

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА НАСЕЛЕНИЯ СОБОЛЯ (*MARTES ZIBELLINA* L.) ТОМСКОГО ПРИОБЬЯ

Тютеньков О.Ю., Коробицын И.Г., Немойкина О.В., Москвитина Н.С.

Национальный исследовательский Томский государственный университет, г. Томск, Россия  
zoo\_tsu@mail.ru

Современные группировки соболя Томского Приобья традиционно считаются потомками акклиматизированных особей из Восточной Сибири (Монахов, 2006). Интенсивный пушной промысел, который начался с момента основания г. Томска в 1604 г., привёл к тому, что численность аборигенного подвида резко сократилась. К началу XX века его запасы достигли минимально критической величины. Ареал из сплошного превратился в разорванный, состоящий из отдельных изолированных очагов. Ко времени запрета на добычу соболя в 1935 г., на территории Томского Приобья он обитал лишь в труднодоступных угодьях вблизи Бакчарских болот (верховья р. Чая), в бассейне р. Васюган, а также на правобережье Оби – в верховьях рек Кеть и Чулым (Лаптев, 1958). Эти негативные процессы послужили поводом для реакклиматизации. С 1940 по 1957 гг. в Томскую область из Иркутской области и Бурятской АССР было завезено 1347 диких соболей (Павлов и др., 1973). В результате в конце XX века вид на исследуемой территории заселил все пригодные местообитания, а высокая численность позволила вести интенсивный промысел. При этом современное население соболя юго-востока Западной Сибири отличается чрезвычайным разнообразием как по морфологическим показателям (Ранюк, Монахов, 2011), так и по окраске меха (Тютеньков и др., 2010). Цель работы – оценить современное генетическое разнообразие населения соболя как следствие его перестроек.

Работа основана на анализе 65 образцов, собранных в группировках соболя, населяющих бассейны рек Васюган, Тым и Чая. В качестве маркера использовали фрагмент контрольного региона мтДНК длиной 495 п.н. (Рожнов и др., 2010). Характерной чертой «томской» выборки, по сравнению с данными из других частей ареала (Пищулина, 2013), является низкое генетическое разнообразие ( $H = 0.89 \pm 0.02$ ,  $\pi = 1.16 \pm 0.63$ ). Подобное явление хорошо известно для популяций, основанных небольшим числом предковых особей.

Медианная сеть, построенная на основе всех полученных нами вариантов контрольного региона мтДНК, демонстрирует наличие на территории Томского Приобья двух митогрупп, четко отделенных друг от друга, что подтверждает наличие двух предковых линий – аборигенов и акклиматизантов. Группа 1 ( $n = 22$ ) на 55 % представлена соболем из бассейна р. Тым, близким по своему фенооблику с завезенными «баргузинскими» особями. Группа 2 (43 образца) на 47 % состоит из особей с р. Васюган, сходных по морфологии с автохтонными животными. Данное соотношение может быть доказательством существующего обмена особями между разными группировками соболя при наличии сплошного ареала вида в Томском Приобье.

Небольшое расстояние между митогруппами (8 нуклеотидных замен), низкое нуклеотидное и гаплотипическое разнообразие свидетельствуют о формировании современной популяции в результате недавнего соединения нескольких ранее изолированных группировок, исходно отличающихся невысокой численностью, обусловленной малым числом животных-основателей (аллохтоны) или прохождением популяции через длительное демографическое «бутылочное горлышко» (автохтоны). Таким образом, современная генетическая структура населения соболя Томского Приобья напрямую отражает его преобразование под воздействием интенсивного пушного промысла, биотехнических и охранных мероприятий.

Работа выполнена в рамках госзадания № 6.657.2014/К и Программы повышения конкурентоспособности ВИУ ТГУ.