

ЭКОЛОГО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ НЕОДНОРОДНОСТЬ ПРИРОДНЫХ ПОПУЛЯЦИЙ «ЖЕЛТЫХ»
ТРЯСОГУЗОК (PASSERIFORMES, MOTACILLIDAE) В СРЕДНЕМ ПОВОЛЖЬЕ (УЛЬЯНОВСКАЯ
ОБЛАСТЬ)

Артемьева Е.А., Мищенко А.В., Макаров Д.К.

Ульяновский государственный педагогический университет им. И.Н. Ульянова, Россия
hart5590@gmail.com

В течение полевых сезонов 2012–2015 гг. проводились исследования совместного гнездового поселения желтой *Motacilla flava flava* Linnaeus, 1758, белоухой *Motacilla flava beema* (Sykes, 1832), белоголовой *Motacilla flava leucomelana* (Przewalski, 1887) и желтолобой *Motacilla lutea* (S.G. Gmelin, 1774) трясогузок в окр. озера Песчаное Ульяновской области (Среднее Поволжье), которые обитают симпатрично на территории европейской части России. Для проведения молекулярно-генетического анализа были исследованы кладки данных видов: яйца желтолобой трясогузки (3 экз.) (от 20.05. 2013 г.); яйца желтолобой трясогузки (3 экз.) (25.05.2013 г.); яйца желтолобой трясогузки (3 экз.) (23.05.2015 г.); яйца желтой трясогузки (4 экз.) (7.06.2015 г.); яйца белоголовой трясогузки (4 экз.) (7.06.2015 г.). Материал гомогенизировался в литическом растворе в течение 10 минут, после к нему добавлялась протеаза К и проводилась инкубация при температуре 56°C 6 часов. Из полученного супернатанта проводилось выделение ДНК на силиконовых колонках. В качестве генетического маркёра был выбран митохондриальный ген цитохрома оксидазы I (COI). Амплификация осуществлялась с помощью праймеров BirdF1: TTCTCCAACCACAAAGACATTGGCAC. Амплификацию проводили с использованием термоциклира SpeedCycler 2 (Analytik Jena). Параметры полимеразной цепной реакции (ПЦР) были следующими: 5 минут при 94°C, 30 секунд при 94°C, 30 секунд при 52°Cи 40 секунд при 72°C (всего 35 циклов). Финальная элонгация длилась 5 минут при 72°C. Далее проводился электрофорез в 1% агарозном геле с целью определения качества проведённой ПЦР. Очищенные продукты амплификации секвенировались с использованием капиллярного генетического анализатора ABI PRISM 3500 (Life Technologies) (с предварительным проведением сиквенсовой реакции с флюоресцентно-меченными дезоксирибонуклеотидами и последующей очисткой набора терминированных фрагментов). Последовательности были выравнены с помощью программы ClustalW2, с помощью программы JalView построены филогенетические дендрограммы с указанием генетических дистанций. Выявлены три кластера особей выводков в совместном гнездовом поселении симпатричных видов, которые соответствуют белоухой трясогузке *M. f. beema* (генетическая дистанция 1,02) и чистой желтолобой трясогузке *M. f. lutea* (генетическая дистанция 0,72), а также многочисленная сборная группа (генетическая дистанция 0,34), состоящая из номинативного подвида *M. f. flava* желтых трясогузок (генетическая дистанция 0,13), белоухих *M. f. beema* (генетическая дистанция 0,39) и метисных желтолобых *M. f. lutea* (генетические дистанции 0,13–0,18). При этом метисные *M. f. lutea* представляют генетически достаточно однородную группу и четко обособлены от кластера, который представлен белоголовыми трясогузками *M. f. leucomelana* (генетические дистанции 0,21–0,26). Существование гибридизации между подвидами желтой трясогузки *M. flava* и желтолобой трясогузкой *M. lutea* является важнейшим лимитирующим фактором распространения и численности последней, приводит к появлению и дальнейшему накоплению в популяции особей белоголовой трясогузки *M. f. leucomelana*. Внутривидовая гибридизация подвидовых форм *M. flava* – номинативной *M. f. flava* и белоухой *M. f. beema* – приводит к постоянно происходящим генотипическим расщеплениям, которые поддерживают внутривидовой полиморфизм популяций и обеспечивают основу для дальнейшей генетической дивергенции данных подвидов и видов. Подвид белоголовой трясогузки *M. f. leucomelana* характеризуется максимальными генетическими дистанциями (1306,67–1375,67), что соответствует видовому рангу. Современный политипический комплекс *M. flava*, вероятно, сформировался в историческое время на основе веерной гибридизации между исходными формами *M. f. flava* и *M. f. lutea*, когда факторы генетической дифференциации и дивергенции играют ведущую роль в формировании пространственно-временной и генетической структуры рода *Motacilla*.