

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ УТОК *ANAS ACUTA* L. И *ANAS PENELOPE* L. НА ЮОГЕ ЗАПАДНОЙ СИБИРИ

Коробицын И.Г., Тютенъков О.Ю., Терентьева С.П., Баздырев А.В.

Национальный исследовательский Томский государственный университет, г. Томск, Россия
rozenpom@mail.ru

У отдельных видов гулеобразных на основании расположения мест гнездования, линьки и зимовок, выявленных по возвратам колец, на пространстве Евразии выделяют несколько популяций (Шеварева, 1968, 1974; Миграции птиц..., 1997; Линьков, 2002). При этом известно, что птицы одной популяции могут иметь разные зимовки. Так, у отдельных видов уток из Западной Сибири известно до 3 мест зимовок, а в целом, благодаря центральному положению исследуемой территории на Евразийском континенте, гулеобразные летят в направлении 5 различных мест зимовок. Возможность выявления связей тех или иных территориальных гнездовых группировок с местами зимовок позволила бы дифференцированно подходить к вопросам использования и охраны ресурса. Одним из таких маркеров территориальных группировок, возможно, могла бы быть молекулярно-генетическая оценка разнообразия птиц по отдельным генным локусам. Для проверки возможности использования молекулярно-генетических методов в разделении группировок гулеобразных были выбраны два наиболее многочисленных в Западной Сибири вида уток – шилохвость и свиязь, гнездовые ареалы которых охватывает всю Евразию, а у шилохвости – и Северную Америку. Молекулярным маркером был выбран фрагмент mtДНК – 5'-гипервариабельный участок контрольного региона, часто используемый в работах по филогеографии животных, в том числе гулеобразных (Kulikova et al., 2005, Peters et al., 2014).

Анализ фрагмента контрольного региона (659 пн) 46 особей свиязи с территории Томской области выявил лишь 6 вариабельных позиций и наличие 8 гаплотипов. Один из них – наиболее многочисленный – встречен у 33 особи. Второй гаплотип отнесен у четырех особей, третий – у трех, четвертый – у двух и еще четыре гаплотипа были оригинальные. В целом, гаплотипическое и нуклеотидное разнообразие оказалось достаточно низким: $H = 0,488 \pm 0,089$ и $\pi = 0,0011 \pm 0,0006$ соответственно. При исключении из анализа образцов, собранных в одном локалитете (30), вероятно, родственных птиц, показатели гаплотипического и нуклеотидного разнообразия увеличились, составив $H = 0,88 \pm 0,04$ и $\pi = 0,025 \pm 0,0017$, что оказалось выше аналогичных данных для этого вида из Приморья: $H = 0,59 \pm 0,08$ и $\pi = 0,0015 \pm 0,0012$ (Куликова, Журавлев, 2010). Филогенетическое древо связей из Томской выборки, построенное методом максимального правдоподобия (ML), показало отсутствие четкой кластеризации особей по данному маркеру. Аналогичную картину демонстрировала и сеть гаплотипов, на которой все особи формировали одну кладу, с небольшими различиями в 1–4 мутациях.

Анализ фрагмента контрольного региона (655 пн) у 54 особей шилохвости с территорий Томской и Новосибирской областей выявил 26 полиморфных позиций. Всего было выявлено 29 гаплотипов, один из которых встречен у 15 особей. Шесть гаплотипов встречались также у нескольких особей, но с небольшой частотой: от двух до 5 индивидов, 22 гаплотипа были оригинальными. Гаплотипическое разнообразие (H) было выше, чем у свиязи, и составляло $0,9032 \pm 0,0424$. Нуклеотидное (π) также было выше: $0,005 \pm 0,003$. Филогенетическое древо, построенное методом максимального правдоподобия (ML), показало наличие двух клад, однако не подтвержденных бутстрэп-поддержкой, при этом не выявлено никакой географической привязки или какой-либо закономерности в группировании особей.

Таким образом, для свиязи и шилохвости на исследуемой территории не удалось выявить сколько-нибудь обособленные кластеры, что связано, видимо, с некоторой долей обмена особями между группировками в гнездовом и зимовочном ареале.

Работа выполнена в рамках Госзадания, проект № 6.657.2014/К.