать принятие мер в отношении быстрого роста численности молодых особей и необходимость сохранения размножающихся и умеющих охотиться пар.

Работа выполнена при поддержке подпрограммы «Генофонды живой природы и их сохранение» Программы фундаментальных исследований РАН «Биоразнообразии природных систем».