

ВОЗМОЖНЫЙ АДАПТИВНЫЙ СМЫСЛ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ У ОБЫКНОВЕННОЙ РЫСИ

Шмидт К.¹, Раткевич М.², Матосиук М.², Савельев А.П.³, Сидорович В.⁴, Озолинс Ю.⁵, Маннил
П.⁶, Балцяускас Л.⁷, Койола И.⁸, Окарма Х.⁹, Ковальчик Р.¹

1 – Териологический институт Польской академии наук, г. Беловежа, Польша

2 – Биологический институт, Белостокский университет, г. Белосток, Польша

3 – Всероссийский научно-исследовательский институт охотничьего хозяйства и звероводства
имени профессора Б.М. Житкова, г. Кирок, Россия

4 – Центр биологических ресурсов (бывший Зоологический институт) национальной академии
наук, г. Минск, Республика Беларусь

5 – Латвийский государственный институт изучения леса «Силава», г. Саласпилс, Латвия

6 – Агентство окружающей среды Эстонии, г. Тарту, Эстония

7 – Центр природных ресурсов, г. Вильнюс, Литва

8 – Финский исследовательский институт охоты и рыболовства, Университет Оулу, Финляндия

9 – Институт охраны природы Польской академии наук, г. Раков, Польша
kschmidt@ibs.bialowieza.pl

Ввиду высокой мобильности крупные наземные хищники потенциально способны поддерживать постоянную связь и, следовательно, низкую генетическую дифференциацию между популяциями. Тем не менее, предыдущие молекулярные исследования в отношении этого представили противоречивые результаты. Для выяснения закономерностей генетической структуры у крупных хищников мы изучали генетическую изменчивость обычной рыси всей северо-восточной Европы с использованием микросателлитов, контрольного региона митохондриальной ДНК и маркеров, сцепленных с Y хромосомой. Нами не был обнаружен полиморфизм цитохрома b и генов ATP6 mtДНК и маркеров, сцепленных с Y хромосомой. С использованием SAMOVA были выявлены аналогичные паттерны генетической структуры по mtДНК и микросателлитам, которые совпали с относительно низкой значимостью дисперсии по самцам. Рысь, населяющая большую территорию, включающую Финляндию, страны Балтии и западную Россию, образовали единый генетический блок, в то время как некоторые краевые популяции явно отличались от других. Была предложена идея существования миграционного коридора, который соответствует расположению непрерывного лесного покрова. Рысь из Кировской области (Россия) характеризуется наибольшим разнообразием mtДНК (8 гаплотипов) и богатством аллелей микросателлитов (4.4). Самая низкая изменчивость у обоих маркеров была найдена у рыси из Норвегии и Беловежской пущи, что объясняется эффектом бутылочного горлышка на территории Норвегии, и фрагментацией местообитаний в Беловежской пуще. Карпатская популяция, будучи однородной по контролльному региону, показала сравнительно высокое разнообразие микросателлитов, что можно объяснить эффектом бутылочного горлышка, например, во время последнего ледникового максимума. Генетическое структурирование для контрольного региона mtДНК лучше всего объясняется широтой и глубиной снежного покрова. В противоположность этому, структурирование микросателлитов коррелирует с главной добычей рыси, особенно долей *Cervus elaphus* в ее рационе. Мы пришли к выводу, что рысь способна поддерживать панмиктические популяции по всей Восточной Европе, если не происходит фрагментация среды обитания или сокращения численности. Кроме того, корреляции генетической дифференциации с климатическими и экологическими факторами предполагают возникновение популяций, адаптированных к местным условиям с точки зрения доступности добычи и суровости климата. Кроме того, возможно, что климатические и экологические факторы оказывают разное воздействие на самок и самцов.