

ГОСУДАРСТВЕННОЕ НАУЧНО-ПРОИЗВОДСТВЕННОЕ ОБЪЕДИНЕНИЕ
«НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКИЙ ЦЕНТР НАЦИОНАЛЬНОЙ АКАДЕМИИ
НАУК БЕЛАРУСИ ПО БИОРЕСУРСАМ»

Объект авторского права

УДК: [575.17+575.857]:599.735.31 (476.5)

**Волнистый
Арсений Андреевич**

**ФИЛОГЕОГРАФИЯ И ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ
БЛАГОРОДНОГО ОЛЕНЯ В УСЛОВИЯХ ЕГО РЕИНТРОДУКЦИИ В
БЕЛАРУСИ**

Автореферат
диссертации на соискание ученой степени
кандидата биологических наук

по специальности
03.02.04 – зоология

Минск, 2024

Диссертационная работа выполнена в Государственном научно-производственном объединении «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по биоресурсам»

Научный руководитель:

Гомель Константин Вячеславович

кандидат биологических наук, доцент,
ведущий научный сотрудник лаборатории
молекулярной зоологии ГНПО «НПЦ
НАН Беларуси по биоресурсам»

Официальные оппоненты:

Гричик Василий Витальевич

доктор биологических наук, профессор,
заведующий лабораторией общей
экологии и методики преподавания
биологии Белорусского Государственного
Университета

Михайлова Марина Егоровна

кандидат биологических наук, доцент,
заведующий лабораторией генетики
животных Института генетики и
цитологии НАН Беларуси

Оппонирующая организация:

Учреждение образования «Полесский
государственный университет»

Защита состоится 25.02.2025 г., в 14:00 часов на заседании совета по защите диссертаций Д 01.32.01 при ГНПО «Научно-практический центр НАН Беларуси по биоресурсам» по адресу: г. Минск, ул. Академическая, 27; тел. +375 (17) 243-85-32; факс +375 (17) 304-15-93; e-mail: zoology@biobel.by

С диссертацией можно ознакомиться в совете по защите диссертаций Д 01.32.01 при ГНПО «Научно-практический центр НАН Беларуси по биоресурсам».

Автореферат разослан «14» января 2025 г.

Ученый секретарь
совета по защите диссертаций
кандидат биологических наук, доцент



И.А. Соловей

ВВЕДЕНИЕ

Благородный олень (*Cervus elaphus* Linnaeus, 1758) – вид крупных млекопитающих семейства Cervidae отряда Artiodactyla, занимающий значимую нишу крупного травоядного в лесных экосистемах Европы, а также играющий ключевую роль в охотничьем хозяйстве большинства стран в регионе (Mattioli et al, 2022).

Антропогенная трансформация ключевых биотопов данного вида и его значение в охотничьем хозяйстве оказали колоссальное влияние на его историю и современное состояние. На территории Беларуси численность популяции благородного оленя на протяжении нескольких сотен лет неоднократно падала под влиянием охоты и фрагментации среды обитания в ходе антропогенной трансформации ландшафтов. В результате воздействия указанных факторов благородный олень как вид на территории Беларуси неоднократно оказывался в критическом положении, а стабильность лесных экосистем и состояние охотничьего хозяйства в стране несли ощутимый урон (Романов, Козло, 2002). Тем не менее, благородный олень в настоящее время остается одним из наиболее значимых видов лесных экосистем Беларуси как в экологическом, так и в хозяйственном значении. В определяющей мере это связано с тем, что начиная с середины XX века в Беларуси предпринимались обширные кампании по реинтродукции вида и восстановлению его численности в пределах исходного ареала, включавшие завоз особей как из стран СССР в советский период, так и из зарубежных государств в период с наступления независимости Республики Беларусь (Шакун, 2011). Эти кампании достигли значительного успеха в восстановлении численности вида в стране и возвращении его на значительную часть исходного ареала (Шакун, Велигуров, 2018). Однако, необходимо отметить, что технологические, организационные и финансовые факторы долгое время ограничивали возможности подобных мероприятий, в результате чего современные заключения о происхождении современной популяции благородного оленя построены главным образом на изучении морфологии особей. Также не проводились исследования по оценке успешности адаптации реинтродуцированных особей. Таким образом, фактическое происхождение современной метапопуляции благородного оленя в Беларуси, её генетический статус, структура и поток генов в результате миграции и расселения особей, а также адаптивный потенциал на сегодняшний день не известны.

Настоящее исследование направлено на определение происхождения и генетической структурированности белорусской метапопуляции благородного оленя и характеристику её генетического разнообразия в целях

эффективного управления её популяционными группировками в условиях реинтродукции в Беларуси.

ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА РАБОТЫ

Связь работы с научными программами, темами. Исследования, представленные в текущей работе, были выполнены в рамках следующих научно-исследовательских работ:

1) Базовое задание 2.5 «Создание научных основ управления целевыми признаками популяций редких и хозяйственно-значимых видов животных и растений на основе исследования структурно-функциональной организации их геномов» по теме ГПНИ «Природные ресурсы и окружающая среда» на 2021-2025 гг. «Оценка молекулярно-генетических последствий и связанных с ними рисков при популяционных нарушениях у проблемных ресурсных, биоценотически значимых и редких видов животных» (№ госрегистрации 20210241).

2) Задание П.5.1 «Генетическая паспортизация популяций оленя благородного как основа по формированию и поддержанию высокой степени разнообразия и темпов воспроизводства» ГНТП «Природопользование и экологические риски» на 2016-2020 годы, подпрограмма 01 «Рациональное природопользование и инновационные технологии глубокой переработки природных ресурсов» (№ госрегистрации 20181983).

3) Задание 2.14 «Генетические аспекты микроэволюционных процессов у чужеродных и аборигенных видов животных» подпрограммы 2 «Биоразнообразие, биоресурсы, экология» государственной программы научных исследований «Природопользование и экология» на 2016-2020 годы (№ госрегистрации 20160596).

4) Грант НАН Беларуси «Выявление потока генов марала *Cervus elaphus maral* в западной части белорусской популяции благородного оленя *Cervus elaphus*» по договору № 2023-28-029 (№ госрегистрации 20230843).

Тема диссертационной работы соответствует пункту 3. «Энергетика, строительство, экология и рациональное природопользование» перечня «Приоритетных направлений научных исследований Республики Беларусь на 2021–2025 годы» по Указу Президента Республики Беларусь от 7 мая 2020г. №156, а также пункту 3.2.9 «Экология и рациональное природопользование» стратегии «Наука и технологии» на 2018–2040 гг.

Цель исследования - установление филогеографических связей, выявление генетической структурированности и оценка генетического разнообразия белорусской метапопуляции благородного оленя для его

сохранения и осуществления эффективного управления ресурсами данного вида.

Задачи исследования:

1. Определить происхождение белорусской метапопуляции благородного оленя посредством филогеографического анализа на основании полиморфизма нуклеотидных последовательностей митохондриального контрольного региона.

2. Выявить уровень генетической структурированности в белорусской метапопуляции благородного оленя с использованием Байесовского анализа полиморфизма микросателлитных локусов.

3. Оценить генетическое разнообразие в белорусской метапопуляции благородного оленя, исходя из полиморфизма микросателлитных локусов и нуклеотидных последовательностей митохондриального контрольного региона.

4. Дать рекомендации по управлению белорусской метапопуляцией благородного оленя на основании характеристик генетического разнообразия и выявленной генетической структурированности.

Объект исследования: белорусская метапопуляция благородного оленя *Cervus elaphus*.

Предмет исследования: происхождение, структурированность и генетическое разнообразие белорусской метапопуляции благородного оленя на основании анализа молекулярно-генетических данных.

Научная новизна. Впервые в Беларуси проведено исследование филогеографических связей благородного оленя в структуре евразийской популяции вида с использованием молекулярно-генетических методов и установлены источники формирования популяции на территории страны.

Впервые в Беларуси описаны генетическая структура и генетическое разнообразие дикой популяции благородного оленя, осуществлена генетическая паспортизация его диких популяционных групп.

Разнообразие обнаруженных гаплогрупп остро поднимает вопрос корректной политики управления видом на территории страны – с одной стороны, маралоидная и тирренская наследственность формируют значительную долю генетического разнообразия в популяции и повышают её адаптивный потенциал, с другой стороны – эти примеси отдаляют генотип существующей популяции от аборигенного генотипа, описанного исследованиями древней ДНК. Необходимо принятие решения о желательности присутствия этих примесей в рамках популяции.

Положения, выносимые на защиту:

1. Белорусская метапопуляция благородного оленя *Cervus elaphus* характеризуется смешанным происхождением из четырёх обособленных источников: западноевропейской популяции иберийского происхождения, воронежской популяции иберийско-маралоидного происхождения, тирренской популяции, и балканской популяции, с наибольшей долей западноевропейской (74%) и маралоидной (21%) наследственностей. Наблюдаемое разнообразие гаплогрупп характеризует белорусскую метапопуляцию как уникальный в Европе пример смешения четырёх генетических линий.

2. Структурированность белорусской метапопуляции благородного оленя определена процессами реинтродукции вида на территории страны. Популяция сформирована девятью популяционными группами, коррелирующими с историей расселения вида, и демонстрирующими выраженные потоки генов, снижающие их дифференциацию.

3. Белорусская метапопуляция благородного оленя характеризуется высоким адаптивным потенциалом по своим характеристикам аллельного богатства ($A_r = 14,83$), гаплотипического разнообразия, ($H_d = 0,651$), нуклеотидного разнообразия ($\pi = 0,0112$) и гетерозиготности ($H_o = 0,56$; $H_e = 0,74$).

Личный вклад соискателя ученой степени в результаты диссертации. Соискателем проведена обработка генетического материала, изоляция ДНК и амплификация локусов митохондриальных и микросателлитных маркеров, очистка и подготовка ампликонов к секвенированию, определение микросателлитных размеров, сборка нуклеотидных последовательностей, анализ молекулярно-генетических данных, их депонирование в международные базы данных, статистическая обработка и интерпретация результатов.

Генетический материал, задействованный в молекулярно-генетическом анализе, предоставлен Генетическим банком «ГНПО НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам». Тема, цель и задачи исследования сформулированы соискателем совместно с научным руководителем. Подготовка рукописи кандидатской диссертации выполнена соискателем лично при консультации научного руководителя.

Соискатель благодарит за консультации и поддержку заведующего лабораторией молекулярной зоологии ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам» академика, д.б.н., профессора М.Е. Никифорова.

Апробация диссертации и информация об использовании ее результатов. Результаты диссертационного исследования были представлены на 7 республиканских и международных конференциях: П

Международной научно-практической конференции «Актуальные проблемы охраны животного мира в Беларуси и сопредельных регионах», Минск, 2022 г.; Всероссийской конференция «Зоологические коллекции как источник генетических ресурсов мировой фауны – классические и современные подходы к их изучению, хранению и использованию», Санкт-Петербург, 2022 г.; XIX Международной научной конференции «Молодежь в науке», Минск, 2022 г.; V Республиканской научно-практической экологической конференции «Проблемы оценки, мониторинга и сохранения биоразнообразия», Брест, 2023 г.; Международной научно-практической конференции «Современные проблемы охотоведения и сохранения биоразнообразия», Минск, 2023 г.; VII Международной научно-практической конференции «Зоологические чтения», Гродно, 2023 г. II Всероссийской научно-практической конференции с международным участием «Актуальные проблемы биоразнообразия», Ульяновск, 2023 г.

Опубликованность результатов диссертации. По материалам диссертации опубликовано 13 научных работ (общий объем – 4,7 авторских листа): 3 статьи в изданиях, соответствующих п. 19 «Положения о присуждении ученых степеней и присвоении ученых званий в Республике Беларусь», объемом 3,1 авторских листа, 10 публикаций в сборниках материалов и тезисов докладов конгресса, симпозиума, научных конференций.

Структура и объем диссертации. Диссертация изложена на 166 страницах и состоит из следующих разделов: термины и определения, перечень сокращений и обозначений, введение, общая характеристика работы, шесть глав, заключение и пять приложений. Приложения составляют 31 страницу. Работа иллюстрирована 12 таблицами и 28 рисунками общим объемом 22 страницы. Библиографический список источников представлен на 24 страницах и включает 264 литературных источника, из них 232 на иностранных языках.

ОСНОВНАЯ ЧАСТЬ

Проблематика. Формирование белорусской метапопуляции благородного оленя.

В первой главе приводится анализ исторического происхождения белорусской метапопуляции благородного оленя, начиная с появления вида на континенте и заканчивая современными данными о распространении подвидов, или генетических линий по регионам.

Важнейшими историческими факторами, оказавшими воздействие на численность, распространение и популяционную структуру благородного оленя являются гляциальная изоляция популяционных групп благородного оленя в рефугиумах во время максимума последнего обледенения, и антропогенное воздействие, вызвавшее упадок численности популяции вида в XVII-XIX веках из-за неконтролируемой добычи и трансформации среды обитания, с последующим восстановлением популяции посредством искусственных реинтродукций из ограниченного набора источников. К настоящему времени происхождение и состояние большинства европейских популяций благородного оленя широко описано, но не в случае белорусской метапопуляции вида (рисунок 1), также испытавшей упадок и последующее восстановление благодаря серии реинтродукций.

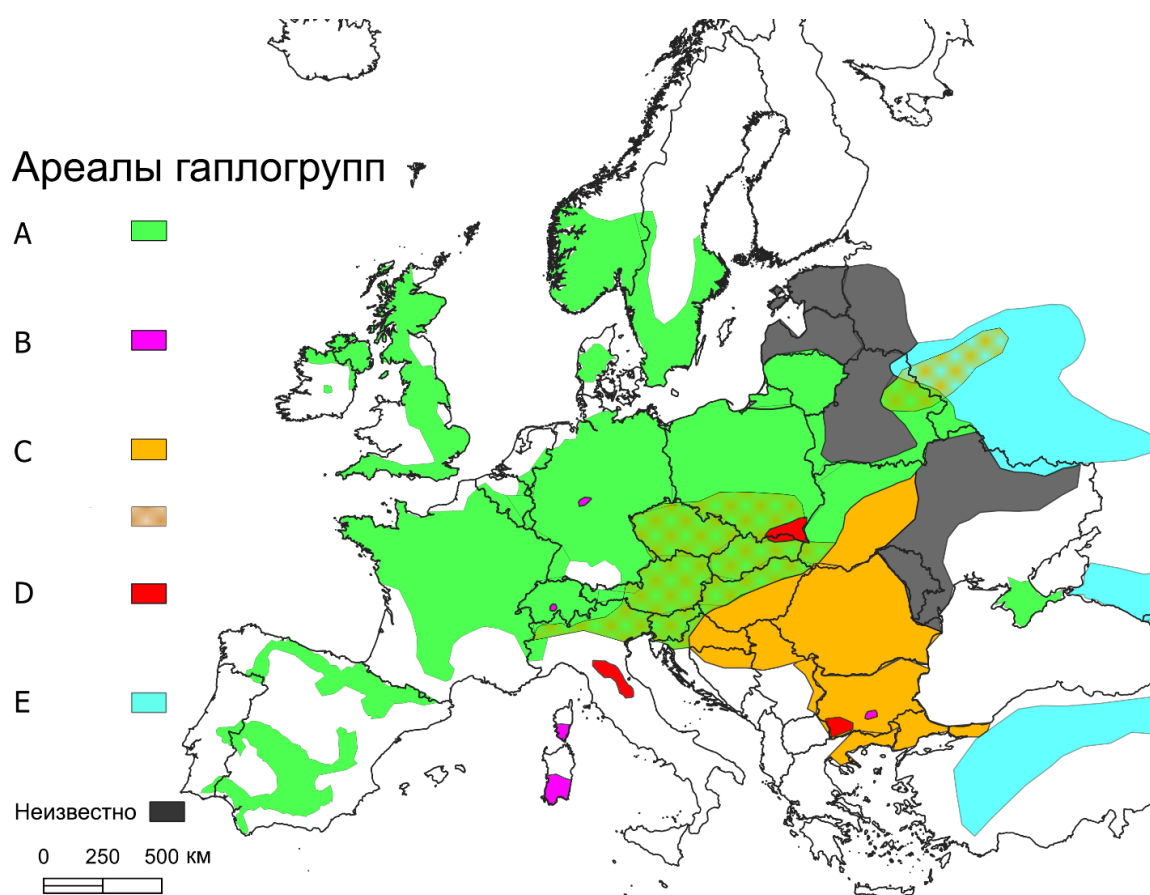


Рисунок 1 – Карта современного географического распределения генетических линий в ареале благородного оленя на территории Европы по последним данным анализа митохондриальной ДНК

Анализ генетической структурированности белорусской метапопуляции благородного оленя, который позволил бы выделить сформировавшиеся по итогам реинтродукции популяционные группы и их генетический статус, также ранее не осуществлялся.

Материалы и методы исследования.

Методической основой настоящего исследования является определение генетической структуры и разнообразия в белорусской популяции благородного оленя посредством анализа разнообразия высоковариабельных ядерных ДНК маркеров в репрезентативной выборке особей, покрывающей все значимые субпопуляции благородного оленя в Беларуси в период активной реинтродукции вида в стране – между 2008 и 2023 годами.

Исходя из поставленных задач, была сформирована выборка, включающая 161 пробу генетического материала благородного оленя из всех областей и 36 районов Беларуси для осуществления микросателлитного анализа (рисунок 2). В выборку включены образцы от 90 самцов, 36 самок и 35 особей, пол которых неизвестен.

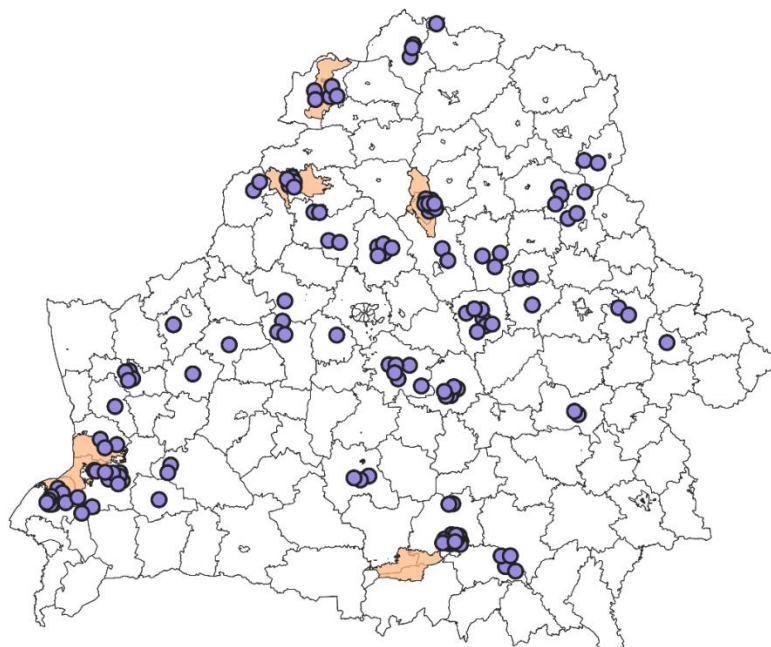


Рисунок 2 - Карта географического распределения образцов генетического материала благородного оленя, включенных в основную выборку для микросателлитного анализа

Также описывается отдельная выборка образцов для филогеографического анализа. Данная выборка включает 38 проб от особей благородного оленя из 26 районов Беларуси. Все особи, представленные в выборке для филогеографического анализа, были добыты в период 2016-2023 годов.

Ввиду использования образцов из различного биологического материала, для изоляции ДНК применялись две методики. Выделение ДНК из проб мягких тканей осуществлялось с использованием наборов для выделения ДНК «Animal & Fungi DNA Preparation – Solution Kit» производства «Jena Bioscience» (Германия) согласно методике производителя

с дополнениями. Выделение ДНК из проб рогового материала осуществлялось посредством растворения проб в присутствии ЭДТА и SLS с последующей преципитацией ДНК в присутствии ацетата аммония и хлороформа («Пять Океанов», РФ).

В качестве высоковариабельных ядерных ДНК-маркеров использовались микросателлитные локусы, полиморфизм которых определялся по их размерам, в парах азотистых оснований (п.о.). Измерение вариабельности микросателлитных локусов осуществлялось посредством их амплификации с последующим анализом фрагментов (аллелей).

Аmplифицированные микросателлитные фрагменты, меченные флуоресцентными метками, измерялись методом автоматизированного электрофоретического разделения в линейном полиакриламиде с лазерной детекцией флуоресценции, определение массы осуществлялось относительно размерных стандартов ДНК. На данном шаге осуществлялось полное независимое повторение анализа с целью проверки воспроизводимости результатов.

Полученные размеры микросателлитных фрагментов дискретизировались и проверялись. Проверенные данные использовались для получения характеристик генетического разнообразия и для определения генетической структуры посредством иерархического Байесовского анализа с использованием программ *diveRsity*, *Arlequin*, *STRUCTURE* и *GENETIX*.

Для части выборки описание генетической структуры дополнено анализом происхождения белорусской популяции благородного оленя посредством анализа последовательностей высоковариабельного митохондриального ДНК-маркера – контрольного региона. Специализированная выборка генетических образцов использовалась для получения ДНК-матриц и последующей амплификации локуса контрольного региона митохондриальной ДНК с использованием олигонуклеотидов LD5 и HD6. Нуклеотидные последовательности ампликонов контрольного региона мтДНК определялись посредством Сэнгеровского секвенирования с использованием набора *BrilliantDye3.1* («Nimagen», Нидерланды). Очистку продуктов секвенирования проводили методом преципитации в растворе этанол/ЭДТА.

Последующее разделение продуктов проводили на генетическом анализаторе ABI 3130. Для каждого образца получали два прочтения в прямом и обратном направлении. Полученные секвенограммы анализировались посредством программного пакета *UGENE v46*.

Нуклеотидные последовательности выравнивались с использованием алгоритма MAFFT 7.490 и референсной последовательности контрольного региона мтДНК. Для полученного выравнивания проводился

гаплотипический анализ совместно с выборкой последовательностей контрольного региона мтДНК благородного оленя из различных регионов Евразии, с целью филогеографической характеристики белорусской популяции вида.

Для определения характеристик генетического разнообразия на основании данных нуклеотидных последовательностей анализируемого маркера использовалось программное обеспечение DNA SP 6.12.03. Для построения филогенетических деревьев и классификации особей по генетическим линиям – Байесовский метод с использованием программного обеспечения MrBayes 3.2.6 с 1 000 000 итераций MCMC по модели Hasegawa-Kishino-Yano, и программное обеспечение NETWORK 10.2 по модели Neighbour-Joining.

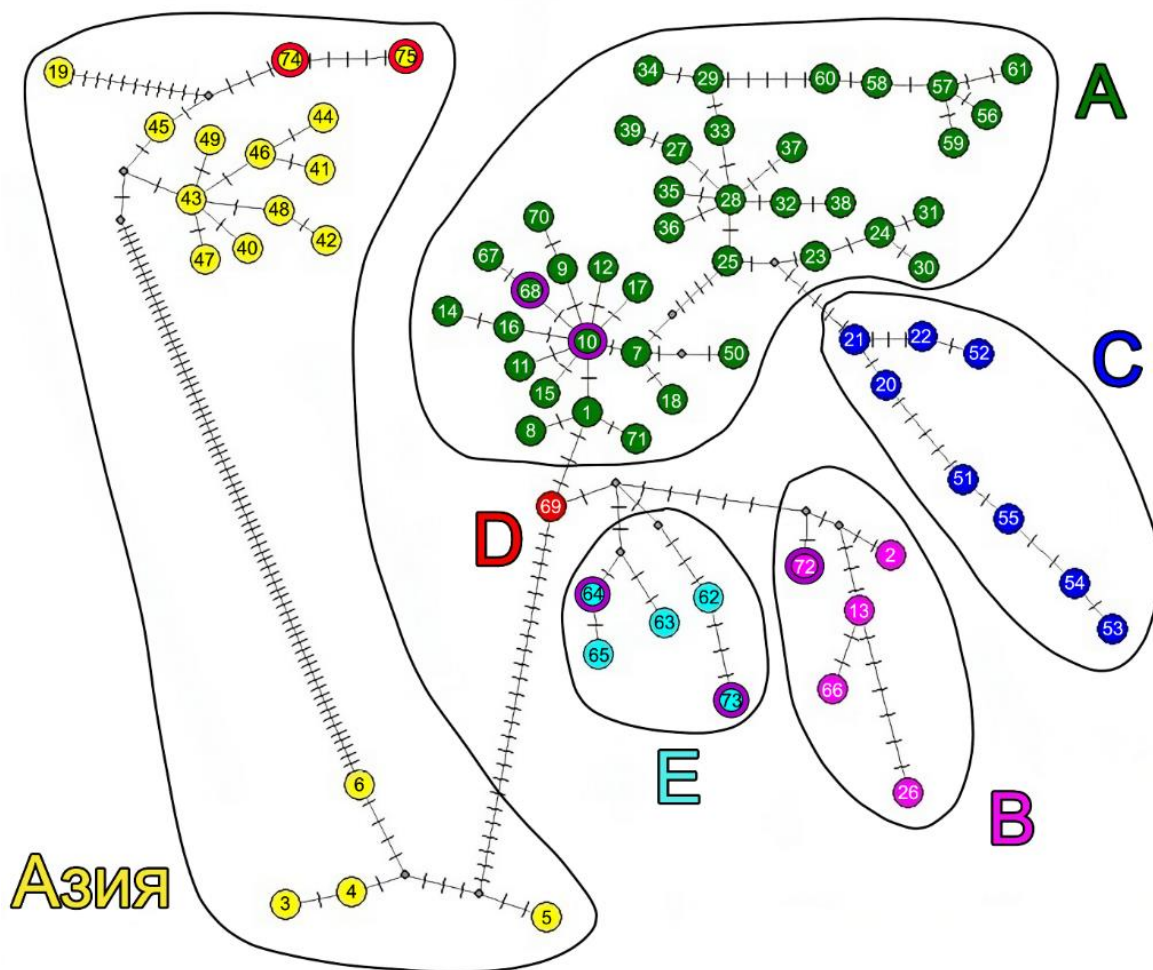
Филогенетический анализ белорусской популяции благородного оленя.

В рамках анализа нуклеотидных последовательностей митохондриального маркера контрольного региона и филогенетического анализа полученных последовательностей были получены 76 прочтений длиной до 437 п.о. для 38 особей. Выравненные последовательности контрольного региона мтДНК благородного оленя из Беларуси имели длину 346 п.о. (без учета пропусков), и были объединены в 10 гаплотипов, различающихся по 23 сегрегирующим сайтам.

Анализ генетического разнообразия в белорусской метапопуляции благородного оленя по данным изменчивости контрольного региона мтДНК показал гаплотипическое разнообразие (H_d) в популяции равное 0,651 ($SD \pm 0,086$) и нуклеотидное разнообразие (π) равное 0,01123 ($SD \pm 0,00229$).

Анализ гаплотипов контрольного региона мтДНК благородного оленя, позволил отнести 27 белорусских особей благородного оленя к иберийской генетической линии А, 8 особей – к кавказской линии Е, и 1 особь – к тирольской линии В.

На рисунке 3 представлена гаплотипическая сеть, отражающая положение белорусских особей благородного оленя в общей структуре мировой популяции. Следует отметить, что на гаплотипической сети представлены все генетические линии благородного оленя Европы.

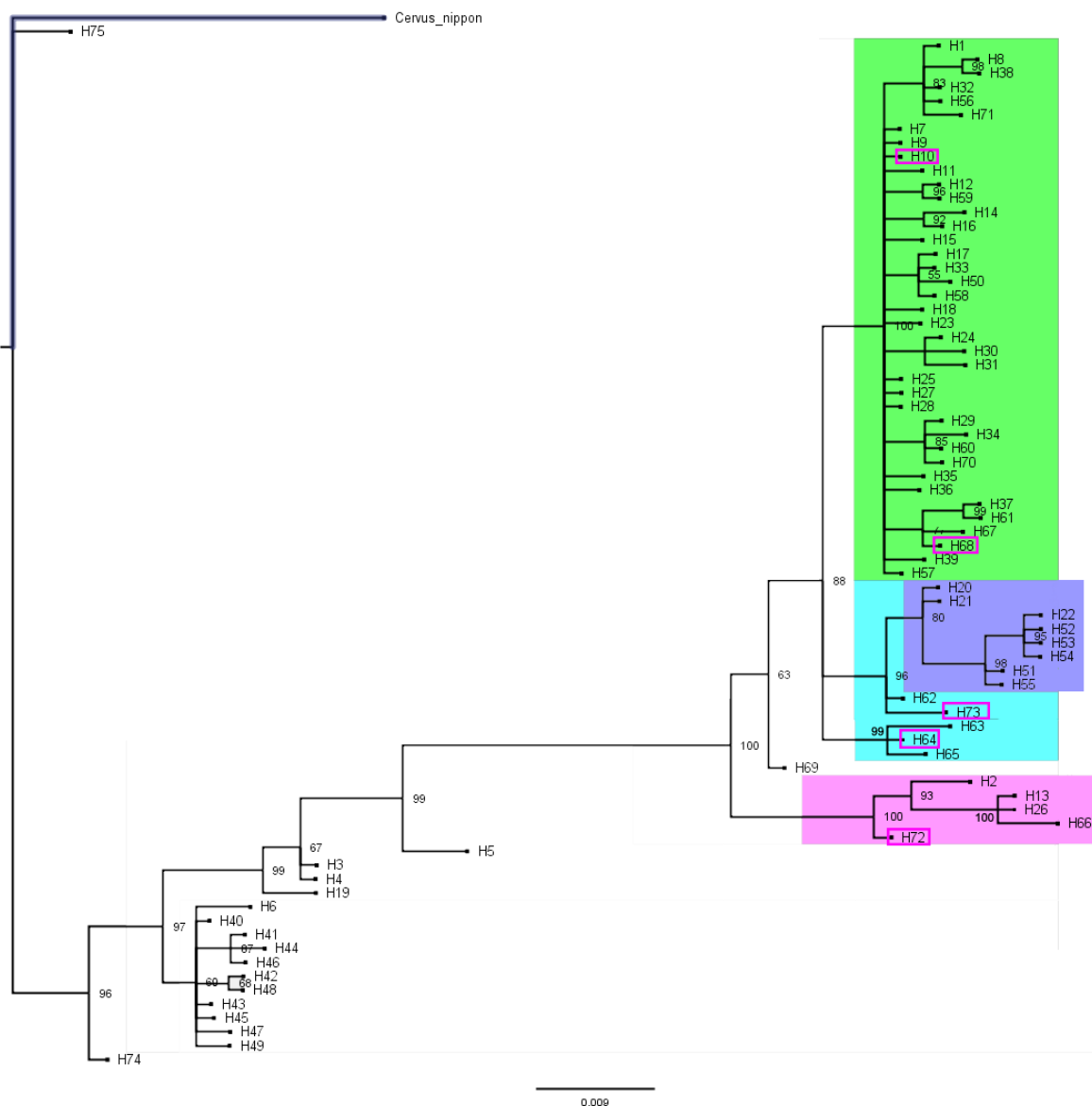


Гаплотипы, включающие в себя последовательности контрольного региона мтДНК благородного оленя из Беларуси, полученные в настоящем исследовании, выделены пурпурной каймой

Рисунок 3 – Сеть гаплотипов контрольного региона митохондриальной ДНК благородного оленя Беларуси и Евразии, построенная по методу соединения соседних гаплотипов (Neighbour-Joining) в NETWORK

На рисунке 4 также изображено филогенетическое дерево, построенное с использованием тех же данных, что и для рисунка 3, и подтверждающее принадлежность выявленных генетических линий по кладам.

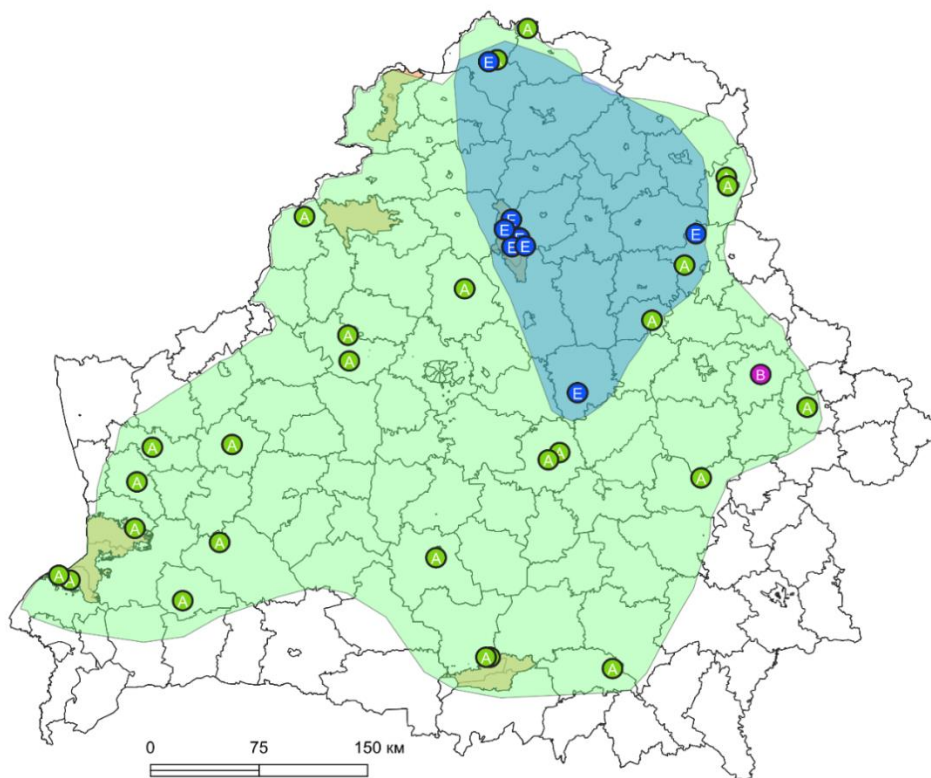
Географическое распределение генетических линий благородного оленя в Беларуси (рисунки 5, 6) показало широкую распространённость линии А по всей исследуемой территории, в то время как генетическая линия Е сосредоточена в северо-восточной части страны, а линия В встречается только в Могилевской области.



Клады и гаплотипы европейских гаплогрупп выделены фоном – зелёным (А), розовым (В), синим (С) и бирюзовым (Е). Гаплотипы, включающие особей, добытых на территории Беларуси, выделены пурпурными рамками. *Cervus nippon* (NCBI GenBank ID: JF893528) используется в качестве внешней группы. Узловые подписи клад обозначают их достоверность (в %).

Рисунок 4 – Байесовское филогенетическое дерево гаплотипов митохондриального контрольного региона благородного оленя Беларуси и Евразии, построенное по модели НКУ

Согласно полученным результатам, преимущественную роль в формировании метапопуляции сыграли материнские особи благородного оленя из Беловежской пуши центрально-европейского происхождения, относящиеся к иберийской гаплогруппе А, распространенной по всему ареалу вида в Беларуси.



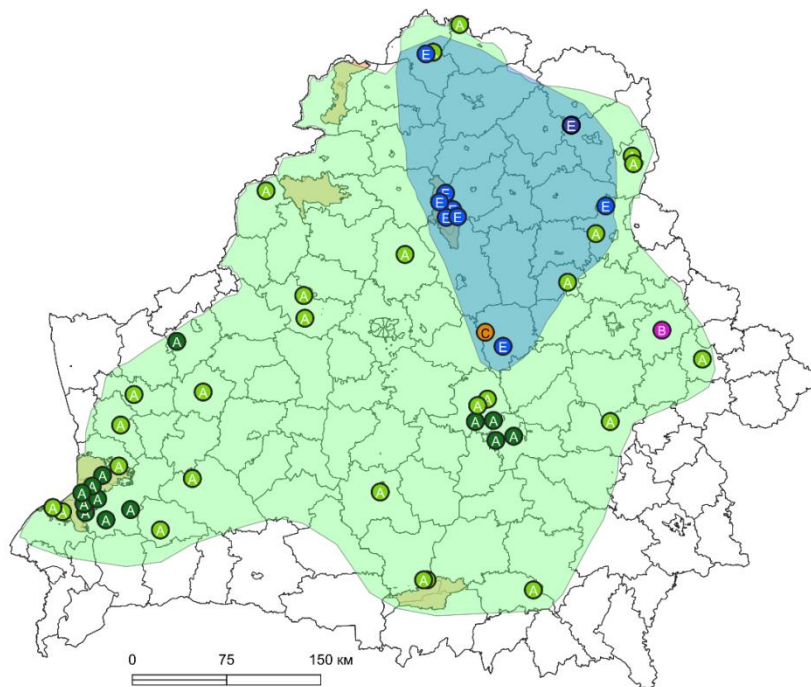
Точками обозначены локации сбора образцов, задействованных в настоящем исследовании. Зелёные точки обозначают особей, отнесённых к линии А, синие точки – к линии Е, пурпурные – к линии В. Фигуры соответствующего цвета обозначают приблизительные ареалы генетических линий. Желтые фигуры обозначают территорию ключевых ООПТ

Рисунок 5 - Карта географического распространения генетических линий контрольного региона мтДНК благородного оленя в Беларуси

Северо-восточная часть ареала благородного оленя представлена особями, по материнской линии относящимися к маралоидной гаплогруппе Е, завезёнными или мигрировавшими из воронежской популяции в советский период реинтродукции. Присутствие тирренской гаплогруппы «В» на востоке страны (Чаусский район) может быть объяснено только завозом животных из одной из европейских популяций в ходе последнего этапа реинтродукции: кроме нативного ареала на Корсике, Сардинии и в Северной Африке, популяции этой гаплогруппы известны в отдельных популяциях Европы.

Данные польских исследователей 2011 года также указывают на ограниченное присутствие в Беларуси Балканской гаплогруппы С в южной части страны, которая не была обнаружена нами в исследуемой выборке, что вероятнее всего объясняется малой представленностью данной гаплогруппы в исследуемой метапопуляции и ограниченным размером выборок. Вкупе с результатами настоящих исследований, это позволяет охарактеризовать

белорусскую метапопуляцию оленя как уникальный пример смешения четырёх генетических линий благородного оленя.



Точками обозначены локации сбора образцов, задействованных в настоящем исследовании. Зелёные точки обозначают особей, отнесённых к линии А, синие точки – к линии Е, пурпурные – к линии В. Темными оттенками соответствующих цветов обозначены образцы по данным прошлых исследований. Фигуры соответствующего цвета обозначают приблизительные ареалы генетических линий. Желтые фигуры обозначают территорию ключевых ООПТ.

Рисунок 6 – Карта географического распространения генетических линий контрольного региона мтДНК благородного оленя в Беларуси

Характеристики генетического разнообразия белорусской популяции благородного оленя по используемому в данной работе митохондриальному маркеру типичны для популяции смешанного происхождения: высокое количество гаплотипов, высокое гаплотипическое разнообразие, а также относительно высокое нуклеотидное разнообразие (0,011). Значения показателей генетического разнообразия белорусской метапопуляции и некоторых европейских популяций благородного оленя по данным анализа полиморфизма последовательностей контрольного региона мтДНК предоставлено в таблице 1.

Необходимо отметить, что настоящий филогеографический анализ отражает только материнскую линию наследственности и, следовательно, наблюдаемая картина распространения генетических линий несет в себе недооценку встречаемости генотипов.

Таблица 1 – Значения показателей генетического разнообразия белорусской популяции и популяций благородного оленя из Европы

Источ-ник	Популяция*	п.о.	N	h	Hd	SD (Hd)	π	SD (π)
Наст. иссл.	Беларусь	346	36	10	0,651	0,086	0,0112	0,0023
Niedzialkowska (2021)	Восточная Беларусь	249	13	4	0,6	-	0,02	-
	Литва		12	3	0,32	-	0,009	-
	Беловежская Пуща (Польша)		117	7	0,76	-	0,008	-
	Украина		11	1	-	-	-	-
	Мазурия (Польша)		54	4	0,48	-	0,005	-
	Северо-восточная Польша		91	5	0,8	-	0,008	-
Skog et al (2009)	Сербия	332	54	2	0,04	0,04	0	0
	Венгрия		32	3	0,23	0,09	0,002	0,002
	Шотландия (Соединенное Королевство)		10	3	0,71	0,09	0,01	0,006
	Западная Норвегия		38	3	0,63	0,05	0,006	0,004
	Северная Германия		52	4	0,22	0,07	0,002	0,002
	Верхняя Марна (Франция)		10	3	0,6	0,13	0,013	0,008
	Румыния		40	5	0,46	0,09	0,009	0,005
Giovannelli et al (2022)	Италия		26	5	0,50	-	0,004	-
Meiri et al (2013)	Западная и Центральная Европа	763	13	6	0,83	0,082	0,003	0,0021

Примечание – «*» – обозначение названия популяции в литературном источнике; п.о. – длина использованных для анализа нуклеотидных последовательностей контрольного региона мтДНК в парах оснований; N – число особей в выборке; h – число гаплотипов; Hd – гаплотипическое разнообразие; (Hd) – стандартное отклонение для гаплотипического разнообразия; π_n – нуклеотидное разнообразие; SD (π_n) – стандартное отклонение для нуклеотидного разнообразия.

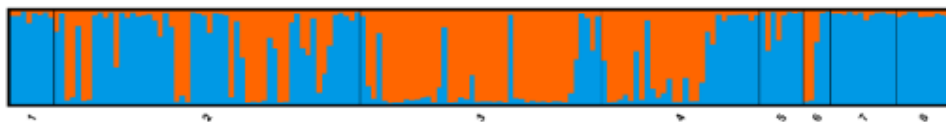
Популяционно-генетическая структура белорусской метапопуляции благородного оленя.

По результатам фрагментного анализа микросателлитов было получено 4016 фрагментных размеров для 149 особей благородного оленя по 14 локусам.

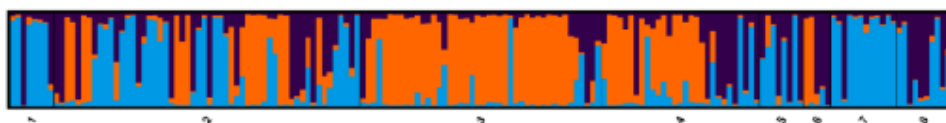
Повторный анализ тестовой выборки показал 89%-ную воспроизводимость результатов с погрешностью <0,4 пары оснований, что говорит о высоком качестве данных, задействованных в дальнейших расчетах. Проверка фрагментных размеров в Micro-Checker v2.2.3 не показала высокой вероятности ошибок генотипирования для 14 оставшихся микросателлитных локусов. Все задействованные микросателлитные локусы показали полиморфизм в рамках экспериментальной выборки, в диапазоне от 6 до 31 аллеля на локус.

Байесовский анализ популяционной структуры позволил выделить две популяционные группы первого уровня ($\Delta K = 55,13$). в метапопуляции благородного оленя согласно методу Evanno (рисунок 7).

K=2



K=3



K=4

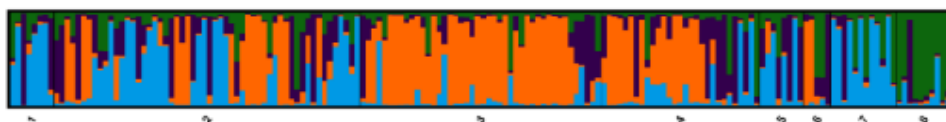


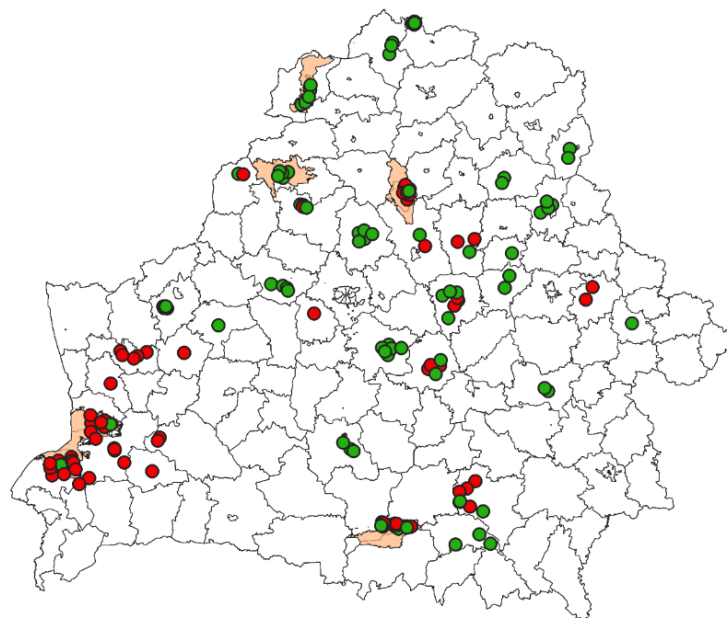
Рисунок 7 - График Байесовских вероятностей индивидуальной принадлежности (Q) особей в белорусской метапопуляции благородного оленя к генетическим кластерам согласно объединению данных 10 симуляций в STRUCTURE при (K= 2-4) в CLUMPACK

Кластеры были условно обозначены как «Группа А» и «Группа В». Географическое распространение обозначенных групп предоставлено на рисунке 8. Генетические характеристики этих групп согласно данным микросателлитного анализа предоставлены в таблице 2. Оценка генетического разнообразия в выделенных популяционных группах благородного оленя по локусам показала дефицит наблюдаемой гетерозиготности по большинству из них – а именно по 12 из 14 локусов для обеих групп. Выделенные популяционные группы не находятся в равновесии по Харди-Вайнбергу и имеют повышенный, но закономерный для биологии вида (гаремный образ жизни) и истории формирования его популяции (расселение по стране небольшими группами особей) уровень инбридинга.

Таблица 2 – Параметры генетического разнообразия в выделенных Байесовским анализом популяционных группах «А» и «В» белорусской метапопуляции благородного оленя по данным микросателлитного анализа

Лocus	Группа А						Группа В					
	A	Ar	Ho	He	HWE	Fis	A	Ar	Ho	He	HWE	Fis
Haut14	17	11,4	0,74	0,87	0	0,147	18	14,29	0,8	0,9	0,008	0,116
T193	18	13,4	0,73	0,9	0	0,193	12	11,11	0,84	0,9	0,112	0,063
BM1818	15	9,9	0,65	0,84	0	0,234	9	7,84	0,68	0,81	0,001	0,162
MM12	9	5,5	0,68	0,61	0	0,118	6	5,62	0,56	0,68	0,381	0,172
T156	14	7,9	0,76	0,78	0	0,028	12	10,49	0,84	0,86	0,134	0,021
T268	10	7,9	0,71	0,83	0,094	0,148	7	6,82	0,5	0,8	0,021	0,376
BM4208	20	13,9	0,74	0,9	0	0,169	16	13,32	0,83	0,91	0,005	0,086
ЮВТ965	7	4,63	0,67	0,61	0	0,101	7	6,21	0,64	0,6	0	0,067
T26	14	10,5	0,75	0,86	0	0,127	15	12,64	0,76	0,89	0,065	0,145
Cer14	15	10,1	0,68	0,85	0,001	0,203	11	9,79	0,76	0,84	0,065	0,09
TGLA57	6	4,3	0,08	0,45	0	0,834	5	3,78	0,17	0,19	0	0,143
TGLA126	11	5,03	0,58	0,62	0	0,074	8	6,95	0,88	0,77	0,006	0,135
T530	13	11,2	0,74	0,87	0,001	0,146	11	9,82	0,62	0,87	0,006	0,281
ETH152	20	8,04	0,2	0,61	0	0,662	8	5,79	0,16	0,41	0	0,606
ИТОГО	189	8,85	0,62	0,76	0	0,179	145	8,89	0,65	0,74	0	0,133

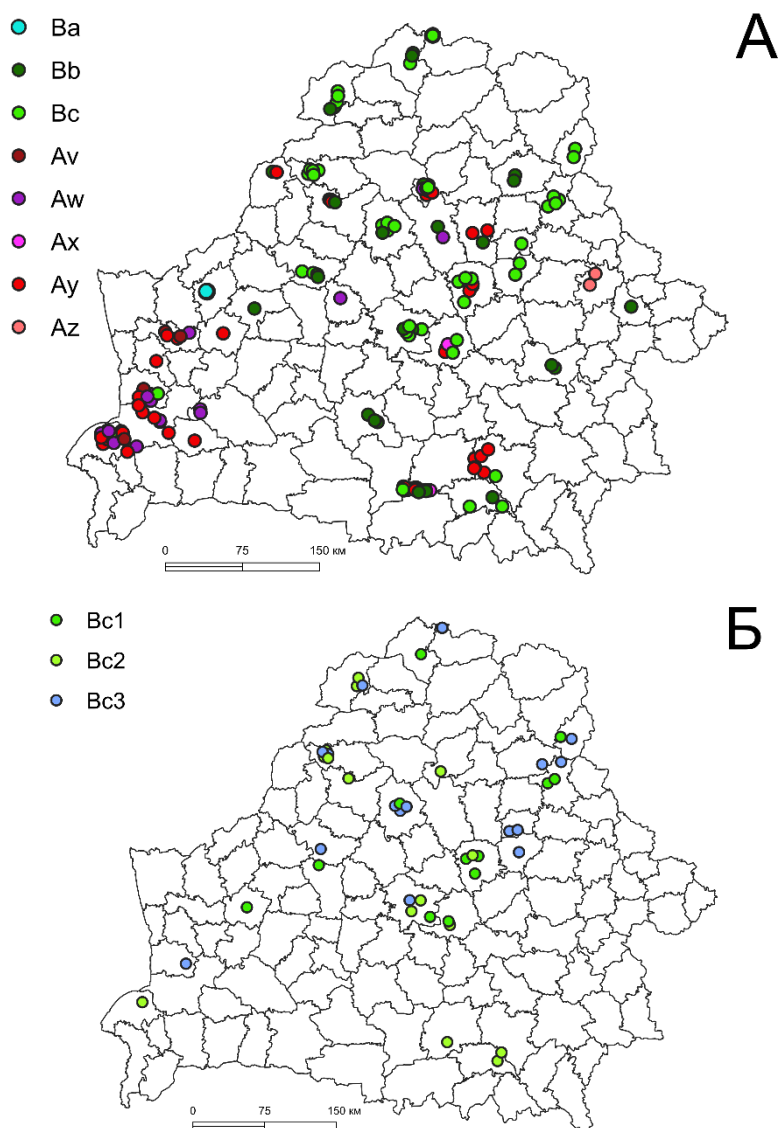
Примечание – А – число аллелей; Ar – показатель аллельного богатства; Ho – наблюдаемая гетерозиготность; He – ожидаемая гетерозиготность; HWE – величина χ^2 -теста на соответствие равновесию по Харди-Вайнбергу; Fis – коэффициент инбридинга по Райту. Жирным начертанием выделены величины $p < 0,05$.



Красные точки обозначают локации сбора образцов, отнесённых к группе «А»; зелёные точки – локации сбора образцов, отнесённых к группе «В»

Рисунок 8 - Карта географического распространения образцов благородного оленя из Беларуси в соответствии с их принадлежностью к генетическим кластерам (K=2), выделенным по результатам Байесовского анализа полиморфизма микросателлитных локусов

Иерархический Байесовский анализ выделенных популяционных групп (А и В) показал наличие внутри их структуры дополнительных структурных подгрупп: они были условно обозначены как группы второго уровня иерархического анализа «Av», «Aw», «Ax», «Ay», «Az», «Ba», «Bb» и «Bc» (рисунок 9). Выделенные подгруппы являют собой менее выраженные кластеры генетической обособленности в пределах вышеозначенных групп «А» и «В», обозначения этих групп отражают их принадлежность к группе более высокого уровня. Подгруппа «Bc» при этом также показала наличие дальнейшей внутренней структурированности, в виде подгрупп третьего уровня, условно обозначенных как «Bc1», «Bc2» и «Bc3».



Круги обозначают локации сбора образцов, принадлежащих к выделенным популяционным подгруппам

Рисунок 9 - Карты географического распространения генетических кластеров второго (А) и третьего (Б) уровней, выделенных по результатам иерархического Байесовского анализа полиморфизма микросателлитных локусов в белорусской метапопуляции благородного оленя

Визуализация генетической кластеризации особей благородного оленя посредством факторного анализа соответствия микросателлитных данных (рисунок 10) демонстрирует генетическую изменчивость в выделенных популяционных группах. Факторный анализ соответствия также указывает на градуальную, но наблюдаемую генетическую дифференциацию выделенных иерархическим анализом популяционных подгрупп в пределах метапопуляции, с наиболее выраженной дифференциацией групп.

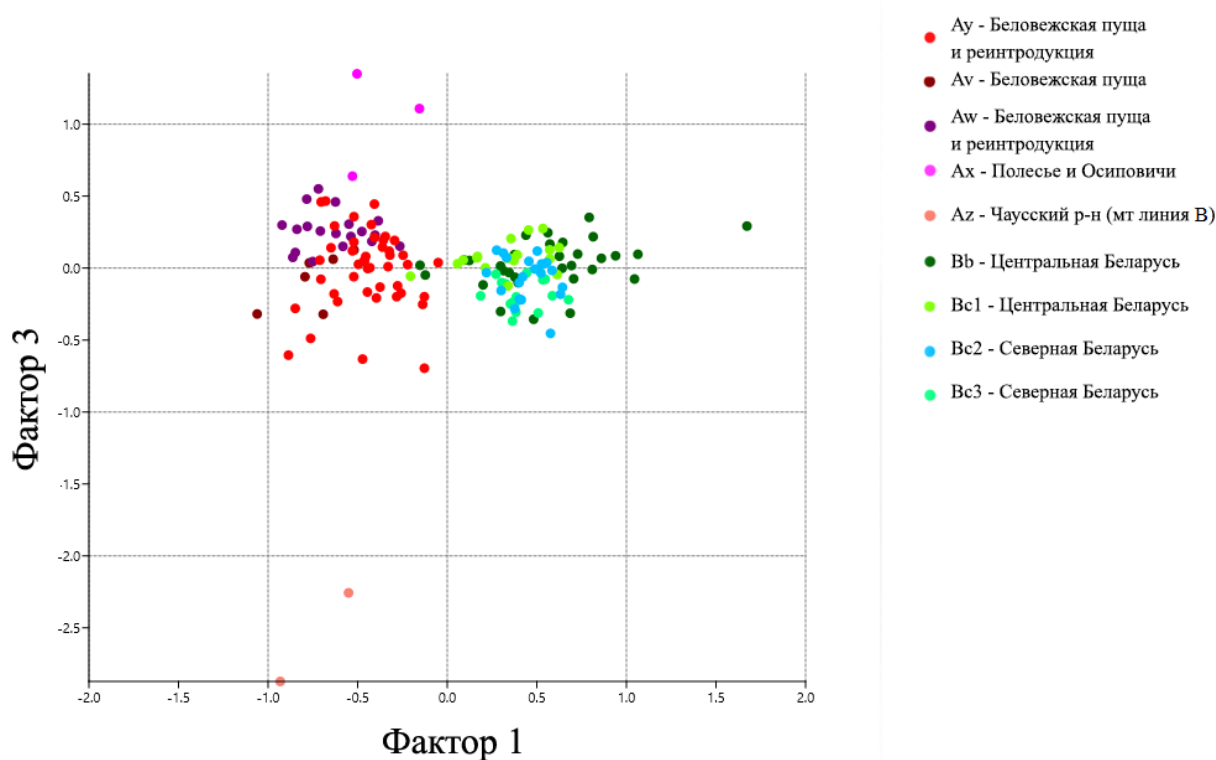


Рисунок 10 – График результатов факторного анализа соответствия микросателлитных данных для генетических структурных подгрупп благородного оленя в Беларуси

Результаты анализа молекулярной дисперсии (AMOVA) показали содержание наибольшей доли межпопуляционного разнообразия (11,03%) между двумя генетическими группами («А» и «В»), выделенными согласно данным Байесовского анализа, по сравнению с группами на основе административных областей (4,03%), предположительных географических популяций (4,96%) и географических регионов (2,11 %) (рисунок 11).

Показатели индексов генетической дифференциации характеризуют генетическую структуру в популяции благородного оленя как слабовыраженную (таблица 3).

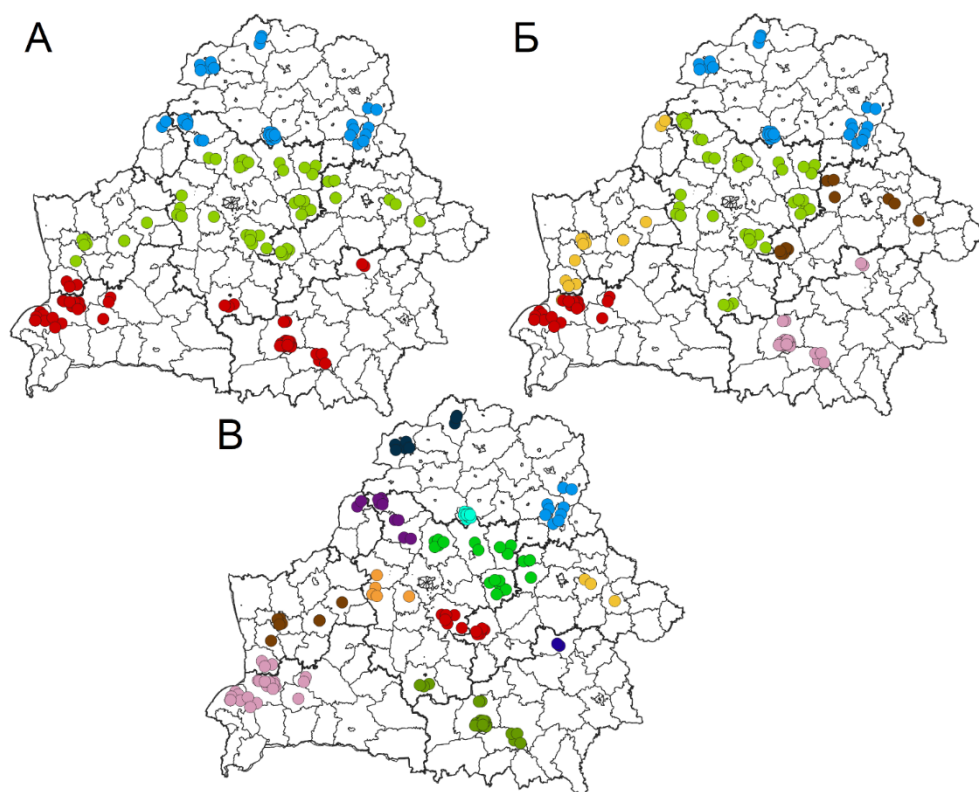


Рисунок 11 – Карта распределения образцов генетического материала благородного оленя, включенных в основную выборку для микросателлитного анализа, по географическим регионам (А), административным областям (Б) и условным популяционным группам (В)

Таблица 3 – Показатели генетической дифференциации между иерархическими подгруппами в исследуемой популяции, по локусам

Локус	Gst	G'st	Djost	Fst
Haut14	0,05	0,37	0,33	0,04
T193	0,14	0,64	0,58	0,04
BM1818	0,03	0,21	0,18	0,03
MM12	0,03	0,08	0,05	0,04
T156	0,10	0,54	0,49	0,07
T268	0,09	0,49	0,44	0,05
BM4208	0,03	0,28	0,26	0,02
IOBT965	0,05	0,24	0,20	0,02
T26	0,23	0,90	0,87	0,09
Cer14	0,16	0,64	0,58	0,08
TGLA57	0,62	0,77	0,41	0,56
TGLA126	0,02	0,03	0,00	0,04
T530	0,19	0,84	0,80	0,10
ETH152	0,07	0,08	0,01	0,13
Среднее значение	0,13	0,37	0,24	0,08

Ключевыми результатами анализа генетической структурированности являются достоверное несоответствие белорусской метапопуляции

благородного оленя равновесию по Харди-Вайнбергу и кластеризация особей на основании Байесовского анализа генетической структуры в двух группах, далее разделяемых на подгруппы. Эти данные указывают на наличие генетической структурированности в метапопуляции. В то же время географическое распределение выделенных генетических кластеров исключает географическую изоляцию популяций как источник наблюдаемой структурированности.

Наблюдаемая слабая генетическая структурированность, отсутствие географической обособленности большинства выделенных генетических подгрупп, низкая дифференциация этих подгрупп и высокие показатели генетического разнообразия исследуемой метапопуляции, указывают на наличие интенсивных, разнонаправленных и неравномерных генетических потоков внутри белорусской метапопуляции благородного оленя, соответствующих характеру искусственного расселения особей в ходе реинтродукции.

Таким образом, мы приходим к заключению о том, что современная генетическая структура вида на территории Беларуси сформирована миграционными процессами в виде искусственного расселения животных в ходе мероприятий по реинтродукции вида с их последующей естественной миграцией в близлежащие местообитания. Это заключение подтверждает гипотезу о высокой эффективности исторических кампаний по расселению благородного оленя в отношении как восстановления численности и ареалов, так и поддержания уровня генетического разнообразия в популяции.

Характеризуя выделенные Байесовским анализом популяционные подгруппы, следует отметить, что подгруппы Bb, Bc1, Bc2 и Bc3 распространены крайне широко по территории страны, без четкой географической локализации. Группы Aw и Ay сконцентрированы на территории НП «Беловежская пуща» и регионов, в которые осуществлялся выпуск благородного оленя из племенного материала НП «Беловежская пуща». Группа Av обнаружена только на территории НП «Беловежская пуща» и прилегающих районов. Эти подгруппы являют собой результаты мероприятий по реинтродукции вида, использовавших племенной материал НП «Беловежская пуща». Группы Ax и Az представляют отдельный интерес, являются наиболее генетически-обособленными от остальных групп: Ax – на территории НП «Припятский» и Осиповичского района; Az – на территории Чаусского района. Эти подгруппы предположительно были сформированы в результате реинтродукций оленя из популяций Центральной Европы и стран Балтии.

Ввиду значительного взаимного перекрытия ареалов и отсутствия географической обособленности для большинства наблюдаемых популяционных группировок, следует заключить, что наблюдаемая генетическая структура отражает стадию динамического процесса и не является долгосрочной. Продолжающиеся процессы миграции и гибридизации подразумевают формирование новых популяционных групп в соответствии с географическими барьерами и путями естественной миграции особей в метапопуляции, в течение ближайших поколений.

Оценка адаптивного потенциала белорусской метапопуляции благородного оленя.

Характеристики генетического разнообразия для белорусской метапопуляции благородного оленя представлены в таблице 4. Анализ показателей генетического разнообразия даёт однозначную характеристику белорусской популяции с точки зрения генетического разнообразия: высокое аллельное богатство (14,83), высокое гаплотипическое разнообразие (0,651), умеренное нуклеотидное разнообразие (0,0112), средняя наблюдаемая гетерозиготность (0,56), и повышенный показатель инбридинга (0,179), и высокая оценочная эффективная численность (103,2, 151,6, 148,5).

Таблица 4 – Параметры генетического разнообразия в белорусской метапопуляции благородного оленя, представленные по локусам

Локус	A	Ag	Ho	He	HWE	F _{is}
Haut14	23	19,72	0,77	0,89	0,203	0,147
T193	19	18,21	0,71	0,89	0	0,193
BM1818	20	16,86	0,7	0,85	0	0,234
MM12	10	8,24	0,56	0,68	0	0,118
T156	18	15,88	0,72	0,88	0	0,028
T268	14	13,62	0,7	0,9	0	0,148
BM4208	18	16,19	0,71	0,9	0	0,169
IOBT965	12	11,25	0,82	0,78	0	0,101
T26	31	27,9	0,74	0,94	0	0,127
Cer14	17	15,32	0,51	0,86	0	0,203
TGLA57	12	9,16	0,06	0,53	0	0,834
TGLA126	6	5,4	0,12	0,16	0	0,074
T530	26	25,16	0,72	0,94	0	0,146
ETH152	6	4,73	0,05	0,12	0	0,662
Обобщенное значение	232	14,83	0,56	0,74	0	0,179

Примечание – A – число аллелей на локус; Ag – показатель аллельного богатства; Ho – наблюдаемая гетерозиготность; He – ожидаемая гетерозиготность; HWE – величина χ^2 -теста на соответствие групп равновесию по Харди-Вайнбергу; F_{is} – коэффициент инбридинга по Райту. Жирным выделены величины $p < 0,05$.

Показатели оценочного эффективного размера метапопуляции вида в стране представлены в таблице 5 и на рисунке 12.

Таблица 5 – Характеристики эффективного размера белорусской популяции благородного оленя на основании анализа микросателлитных данных

Минимальная частота аллелей	0,05	0,02	0,01
Средняя гармоническая величина выборки	110,8	112	112,6
Кол-во независимых сравнений	2932	7424	11897
Оценочная эффективная численность	103,2	151,6	148,5
95% ДИ	85,5-127,4	129,9-180,3	131,5-169,4
95% ДИ по методу складного ножа	69,1-173,8	106,8-240,3	111,1-212,8

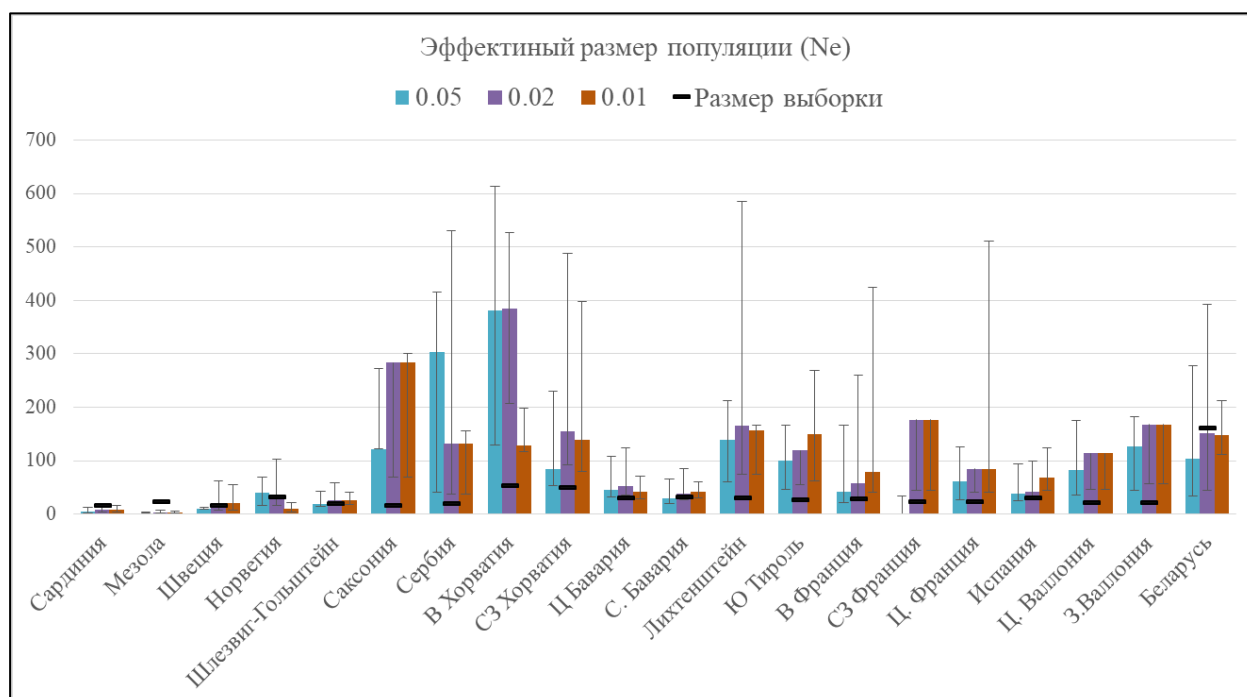


Рисунок 12 – Значения показателей эффективного размера популяций благородного оленя в Европе, предоставленные для трёх оценок с различными гипотезами минимальной частоты аллелей (0,05; 0,02; 0,01)

Высокий показатель аллельного богатства указывает на формирование популяции из разнообразного племенного материала. Повышенный показатель инбридинга в свою очередь является следствием малого числа особей-основателей в контексте с биологией размножения вида, Интенсивные потоки генов в пределах метапопуляции ослабляют её структурированность и обеспечивают высокую степень гибридизации между большинством формирующих её популяционных группировок. Адаптивный потенциал белорусской метапопуляции благородного оленя в целом может быть охарактеризован как относительно высокий для региона.

Рекомендации по созданию системы генетического мониторинга белорусской метапопуляции благородного оленя на основании использования молекулярно-генетических подходов.

Для актуального управления белорусской метапопуляцией на основании существующих средств, необходимо отметить выявленное высокое генетическое разнообразие, указывающее на самодостаточность белорусской популяции для дальнейшего роста и развития без дальнейшего привлечения внешних источников племенного материала. Разнообразие обнаруженных гаплогрупп остро поднимает вопрос корректной политики управления видом на территории страны – с одной стороны, маралоидная и тирренская наследственность формируют значительную долю генетического разнообразия в популяции и повышают её адаптивный потенциал, с другой стороны – эти примеси отдаляют генотип существующей популяции от аборигенного генотипа, описанного исследованиями древней ДНК. Необходимо принятие решения о желательности присутствия этих примесей в популяции.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Основные научные результаты диссертации

1. Выявленное происхождение белорусской метапопуляции благородного оленя указывает на её формирование из множества источников племенного материала: современная популяция обладает наследственностью по меньшей мере четырёх митохондриальных генетических линий [3–А; 10–А; 11–А; 12–А;].

2. Наибольшую роль в формировании белорусской метапопуляции благородного оленя играет западноевропейская наследственность ($\approx 74\%$), при значительно меньшей доле кавказской ($\approx 21\%$), тирренской ($\approx 5\%$) и балканской ($< 5\%$). Наблюдаемое разнообразие гаплогрупп характеризует белорусскую метапопуляцию как уникальный в Европе пример смешения четырёх генетических линий [3–А; 8–А; 12–А].

3. Благородный олень *Cervus elaphus* в белорусской метапопуляции не демонстрирует признаков интенсивной гибридизации с обитающими на территории Беларуси родственными видами *Cervus nippon* и *Cervus canadiensis sibiricus* [3–А; 11–А; 12–А].

4. Генетическая структурированность в белорусской метапопуляции благородного оленя определена процессами реинтродукции вида на территории страны, и не определяется географически-ландшафтными факторами природного или антропогенного происхождения [1–А].

5. Белорусская метапопуляция благородного оленя характеризуется выраженными потоками генов между популяционными группами вида в стране, снижающими внутреннюю дифференциацию и обособление популяционных групп [2–А].

6. В белорусской метапопуляции благородного оленя отмечаются высокие для наблюдаемой численности генетическое разнообразие и адаптивный потенциал. Полученные показатели характеризуют популяцию как самодостаточную для дальнейшего роста и развития [1–А; 6–А].

Рекомендации по практическому использованию результатов

В ходе диссертационной работы были получены данные о генетической структуре, разнообразии и происхождении метапопуляции благородного оленя в Беларуси, которые могут быть использованы для осуществления необходимых работ по её устойчивому использованию на основании системы Единиц управления. В работе доказано смешанное происхождение белорусской популяции благородного оленя из четырёх генетических линий, охарактеризованы источники завоза особей в ходе реинтродукции, подтверждена высокая эффективность мероприятий по реинтродукции, описан высокий адаптивный потенциал белорусской популяции, выявлены наиболее генетически-богатые популяционные группы, а также описаны потоки генов между ними.

Набор полученных нуклеотидных последовательностей был депонирован в международную базу данных NCBI Genbank (идентификаторы: OQ968556–OQ968584; OR636731–OR636736).

В рамках работ, проведенных с 2020 по 2023 год, были подготовлены и внедрены в хозяйственный процесс РГОО «БООР» генетические паспорта для белорусской популяции благородного оленя.

При проведении семинаров филиала кафедры зоологии при ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам» и при руководстве учебной, производственной и преддипломной практиками используются «Методические рекомендации по комплексной оценке жизнеспособности и трофейного потенциала популяций благородного оленя на основе морфологических критериев и ДНК-маркеров», а также «Рекомендации по генетической паспортизации и мечению популяций оленя благородного в системе ООПТ и охотхозяйствах».

СПИСОК ПУБЛИКАЦИЙ СОИСКАТЕЛЯ УЧЕНОЙ СТЕПЕНИ

Статьи в научных журналах, включенных в перечень ВАК, или в иностранных научных изданиях

1–А. Reintroduction shapes the genetic structure of the red deer (*Cervus elaphus*) population in Belarus / **A.A. Valnisty**, K.V. Homel, E.E. Kheidorova, M.Y. Nikiforov, V.O. Molchan, P.Y. Lobanovskaya, A.A. Semionova // Theriol. Ukr. – 2022. – Vol. 2022, № 23. – P. 31-46.

2–А. Система единиц управления популяциями диких животных и генетические подходы для их выделения на примере благородного оленя в Беларуси / **А.А. Волнистый**, К.В. Гомель, П.А. Велигуров, М.Е. Никифоров // Природные ресурсы. – 2023, № 3. – С. 36-44.

3–А. Between the lines: mitochondrial lineages in the heavily managed red deer population of Belarus / **A.A. Valnisty**, K.V. Homel, E.E. Kheidorova, V.O. Molchan, M.Y. Nikiforov // Mamm Biol. – 2024. – Vol. 104, № 2. – P. 205-214.

Материалы конференций

4–А. **Волнистый, А.А.** Разработка панели микросателлитных маркеров для мультиплексного генотипирования белорусских популяций благородного оленя (*Cervus elaphus*) / А.А. Волнистый // материалы I Респ. заоч. науч.-практ. конф. молодых ученых «Структура и динамика биоразнообразия». – Минск: БГУ, 2019. – С. 260-263.

5–А. A database for the cryo-collection of animal tissue samples for genetic research collected from areas with high potential of mutagenic risk in Belarus / A. Semionova, I. Yurchenko, A. Skuratovich, V. Molchan, **A. Valnisty**, K. Homel, E. Kheidorova, M. Nikiforov // Сборник материалов I Международной научно-практической конференции Глобальная база данных по биоразнообразию. Современные тенденции развития в Беларуси, Латвии и Литве. – Минск: Беларуская навука, 2021. – P. 25-31.

6–А. **Волнистый, А.А.** Генетическая характеристика и происхождение Оршанской субпопуляции благородного оленя (*Cervus elaphus*) / А.А. Волнистый, К.В. Гомель, М.Е. Никифоров // Актуальные проблемы охраны животного мира в Беларуси и сопредельных регионах: материалы II Международной научно-практической конференции. – Минск, Беларусь: А. Н. Вараксин, 2022. – С. 89-95.

7–А. Коллекция Генетического банка дикой фауны ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам» – подходы к формированию и практика использования коллекционных материалов для генетических исследований / **А.А. Волнистый**, А.А. Семёнова, В.О. Молчан, К.В. Гомель, Е.Э. Хейдорова, А.В.

Шпак, К. Сливинска, П.Ю. Лобановская, М.Е. Никифоров // Тезисы докладов Всероссийской конференции «Зоологические коллекции как источник генетических ресурсов мировой фауны – классические и современные подходы к их изучению, хранению и использованию». – Санкт-Петербург: Издательство “ЛЕМА,” 2022. – С. 15.

8–А. **Волнистый, А.А.** Характеристика генетического разнообразия и эффективной численности субпопуляции благородного оленя (*Cervus elaphus*), обитающей в национальном парке «Беловежская пуца» и на сопредельных территориях / А.А. Волнистый, К.В. Гомель // Тезисы докладов XIX Международной научной конференции «Молодежь в науке» (Минск, 25–28 октября 2022 г.): аграрные, биологические, гуманитарные науки и искусства, медицинские, физико-математические, физико-технические, химия и науки о Земле Молодежь в науке. – Минск: Беларуская навука, 2022. – С. 121-124.

9–А. **Волнистый, А.А.** Генетическое разнообразие в белорусской метапопуляции благородного оленя и её адаптивный потенциал // Материалы V Республиканской научно-практической экологической конференции «Проблемы оценки, мониторинга и сохранения биоразнообразия». – Брест, 2023. – С. 168–171.

10–А. **Волнистый, А.А.** Генетические аспекты реинтродукции благородного оленя в Беларуси / А.А. Волнистый // материалы Международной научно-практической конференции Зоологические исследования в Казахстане в XXI веке: итоги, проблемы и перспективы. – Алматы: РГП «Институт зоологии КН МНВО РК, 2023. – С. 745-750.

11–А. **Волнистый, А.А.** Генетические паспорта для белорусской популяции благородного оленя (*Cervus elaphus*) / А.А. Волнистый, К.В. Гомель // материалы Международной научно-практической конференции Современные проблемы охотоведения и сохранения биоразнообразия. – Минск: Белгосохота, 2023. – С. 206.

12–А. **Волнистый, А.А.** Новые данные о генетической структуре и происхождении популяции благородного оленя (*Cervus elaphus*) на территории Беларуси / А.А. Волнистый, К.В. Гомель, М.Е. Никифоров // Сборник научных статей, посвящённый 125-летию доктора биологических наук Ивана Николаевича Сержанина «Зоологические чтения». – Гродно: ГрГУ, 2023. – С. 342.

13–А. Perspektivy ispol'zovaniia neinvazivnykh metodov polucheniia geneticheskogo materiala dlia molekuliarnykh issledovaniy bioraznoobraziiia zhivotnykh / А.А. Valnisty, А.А. Semionova, V.O. Molchan, O.E. Solovey, L.O. Dasheuskaya, P.Y. Lobanovksaya, K.V. Homel, M.Y. Nikiforov // The relevant problems of biological diversity All-Russian Scientific and Practical Conference. – Publishing house Sreda, 2024. – P. 107-111.

РЕЗЮМЕ

Волнистый Арсений Андреевич

Филогеография и генетическая структура популяции благородного оленя в условиях его реинтродукции в Беларуси

Ключевые слова: благородный олень, генетическая структура, филогеография, реинтродукция, ресурсные виды.

Цель исследования: установление филогеографических связей с мировой популяцией, выявление генетической структурированности и оценка генетического разнообразия белорусской метапопуляции благородного оленя для осуществления эффективного управления популяцией ресурсного вида.

Методы исследования: микросателлитный анализ, анализ митохондриальных нуклеотидных последовательностей, Байесовский анализ популяционной структурированности, популяционный анализ, филогенетический анализ.

Полученные результаты и их новизна:

Впервые в Беларуси проведено исследование филогеографических связей благородного оленя в структуре евразийской популяции вида с использованием молекулярно-генетических методов и установлены источники формирования популяции на территории страны.

Впервые в Беларуси описаны генетическая структура и генетическое разнообразие дикой популяции благородного оленя, осуществлена генетическая паспортизация его диких популяционных групп.

Разнообразие обнаруженных гаплогрупп остро поднимает вопрос корректной политики управления видом на территории страны – с одной стороны, маралоидная и тирренская наследственность формируют значительную долю генетического разнообразия в популяции и повышают её адаптивный потенциал, с другой стороны – эти примеси отдаляют генотип существующей популяции от аборигенного генотипа, описанного исследованиями древней ДНК. Необходимо принятие решения о желательности присутствия этих примесей в рамках популяции.

Рекомендации по использованию: результаты исследования используются при разработке природоохранных мероприятий, в учебном процессе для студентов биологических специальностей, в работе санитарно-эпидемиологических служб.

Область применения: зоология, териология, экология, генетика, лесное хозяйство, эпидемиология.

РЭЗЮМЭ

Валністы Арсеній Андрэвіч

Філагеаграфія і генетычная структура папуляцыі высакароднага аленя ва ўмовах яго рэінтрадукцыі ў Беларусь

Ключавыя словы: высакародны алень, генетычная структура, філагеаграфія, рэінтрадукцыя, рэсурсныя віды.

Мэта даследавання: усталяваць філагеаграфічныя сувязі з сусветнай папуляцыяй, выяўленне генетычнай структураванасці і ацэнка генетычнай разнастайнасці беларускай метапапуляцыі высакароднага аленя для ажыццяўлення эфектыўнага кіравання папуляцыяй рэсурснага віду.

Метады даследавання: мікрасатэлітны аналіз, аналіз мітахандрыяльных нуклеатыдных паслядоўнасцяў, байесаўскі аналіз папуляцыйнай структураванасці, папуляцыйны аналіз, філагенетычны аналіз.

Атрыманыя вынікі і іх навізна:

Упершыню ў Беларусі праведзена даследаванне філагеаграфічных сувязей высакароднага аленя з сусветнай папуляцыяй віду з выкарыстаннем малекулярна-генетычных метадаў, выяўлены крыніцы фарміравання папуляцыі на тэрыторыі краіны.

Упершыню ў Беларусі апісаны генетычная структура і генетычная разнастайнасць дзікай папуляцыі высакароднага аленя.

Разнастайнасць выяўленых гаплагруп востра падымае пытанне карэктнай палітыкі кіравання выглядам на тэрыторыі краіны - з аднаго боку, маралоідная і тырэнская спадчыннасць фармуюць значную долю генетычнага разнастайнасці ў папуляцыі і павышаюць яе адаптыўны патэнцыял, з іншага боку – гэтыя прымешкі аддаляюць генатып існуючай папуляцыі ад абарыгеннага генатыпу, апісанага даследаваннямі старажытнай ДНК. Неабходна прыняцце рашэння аб пажаданасці прысутнасці гэтых прымешак у рамках папуляцыі.

Рэкамендацыі па выкарыстанні: вынікі даследавання выкарыстоўваюцца пры распрацоўцы прыродаахоўных мерапрыемстваў, у навучальным працэсе для студэнтаў біялагічных спецыяльнасцяў, у працы санітарна-эпідэміялагічных службаў.

Вобласць ужывання: заалогія, тэрыялогія, экалогія, генетыка, лясная гаспадарка, эпідэміялогія.

RESUME

Valnisty Arseni Andreyevich

Phylogeography and genetic structure of the reintroduced red deer population of Belarus

Keywords: red deer, genetic structure, phylogeography, reintroduction, resource species.

Study goals: establishing the phylogeographic relationships with the world population, the genetic structuring and genetic diversity of the Belarusian metapopulation of red deer for effective population management.

Methodology: microsatellite analysis, analysis of mitochondrial nucleotide sequences, Bayesian analysis of population structuring, population analysis, phylogenetic analysis.

Results and novelty:

The study provides the first confirmation of the nature of phylogeographic relationships of the Belarusian red deer with the world population of the species, including origins and genetic characteristics of the population.

Other results include the first estimations of genetic diversity, population structure and effective population size of the Belarusian populations of red deer, as well as the first genetic passportization of Belarusian red deer populations.

The diversity of the discovered haplogroups raises the question of proper management policy of the species in the country. On the one hand, maraloid and tyrrhenian heredity form a substantial share of genetic diversity in the population and increase its adaptability, on the other hand these admixtures distance the existing population from the aboriginal genotypes described by ancient DNA studies. It is necessary to make a decision on the desirability of the presence of these admixtures within the population.

Recommendations for application of the study results: the results of the study are used in the development of environmental protection measures, in the educational process for students of biological specialties, in the work of sanitary and epidemiological services.

Scope of application: zoology, theriology, ecology, genetics, epidemiology.

