

## ОСОБЕННОСТИ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ АРЕАЛА СТЕПНОГО СУРКА В ПРАВОБЕРЕЖНЫХ РАЙОНАХ СРЕДНЕГО ПОВОЛЖЬЯ

Наумов Р.В.<sup>1</sup>, Кузьмин А.А.<sup>2</sup>, Титов С.В.<sup>1</sup>

1 – Пензенский государственный университет, г. Пенза, Россия

2 – Пензенский государственный технологический университет, г. Пенза, Россия

[www.naumov\\_roman@mail.ru](mailto:www.naumov_roman@mail.ru)

Изучение генетической структуры ареала степного сурка (*Marmota bobak* Müll) является достаточно трудной исследовательской проблемой. Это связано с проводившейся в России в 70-е годы XX века крупномасштабной интродукцией байбака. В результате заселения большого количества особей из значительно удаленных материнских поселений, генофонд большинства колоний был значительно искажен. Оценить его было практически невозможно, но с широким внедрением в практику молекулярно-генетических методов стало возможным вернуть потерянную информацию, а при помощи генетической статистики выявить особенности генетической структуры современной области обитания степного сурка.

Для анализа генетической структуры и генетического разнообразия пространственно подразделенных популяций сурков и их отдельных поселений использовали митохондриальные (D-loop, 1063 пн,  $n = 23$  и Cyt b, 1013 пн,  $n = 17$ ) и микросателлитные (IGS-бр,  $n = 77$ ) маркеры. Полученные последовательности фрагментов мтДНК проанализированы с помощью пакета программ MEGA 6.06, DnaSP 4.10 и Network 4.6.1.3. На основе частотных распределений микросателлитных аллелей проведен анализ генетической структуры популяций и отдельных поселений при помощи многоуровневой F-статистики (показатели инбридинга, индекс фиксации, показатели гетерозиготности и стандартные показатели разнообразия и изменчивости) (Arlequin 3.11).

Были получены следующие результаты:

1) Проведенный анализ нуклеотидных последовательностей D-loop методом ML позволил произвести кластеризацию поселений из географически изолированных точек в несколько групп – GR1 и GR3 – реликтовые поселения степного сурка с генетически сходными дочерними поселениями и GR2 – дочерние поселения, сформировавшиеся после реакклиматизационных мероприятий. Было выделено 15 гаплотипов. Проведенный D Тайм-тест указывает на возможный рост числа популяций и населения после прохождения «бутылочного горлышка» в период депрессии численности. Этот вывод достаточно хорошо соотносится с «реакклиматизационной» историей восстановления ареала степного сурка в Поволжье. Построенная медианная сеть содержит две гаплотипические группы поселений сурков, объединяющие как материнские, так и образованные в результате реакклиматизации, дочерние поселения.

2) Анализ нуклеотидных последовательностей Cyt b методом ML позволил объединить поселения из географически изолированных точек только в две группы – GR1 – дочерние поселения, сформировавшиеся после реакклиматизационных мероприятий и GR2 – реликтовые поселения степного сурка с генетически сходными дочерними поселениями.

3) Проведенный анализ микросателлитной ДНК по одному локусу показал, что большинство поселений сурков стабильны ( $G-W_{mod} = 0,588$ ) и изолированы, а поток генов между ними незначителен ( $F_{ST} = 0,55$ ).

Исследования выполнены при финансовой поддержке РФФИ (№14-04-00301 а) и Министерства образования и науки РФ в рамках государственного задания ФГБОУ ВПО «Пензенский государственный университет» в сфере научной деятельности на 2014–2016 год (проект 1315).