

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ И ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ ПОПУЛЯЦИЙ БОЛЬШОГО СУСЛИКА В ПОВОЛЖЬЕ

Чернышова О.В.¹, Кузьмин А.А.², Наумов Р.В.¹, Титов С.В.¹

1 – Пензенский государственный университет, г. Пенза, Россия

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

oliarabbit@yandex.ru

Был проведен ML-анализ последовательностей фрагментов D-петли мтДНК ($n = 22$) большого суслика с использованием эволюционной модели НКУ. Уровень изменчивости митохондриальных фрагментов D-loop большого суслика оказался высоким (для внутривидового уровня) и изменяется в пределах от 0,0 до 11,8% (3,6%). Построенная по результатам анализа кладограмма объединяет географически изолированные популяции в три группировки (метапопуляции) – G1 Левобережную, G2 Правобережную (относительно р. Сызранки, разрезающей Ульяновскую обл. на южную и северную части) и G3 Приволжскую. Внутри метапопуляций изменчивость последовательностей невелика и составляет для G1 – 0,57%, G2 – 0,04% и G3 – 0,07%. Межпопуляционные различия по этому показателю выше и перекрывают внутривидовые – от 0,2 до 11,4%.

Проведенный анализ гаплотипического и нуклеотидного разнообразия (D-петли) популяций большого суслика позволил выделить 9 гаплотипов ($Hd = 0,658$, $Pi = 0,0336$ и $k = 34,2$). Проведение D Tajima-теста, выявил интересную особенность популяционной структуры правобережной части ареала большого суслика. Хотя и недостоверные ($0,1 < p$), но близкие к «0» значения t показателя Tajima D (0,265) указывает на возможное генетическое равновесие населения и на отсутствие признаков отбора. Построенная медианная сеть (NetWork 4.6.1.2) в целом подтверждает данные, полученные при анализе выше. Результаты медианного теста указывает на существование двух групп генетически близких популяций, расположенных на разных берегах р. Сызранки.

Изучение генетической структуры популяций большого суслика по микросателлитным маркерам с использованием индекса фиксации гамет выявил высокий уровень генетической разнородности локальных популяций *S.major*. Индекс F_{ST} по трем локусам равен 0,477. При сравнении с аналогичными данными по североамериканским видам р. *Spermophilus* становится очевидным, что популяции большого суслика являются изолированными, а поток генов между ними незначителен. Правильность выделения группировок популяций (метапопуляций) большого суслика по данным изменчивости мтДНК можно проверить по индексам фиксации гамет. Так, в иерархическом ряду индексов фиксации гамет отмечается незначительная тенденция к увеличению их аппроксимированных значений. Таким образом, предложенная группировка популяций имеет право на существование, однако требует большего числа фактических доказательств.

Анализ генетической дистанции ($\delta\mu^2$) на основе модели пошаговой мутации между популяциями в выделенных группировках (метапопуляциях) по микросателлитным данным (STR1) показал менее значительный размах изменчивости (при сравнении средних и максимальных значений) только в метапопуляции G1 Левобережье Сызранки (0,480, 4,000, соответственно) по сравнению с G2 Правобережье Сызранки (0,895, 2,983, соответственно). Этот факт свидетельствует о том, что дивергенция популяций во второй группе произошла позже, нежели в первой, а распространение большого суслика в левобережье Сызранки является совсем недавним событием.

Исследования выполнены при финансовой поддержке РФФИ (№14-04-00301а) 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).