

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ И ТАКСОНОМИЧЕСКИЙ СТАТУС КОСУЛЬ (ARTIODACTyla, CERVIDAE, CAPREOLUS GRAY, 1821) ПЕНЗЕНСКОЙ ОБЛАСТИ ПО РЕЗУЛЬТАТАМ АНАЛИЗА МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК

С. В. Титов¹, И. Н. Швычкова², В. Ю. Ильин³, А. А. Кузьмин⁴

^{1, 2, 3} Пензенский государственный университет, Пенза, Россия

⁴ Пензенский государственный технологический университет, Пенза, Россия

¹svtitov@yandex.ru, ⁴kuzmin-puh@yandex.ru

Аннотация. В настоящее время установлено, что на территории Восточной Европы обитают два вида косуль – европейская (*Capreolus capreolus* Linnaeus, 1758) и сибирская (*C. pygargus* Pallas, 1771). При этом в результате искусственного и естественного расселения на участке от Правобережной Волги до Восточной Польши сформировалась область симпатрического обитания с возможной размытой «гибридной зоной». Целью работы было изучение генетического статуса и полиморфизма митохондриальной ДНК косуль (*Capreolus sp.*), добытых на территории Пензенской области. Материал для работы был собран в охотничьих угодьях Пензенской области при непосредственном участии Управления по охране, надзору и регулированию использования животного мира Министерства лесного, охотниччьего хозяйства и природопользования Пензенской области. Аналитическая выборка составила 18 особей из разных районов Пензенской области. Проведен анализ изменчивости двух маркеров митохондриальной ДНК – контрольный регион (C-регион, D-loop) и ген *Cyt b*. Секвенирование фрагментов контрольного региона митохондриальной ДНК ($n = 18$) и гена *Cyt b* ($n = 18$) проводили на секвенаторе ABI 3500 (Applied Biosystems). Нуклеотидные последовательности были изучены с помощью программ BioEdit 7.0 Mega7.0.21 PopArt и DnaSP 5.10.01. Все результаты были проверены статистическими тестами (STATISTICA 13.3). Анализ нуклеотидных последовательностей фрагментов контрольного региона (CR) и фрагмента гена *Cyt b* косуль из Пензенской области методом ML свидетельствуют, что все они соответствуют мтДНК сибирской косули (*C. pygargus*). Только 2 образца по фрагменту гена *Cyt* формируют отдельную гаплогруппу, не имея при этом прямого объединения с образцами европейской косули (*C. capreolus*). Сравнение генетических дистанций формализованных групп сибирских косуль (СР), европейских косуль (СС) и косуль из Пензенской области (СРР) показывает, что по контрольному региону дистанция группы пензенских косуль минимальна с группой *C. pygargus*, а по гену *Cyt b* – с группой *C. capreolus*. Выявленная генетическая дистанция пространственных группировок косуль региона не имеет пространственной обусловленности. Получены положительные значения показателя $T'sD$ (1,221), свидетельствующие о прохождении процесса слабых колебаний общей численности, связанные с неравномерной интенсивностью охотничьей эксплуатации популяций косуль и мероприятий по воспроизводству. Из всей выборки косуль Пензенской области шесть гаплотипов CR митохондриальной ДНК (33,3 %) и шесть гаплотипов гена *Cyt b* (42,8 %) являются регионально специфичными. Анализ видовой принадлежности по двум митохондриальным маркерам косуль из Пензенской области, в большей степени достоверности определяющий их как сибирских, назвать окончательным трудно. Вероятно, мы сталкиваемся со случаями межвидового скрещивания двух видов евразийских косуль или фактом широкой интрогressии митохондриальной ДНК *C. pygargus* в аборигенную популяцию *C. capreolus*. Для прояснения этой ситуации необходимо проведение дополнительных генетических исследований с использованием ядерных маркеров, в том числе и маркеров микросателлитной ДНК.

Ключевые слова: *Capreolus capreolus*, *Capreolus pygargus*, изменчивость, митохондриальная ДНК, Пензенская область

Для цитирования: Титов С. В., Швычкова И. Н., Ильин В. Ю., Кузьмин А. А. Генетический полиморфизм и таксономический статус косуль (Artiodactyla, Cervidae, Capreolus Gray, 1821) Пензенской области по результатам анализа митохондриальной ДНК // Russian Journal of Ecosystem Ecology. 2023. Vol. 8 (4). <https://doi.org/10.21685/2500-0578-2023-4-1>

GENETIC POLYMORPHISM AND TAXONOMIC STATUS OF ROE DEER (ARTIODACTYLA, CERVIDAE, CAPREOLUS GRAY, 1821) OF THE PENZA REGION ACCORDING TO THE RESULTS OF mtDNA ANALYSIS

S.V. Titov¹, I.N. Schvychkova², V.Yu. Ilyin³, A.A. Kuzmin⁴

^{1, 2, 3} Penza State University, Penza, Russia

⁴ Penza State Technological University, Penza, Russia

¹ svtitov@yandex.ru, ⁴ kuzmin-puh@yandex.ru

Abstract. It has now been established that two species of roe deer live in Eastern Europe – the European (*Capreolus capreolus* Linnaeus, 1758) and the Siberian (*C. pygargus* Pallas, 1771). At the same time, as a result of artificial and natural colonization, a zone of sympatric habitat with a possible blurred "hybrid zone" was formed in the area from the Right Bank Volga to Eastern Poland. The purpose of the article was to study the genetic status and polymorphism of mitochondrial DNA of roe deer (*Capreolus* sp.) caught in the Penza region. The material for the article was collected in the hunting grounds of the Penza region with the direct participation of the Department for the Protection, Supervision and Regulation of the Use of Wildlife of the Ministry of Forestry, Hunting and Nature Management of the Penza Region. The analytical sample consisted of 18 individuals from different regions of the Penza region. An analysis of the variability of two mtDNA markers was carried out: the control region (CR) and the Cyt b gene. Sequencing of fragments of the CR mtDNA (n = 18) and the Cyt b gene (n = 18) was performed on an ABI 3500 sequencer (Applied Biosystems). Nucleotide sequences were studied using BioEdit 7.0, Mega7.0.21, PopArt and DnaSP 5.10.01 software. All results were verified by statistical tests (STATISTICA 13.3). Analysis of the nucleotide sequences of fragments of the control region (CR) and a fragment of the Cyt b gene of roe deer from the Penza region using the ML method indicates that they all correspond to the mtDNA of the Siberian roe deer (*C. pygargus*). Only 2 samples of the cytochrome b gene fragment form a separate haplogroup, without a direct association with samples of the European roe deer (*C. capreolus*). Comparison of genetic distances of formalized groups of Siberian roe deer (CP), European roe deer (CC) and roe deer from the Penza region (CPR) shows that for the control region the distance of the Penza roe deer group is minimal with the *C. pygargus* group, and for the Cyt b gene – with group of *C. capreolus*. The identified genetic spatial groupings of roe deer in the region are not spatially determined. The obtained positive values of the T'sD indicator (1.221) reveal the process of weak fluctuations in the total number associated with the uneven intensity of hunting exploitation of roe deer populations and reproduction activities. Of the entire sample of roe deer in the Penza region, 6 CR mtDNA haplotypes (33.3 %) and 6 haplotypes of the Cyt b gene (42.8 %) are regionally specific. The analysis of species identity based on two mitochondrial markers of roe deer from the Penza region, which most reliably identifies them as Siberian, can hardly be called definitive. We are probably faced with cases of interspecific crossing of two species of Eurasian roe deer or the fact of widespread introgression of *C. pygargus* mtDNA into the aboriginal population of *C. capreolus*. To clarify this situation, it is necessary to conduct additional genetic studies using nuclear markers, including microsatellite DNA markers.

Keywords: *Capreolus capreolus*, *Capreolus pygargus*, variability, mitochondrial DNA, Penza region

For citation: Titov S.V., Schvychkova I.N., Ilyin V.Yu., Kuzmin A.A. Genetic polymorphism and taxonomic status of roe deer (Artiodactyla, Cervidae, Capreolus Gray, 1821) of the Penza region according to the results of mtDNA analysis. Russian Journal of Ecosystem Ecology. 2023;8(4). (In Russ.). Available from: <https://doi.org/10.21685/2500-0578-2023-4-1>