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

Объект авторского права
УДК: [575.17+575.857]:599.742.11:575.222.7

МОЛЧАН
Владислав Олегович

ПРОИСХОЖДЕНИЕ И СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ ВОЛКА (*CANIS LUPUS*), ВСТРЕЧАЕМОСТЬ И РАСПРОСТРАНЕНИЕ ВОЛЧЬЕ-СОБАЧЬИХ ГИБРИДОВ В БЕЛАРУСИ

Автореферат
диссертации на соискание ученой степени
кандидата биологических наук

по специальности
03.02.04 – зоология

Минск, 2026

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
Официальные оппоненты:	**Гричик Василий Витальевич** доктор биологических наук, профессор, главный научный сотрудник лаборатории популяционной экологии наземных позвоночных и управления биоресурсами ГНПО «Научно-практический центр НАН Беларуси по биоресурсам» **Михайлова Мария Егоровна** кандидат биологических наук, доцент, ведущий научный сотрудник лаборатории генетики животных ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси»
Оппонирующая организация:	Учреждение образования «Гродненский государственный университет имени Янки Купалы»

Защита состоится 10.12.2026 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 « 6 » ноября 2026 г.

Ученый секретарь
Совета по защите диссертаций,
кандидат биологических наук, доцент И.А. Соловей

ВВЕДЕНИЕ

Волк (*Canis lupus* Linnaeus, 1758) – экологически пластичный вид, обитает от тундр до полупустынь и горных районов, занимает обширные территории и способен перемещаться на большие расстояния. Его современный ареал охватывает почти всю Евразию и Северную Америку. До начала XX века волк был многочисленным и широко распространенным в Европе видом, но из-за исчезновения пригодных местообитаний и роста охотничьего пресса произошло сокращение его популяции (Dan, 2016). Наиболее выраженное снижение численности волка наблюдалось в странах Западной Европы, тогда как в странах Восточной Европы сохранялись его крупные группировки, что впоследствии не могло не отразиться на региональных различиях показателей генетической структурированности и разнообразия европейских популяций.

Работы по изучению генетического разнообразия и структурированности популяций вида, последствий резких изменений численности и распространения проводились в Сербии, Венгрии, Хорватии, Италии, России, Боснии и Герцеговине, а также на территории стран Пиренейского полуострова (Испания и Португалия), Динарских и Карпатских гор. В целом в пределах обширного ареала этого вида есть как сравнительно хорошо изученные популяции, так и обследованные недостаточно или односторонне.

В Беларуси изучение волка долгое время было сфокусировано на популяционной динамике, морфологии и морфо-физиологии, воздействии на популяции копытных и разработке мер контроля численности его популяции (Сержанин, 1955 Козло, 1981; Кучмель, 1998). Суть же большинства современных отечественных исследований сводится к комплексной количественной оценке роли волка как ключевого лимитирующего фактора для основных объектов охотничьего хозяйства Беларуси (Востоков, 2016; Шумский, 2020; Шакун, 2025). Активно ведутся также работы по созданию методов ДНК-идентификации в семействе псовых как инструмента видовой диагностики для судебно-криминалистических целей (Гребенчук, 2019, 2022, 2024, 2025, 2026). При этом акцент использования генетических показателей делается на репрезентативном применении их преимущественно для различения представителей семейства псовых в криминалистических образцах, а не для оценки генетических параметров состояния популяций волка в географических регионах. Таким образом, указанные работы носят сугубо методический, инструментальный характер.

Несмотря на использование некоторого количества генетических образцов от волков с территории Беларуси в филогеографических исследованиях, представленных в зарубежных изданиях (Pilot, 2010; Stronen, 2013), данные о генетическом статусе обитающей в Беларуси популяции оставались неполными и фрагментарными, что не позволяло объективно оценить ее состояние с позиций традиционно сильного антропогенного пресса и перспектив долговременного выживания.

Вопреки круглогодичному охотничьему прессу, волк в Беларуси сохраняет умеренно высокую численность. Однако интенсивное изъятие может нарушать социальную структуру популяций, что на фоне роста числа бродячих собак повышает риск интрогрессивной гибридизации. Это явление наиболее вероятно в тех районах, где волки либо редки, либо подвержены высокому прессу со стороны человека и при этом имеют возможность частого контакта с бродячими собаками (Vilà, 1999). Интрогрессивная гибридизация грозит нарушением эволюционных адаптаций вида, снижением экологической роли волка, изменением его поведения по отношению к человеку и сельскохозяйственным животным, ухудшением трофейных качеств самих волков, ставя под угрозу долгосрочное выживание вида. Необходимо подчеркнуть, что в Беларуси вопрос чистоты популяции волка до настоящего времени был исследован недостаточно.

Волк был и остается значимым видом в системе охотничьего хозяйства, служит объектом трофейной охоты и требует повышенного внимания в связи с его негативным воздействием на другие виды диких и домашних животных. Для разработки научно обоснованных мер, направленных на устойчивое управление и использование популяции вида в стране, крайне важны полноценные генетические исследования на репрезентативном материале.

ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА РАБОТЫ

Связь работы с научными программами, темами

Основные результаты диссертационного исследования были получены в ходе выполнения НИР 2 «Оценка молекулярно-генетических последствий и связанных с ними рисков при популяционных нарушениях у проблемных ресурсных, биоценотически значимых и редких видов животных» (срок выполнения: 2021-2025 гг.) базового задания 5 «Создание научных основ управления целевыми признаками популяций редких и хозяйственно-значимых видов животных и растений на основе исследования структурно-функциональной организации их геномов» ГПНИ «Природные ресурсы и

окружающая среда» на 2021-2025 гг. (подпрограмма 10.2 «Биоразнообразие, биоресурсы, экология»), № НИОКТР20210241.

Настоящее исследование соответствует: пункту 3 «Энергетика, строительство, экология и рациональное природопользование» Перечня приоритетных направлений научной, научно-технической и инновационной деятельности на 2021-2025 гг., утвержденного Указом Президента Республики Беларусь № 156 от 7 мая 2020 г.; пункту 3 «Биологические, химико-фармацевтические и медицинские технологии» Перечня приоритетных направлений научной, научно-технической и инновационной деятельности Республики Беларусь на 2026-2030 годы, утвержденного Указом Президента Республики Беларусь № 135 от 1 апреля 2025 г.; пункту 3.2.9 «Экология и рациональное природопользование» стратегии «Наука и технологии», принятой на долгосрочную перспективу 2018-2040 гг.

Цель, задачи, объект и предмет исследования

Цель исследования: оценить популяционно-генетические параметры волка и уровень его гибридизации с бродячими собаками в Беларуси в условиях высокого антропогенного пресса с учетом многолетней флуктуации численности вида и интенсивности охотничьего изъятия.

Задачи исследования:

1. Оценить генетическое разнообразие популяции волка в Беларуси в контексте многолетней динамики численности и охотничьего пресса.
2. Установить происхождение белорусской популяции волка на основе филогеографического анализа мтДНК.
3. Оценить демографическую историю и генетическую структуру популяции волка в Беларуси, используя анализ полиморфизма микросателлитных локусов.
4. Определить и проанализировать уровень гибридизации с бродячими собаками в популяции волка в Беларуси.
5. Установить пространственное распределение волчье-собачьих гибридов на территории Беларуси.

Объекты исследования: белорусская популяция волка *Canis lupus*, бродячие собаки *Canis familiaris*.

Предмет исследования: происхождение и структура белорусской популяции волка, а также гибридизация волка с бродячими собаками.

Научная новизна. Впервые для белорусской популяции волка на репрезентативном материале реализован многоуровневый молекулярно-генетический подход, сочетающий анализ контрольного региона *D-loop* мтДНК и ядерных STR-локусов, что позволило охарактеризовать происхождение, генетическое разнообразие и структуру популяции. На этой

основе впервые выполнен сопряженный анализ генетической структуры и многолетней динамики численности популяции волка; проведена филогеографическая оценка популяции с детализацией ее генетических связей с евразийскими группировками, региональной специфики гаплотипической структуры, а также характера и направленности миграционных потоков, определяющих место белорусской группировки в общей картине пространственного распределения генетического разнообразия волка в Евразии. Кроме того, впервые в Беларуси при интеграции морфологического и молекулярно-генетического подходов оценены уровень и интенсивность гибридизации волка с бродячими собаками, а также характер территориального распределения волчье-собачьих гибридов.

Положения, выносимые на защиту:

1. Популяция волка в Беларуси имеет смешанное происхождение и представлена генетическими линиями, географически ассоциированными с регионом Северо-Восточной Европы (78 %), а также Западной (11 %) и Восточной Азии (11 %).

2. Несмотря на длительно существующий ненормируемый охотничий пресс в отношении волка, его популяция в Беларуси на современном этапе не находится под угрозой, вызываемой последствиями генетической эрозии, демонстрирует стабильную демографическую историю (Fu's Fs = 2,31 ($p>0,10$); Tajima's D = 2,07 ($p>0,10$); Wilcoxon signed-rank test = $p > 0,05$), т.е. не имеет признаков событий резкого сокращения численности (эффекта «бутылочного горлышка»).

3. Белорусская популяция волка характеризуется присутствием гибридов волка и собаки, причем доля таких гибридов в популяции волка больше (5,0 %), чем в исследованной выборке бродячих собак (0,7 %). В настоящее время гибридизация между волком и бродячими собаками в Беларуси носит эпизодический характер и не выявляет зон концентрации гибридов, а поток генов преимущественно направлен в сторону популяции волка.

Личный вклад соискателя ученой степени в результаты диссертации. Соискателем лично обработаны ведомственные данные учетов численности, многолетней динамики, а также статистики добычи волка в Беларуси, проведен сбор и обработка фотоматериалов добытых особей волков, сформированы коллекции образцов биологического материала, предоставленного охотниками, специалистами по таксидермии и работниками коммунальных предприятий на основании достигнутых автором договоренностей. Соискателем лично проведена камеральная обработка биологического материала, выделение и оценка качества ДНК, амплификация

локусов митохондриальных и микросателлитных маркеров, подготовка ампликонов к секвенированию, определение микросателлитных размеров, обработка нуклеотидных последовательностей, анализ молекулярно-генетических данных, их депонирование в международные базы данных, статистическая обработка и интерпретация результатов.

Добытый и обработанный в процессе исследования генетический материал депонирован в Генетический банк дикой фауны ГНПО НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам». Тема, цель и задачи исследования сформулированы соискателем совместно с научным руководителем. Подготовка рукописи диссертации выполнена соискателем лично при консультации научного руководителя.

Соискатель благодарит за консультации и поддержку главного научного сотрудника лаборатории молекулярной зоологии ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам» д.б.н., профессора, академика М.Е. Никифорова и к.б.н., доцента кафедры биологической химии Белорусского государственного медицинского университета, Е.Э. Хейдорову.

Апробация диссертации и информация об использовании ее результатов. Результаты диссертационного исследования были представлены на 8 республиканских и международных конференциях: XVIII Международной научной конференции «Молодежь в науке», Минск, 2021 г.; II Международной научно-практической конференции «Актуальные проблемы охраны животного мира в Беларуси и сопредельных регионах», Минск, 2022 г.; VII Международной научно-практической конференции «Зоологические чтения», Гродно, 2023 г.; II Всероссийской научно-практической конференции с международным участием «Актуальные проблемы биоразнообразия», Ульяновск, 2024 г.; Международной научно-практической конференции «Териофауна Беларуси и сопредельных регионов», Минск, 2024 г.; XXI Международной научной конференции «Молодежь в науке», Минск, 2024 г.; XXII Международной научной конференции «Молодежь в науке», Минск, 2025 г.; Международной научной конференции «Радиобиология и экологическая безопасность», Гомель, 2025 г.

Результаты исследования в виде двух методических рекомендаций внедрены в научно-исследовательскую работу и учебный процесс биологического факультета Белорусского государственного университета и ГНПО «Научно-практический центр НАН Беларуси по биоресурсам» (3 акта о внедрении).

Опубликованность результатов диссертации. По материалам диссертации опубликовано 13 научных работ (общий объем – 6,86 авторских листа): 4 статьи в изданиях, соответствующих п. 19 «Положения о

присуждении ученых степеней и присвоении ученых званий в Республике Беларусь», объемом 4,25 авторских листа, 9 публикаций в сборниках материалов и тезисов докладов научных конференций.

Структура и объем диссертации. Диссертация изложена на 142 странице и состоит из следующих разделов: перечень сокращений и обозначений, введение, общая характеристика работы, шесть глав, заключение и семь приложений. Приложения составляют 27 страниц. Работа иллюстрирована 14 таблицами и 34 рисунками общим объемом 24 страницы. Библиографический список представлен на 12 страницах и включает 146 литературных источников, из них 130 на иностранных языках.

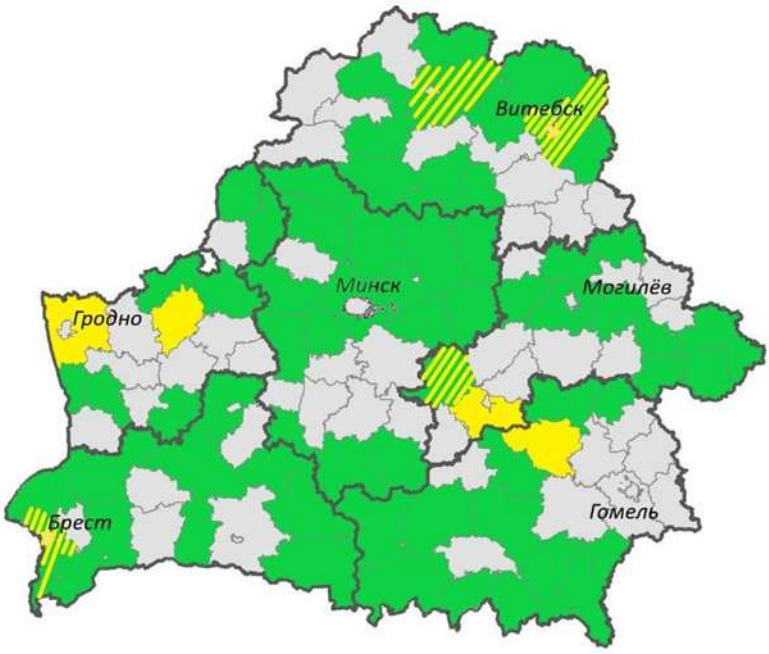
ОСНОВНАЯ ЧАСТЬ

В **первой главе** «Аналитический обзор литературы. Постановка проблемы» описывается история, характеризуется современный статус и охрана обыкновенного волка (*Canis lupus* Linnaeus, 1758) в Европе. Рассматриваются ключевые аспекты исследований генетического разнообразия европейских волков, включая вопрос их гибридизации с бродячими собаками. На основании анализа современных зарубежных и отечественных публикаций описывается филогеографическая и популяционно-генетическая структура популяций волка на территории Западной Палеарктики, а также дается оценка распространения и частоты встречаемости волчье-собачьих гибридов на территории Евразии. Несмотря на включение белорусских образцов в международные филогеографические исследования, имеющиеся данные нельзя считать исчерпывающими для объективной оценки генетической структуры белорусской популяции, а достоверные сведения по наличию в ней гибридов волка с бродячими собаками и вовсе отсутствуют.

На основании анализа современных подходов и результатов мировых научных исследований по генетическому разнообразию и проблеме волчье-собачьих гибридов сформулированы приоритетные задачи настоящего диссертационного исследования.

Во **второй главе** описываются материалы и методы исследования. Всего использовалось 144 образца биологического материала от волков, добытых в период с 1980 по 2025 гг., и 144 образца от бродячих собак, добытых в период 2021 - 2023 гг. Биоматериал волков получен из 67 районов всех административных областей Беларуси; бродячих собак – из 8 районов 5 областей (кроме Минской) (рисунок 1). Для оценки современной генетической

структуры популяции волка (2020-2024 гг.) и выявления волчье-собачьих гибридов (1980-2024 гг.) применялся анализ высоковариабельных ядерных ДНК-маркеров – микросателлитов. На основании полученных микросателлитных данных были рассчитаны стандартные индексы разнообразия (число аллелей на локус – Na, ожидаемая гетерозиготность – H_E, наблюдаемая гетерозиготность – H_O, показатель аллельного богатства – AR, коэффициент инбридинга – F_{IS}) и структурированности (эвристическая оценка количества генетических кластеров в модельной симуляции – ΔK, коэффициент генетической дифференциации популяций по Wright – Fst, коэффициент генетической дифференциации популяций по Nei – Gst, коэффициент генетической дифференциации популяций по Jost – D_{Jost}).



Зеленым цветом выделены районы добычи особей волков;
желтым цветом отмечены районы добычи особей бродячих собак;
штриховкой показаны районы добычи особей волков и бродячих собак

Рисунок 1 – Районы добычи волков и бродячих собак, чей биоматериал был использован в настоящем исследовании

Для определения генетической структурированности популяции волка и выявления гибридных особей был применен байесовский анализ, который проводили с использованием следующих программ: Genepop version 4.7.5, GenAlEx 6.501, STRUCTURE 2.4.3, FSTAT 2.9.3.2. Анализ прохождения популяцией волка через критическое снижение численности («бутылочное горлышко») проводили в BOTTLENECK. Поток генов в популяции волка оценивали при помощи веб-приложения divMigrate-online. Проверку на наличие родственных связей между особями волка проводили в программе ML-Relate.

Для оценки возможности количественного определения частоты гибридизации по внешним признакам в период с 2021 по 2025 год было проанализировано 840 особей на основе фотоматериалов добытых животных. Для инструментального выявления гибридов использовали две программы: NewHybrids совместно с пакетом R и Structure v.2.4.3. Отнесение особи к гибридной производилось на основе обобщающего анализа полученных данных из двух программ.

Филогеографическую характеристику белорусской популяции волка давали на основе анализа полиморфизма участка контрольного региона митохондриальной ДНК (*D-loop*). Целевой фрагмент контрольного региона был амплифицирован с использованием праймеров: L16462 (5'- CATACTAACGTGGGGGTTAC-3') и H222 (5'- AAACTATATGTCCTGAAACC-3').

Нуклеотидные последовательности целевых фрагментов контрольного региона мтДНК волков выравнивали в программе MEGA X с помощью алгоритма MUSCLE. В качестве внешней группы использовалась референсная последовательность *D-loop* азиатского шакала *Canis aureus* (Linnaeus, 1758) (NCBI A/N: MF113210). Выровненные последовательности использовали для анализа состава гаплотипов и гаплотипического разнообразия вместе с выборкой последовательностей *D-loop* волков из Евразии (n = 91).

Байесовское филогенетическое дерево генетических различий построено при помощи программы MrBayes v3.2.7 с применением двухпараметрической модели Кимуры с учетом гамма распределения и наличия инвариантных сайтов. Полученное дерево визуализировали с помощью программы FigTree v1.4.4.

Параметры генетического разнообразия (число гаплотипов – H, гаплотипическое разнообразие – Hd, нуклеотидное разнообразие – π, среднее число нуклеотидных различий – k) рассчитывали в программе DnaSP 6.12.01. Расчет демографических тестов Fu's Fs и Tajima's D проведен в Arlequin ver. 3.5.2.2.

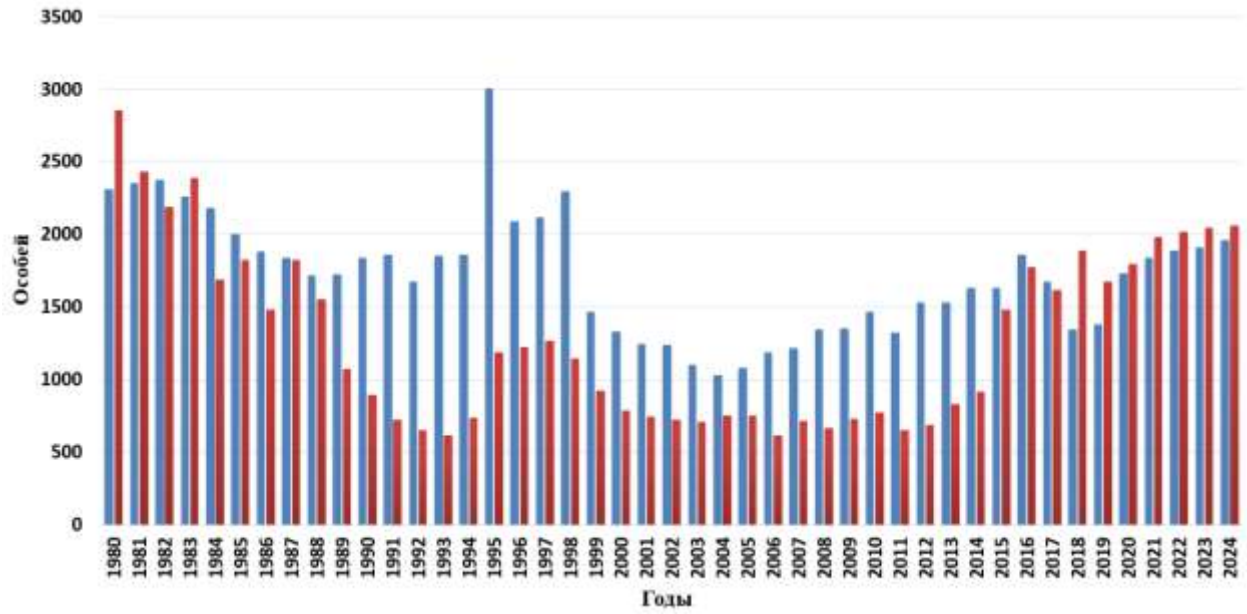
В **третьей главе** «Популяционно-генетическая структура волка в Беларуси на современном этапе (2020-2024 гг.)» на основе анализа ведомственных данных по многолетней динамике численности, территориальному распределению и величине изъятия вида, а также определения параметров генетического разнообразия и структуры дается оценка популяционной устойчивости вида в существующих условиях антропогенного пресса.

Современная территориальная структура популяции волка отражает

неравномерное распределение плотности населения вида на территории страны: наибольшие показатели характерны для юго-восточных регионов Беларуси с крупными лесными массивами, в то время как остальные регионы имеют разнородную численность с наименьшими значениями в центральной и юго-западной частях (Национальный атлас Беларуси, 2024).

Анализ исторической динамики свидетельствует, что численность волка в Беларуси носила неравномерно волнообразный характер и была ассоциирована по времени с социально-экономическими процессами и изменениями уровня охотничьего пресса. В отдельные периоды (1940-е, 1990-е гг.) численность вида резко возрастала, что, вероятно, было обусловлено снижением интенсивности отстрела, а также ростом численности объектов добычи волка.

Однако, если сопоставить динамику численности волка и размеров его изъятия за последние почти 50 лет (рисунок 2), картина оказывается несколько парадоксальная.



Цвет столбцов: синий – численность, красный – добыча

Рисунок 2 – Динамика численности и добычи волка в Беларуси в 1980 - 2024 гг. (Национальный статистический комитет РБ)

В 1980-х годах фиксировалась высокая численность вида, несмотря на значительные объемы добычи, которые в отдельные годы даже превышали учетную численность до периода размножения. Аналогично высокие показатели численности и добычи наблюдаются и в современный период, начиная с 2015 года. Однако, в интервале между этими периодами пропорции существенно меняются. С конца 1980-х / начала 1990-х годов, вслед за значительным сокращением изъятия, численность стабилизировалась, причем

на уровне более низком, чем в период интенсивного отстрела. Затем, во второй половине 1990-х, численность ненадолго возросла синхронно с ростом добычи. Но после этого оба показателя опять снизились и на протяжении примерно 15 лет оставались на сравнительно низком уровне. При этом ежегодный отстрел в этот период составлял лишь от половины до 2/3 от учтенной численности.

Даже в период начала 2000-х годов, когда отстрел был минимальным как в абсолютных показателях, так и в доле от численности к началу периода размножения, численность не имела значительного роста и оставалась ниже, чем в периоды максимальной интенсивности отстрела. Возможным фактором наблюдаемого варьирования соотношения численности и изъятия могло оказаться изменение кормовой базы волка, так как численность в популяциях четырех основных видов копытных (лось, благородный олень, кабан, европейская косуля) в рассматриваемый период также претерпевала значительные колебания (Шакун, 2025).

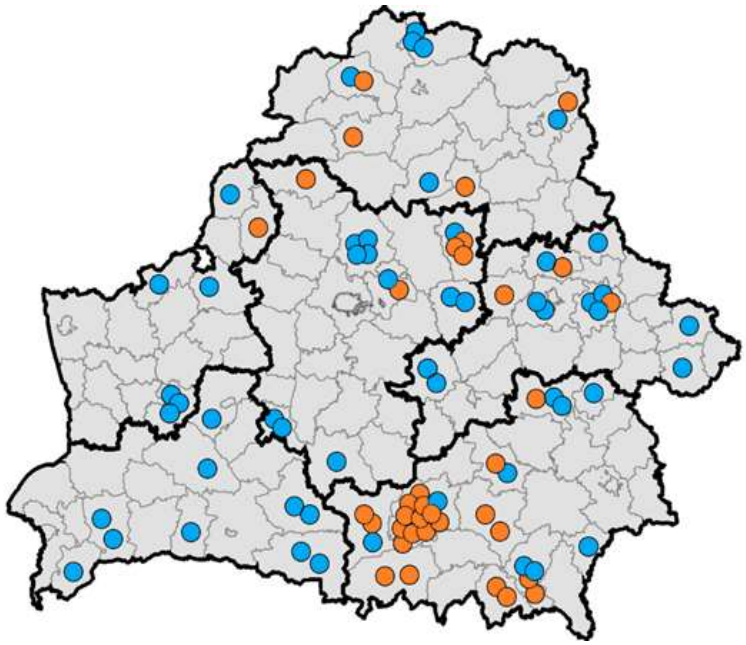
Проведенный анализ свидетельствует, что популяция волка в Беларуси в течение последних почти 50 лет, подвержена постоянному и значительному охотничьему прессу, который опять особенно возрос в последние 10 лет.

Стоит отметить, что интенсивное изъятие, особенно локальное и в период размножения, может приводить к ряду негативных последствий для популяции волка: снижению генетического разнообразия, нарушению социальной структуры стай и росту случаев гибридизации с собаками, что было продемонстрировано исследованиями во многих странах (Италия, Хорватия, Босния и Герцеговина, Германия).

Для исследования современной генетической структуры и устойчивости популяции волка в условиях высокого антропогенного пресса в Беларуси было использовано 89 образцов биоматериала от особей, добытых в период с 2020 по 2024 гг. Проведенный микросателлитный анализ показал, что белорусская популяция волка обладает умеренным уровнем генетического разнообразия, сохраняя эти показатели даже в условиях интенсивного охотничьего пресса. Два выявленных генетических кластера характеризуются равномерной встречаемостью по всей территории страны без четкого разделения на субпопуляции, что, очевидно, связано с отсутствием каких-либо изолирующих барьеров и наличием свободного потока генов внутри популяции (рисунок 3).

С одной стороны, популяция демонстрирует слабую генетическую структурированность (Fst = 0,020; Gst = 0,013; D_{Jost} = 0,103) и высокий показатель инбридинга (F_{IS}=0,204), который, среди прочего, может указывать на процессы, связанные с нарушением популяционной устойчивости. С другой

стороны, мы не наблюдаем признаков прохождения популяции через «бутылочное горлышко», то есть в недавней истории белорусской популяции волка не было событий критического сокращения численности.

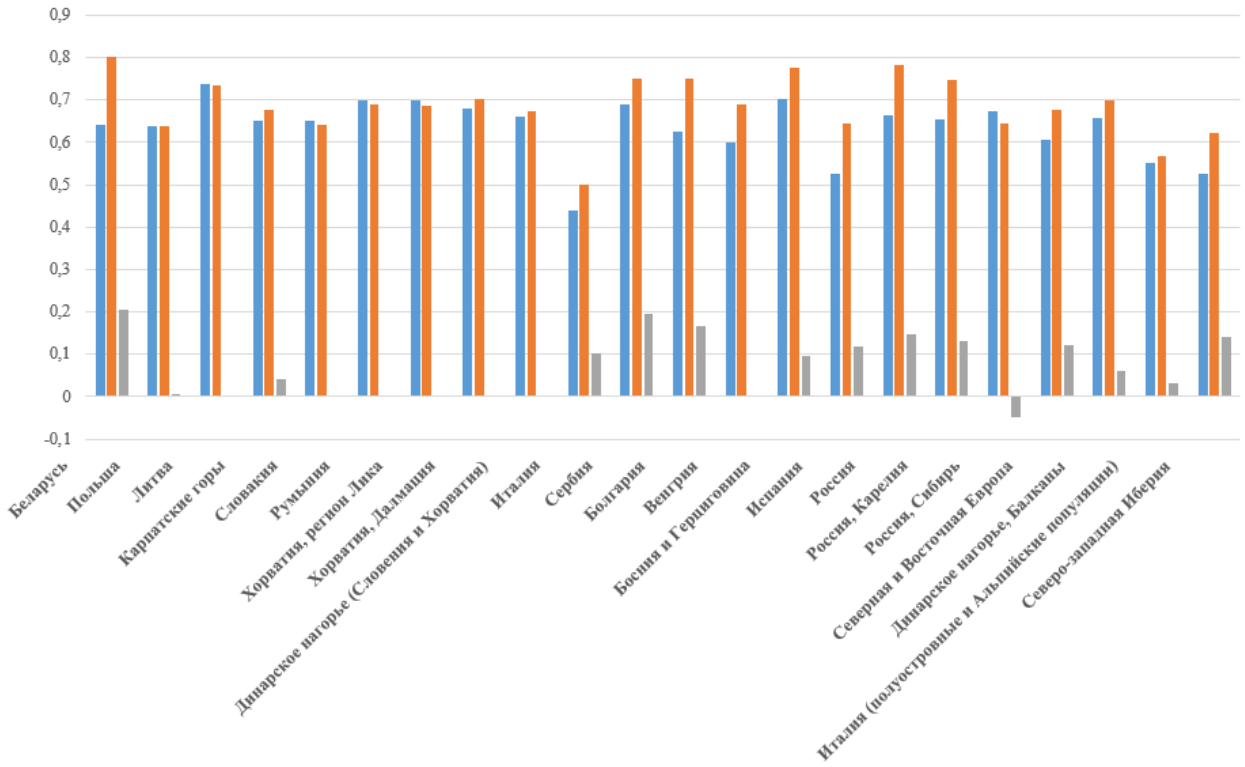


Цвет кругов: синий – генетический кластер «А»,
оранжевый цвет – генетический кластер «Б», круг – одна особь

Рисунок 3 – Географическое распределение исследованных волков по выявленным генетическим кластерам

Генетическое разнообразие можно охарактеризовать как умеренное: по 20 микросателлитным локусам установлено более 200 аллелей, а значения наблюдаемой (H_O = 0,640 ± 0,026) и ожидаемой гетерозиготности (H_E = 0,802 ± 0,012) сопоставимы с показателями восточноевропейских популяций и превышают таковые у многих западноевропейских группировок (рисунок 4).

Наблюдаемая в настоящее время стабильность белорусской популяции волка и ее устойчивый генетический статус в условиях высокого охотничьего пресса обеспечивается постоянным генетическим обменом с крупными сохранившимися популяциями на севере и востоке Европы и с недавно восстановленными группировками Западной и Центральной Европы вследствие отсутствия существенных природных и антропогенных барьеров, а также высокой численностью диких копытных, составляющих кормовую базу, и наличием достаточного количества пригодных местообитаний – крупных лесных и лесоболотных массивов. Совокупность этих условий создает благоприятные предпосылки для долгосрочного сохранения вида на территории Беларуси.



Цвет столбцов: синий – показатель наблюдаемой гетерозиготности (H_O); оранжевый – показатель ожидаемой гетерозиготности (H_E); серый – показатель инбридинга (F_{IS})

Рисунок 4 – Сравнительные показатели генетического разнообразия и инбридинга волка в ряде европейских стран, России и Беларуси

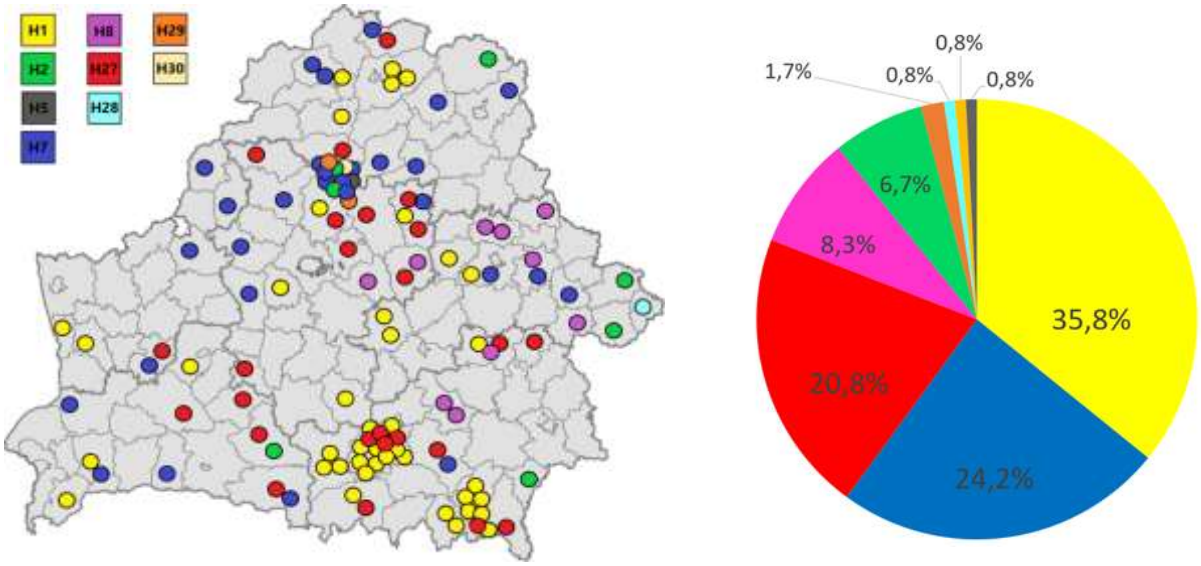
В **четвертой главе** «Генетический статус волка в Беларуси» характеризуется история, демография и генетический статус популяции волка на основании полиморфизма участка *D-loop* мтДНК**.**

Для оценки происхождения, генетического разнообразия и связи белорусской популяции волка с другими популяциями вида из евразийского ареала нами проведен сравнительный анализ фрагмента *D-loop* митохондриальной ДНК для выборки из 116 особей, охватывающей основные территориальные группировки вида в пределах страны. Длина исследованного фрагмента *D-loop* составила 302 п.о. Установлено, что популяция волка в Беларуси характеризуется умеренным генетическим разнообразием (h = 9; Hd = 0,761 и π = 0,00938) и наличием четырех уникальных гаплотипов в рамках исследованной выборки – H27, H28, H29 и H30. Карта распределения установленных гаплотипов и диаграмма встречаемости (в %) представлены на рисунке 5.

Наиболее распространенными по всей территории Беларуси, согласно нашим данным, являются гаплотипы H1, H7 и H27, характерные для Восточной Европы. При этом H1 характерен не только для образцов из Европы (Беларусь, Украина, Латвия), но и из Азии (Китай). Два гаплотипа – H8 (характерный для Северной Европы) и H2 (относящийся к кавказской

линии) – встречаются реже. Все остальные гаплотипы (H29, H5, H28, H30) отмечены с низкой частотой. В частности, H5 и H30 были единично обнаружены у волков, добытых на территории ГПУ «Березинский биосферный заповедник» в 1990-х годах. H28 был зарегистрирован нами единожды в Хотимском районе на востоке Беларуси.

Результаты демографических тестов (Fu's Fs = 2,31 (p>0,10); Tajima's D = 2,07 (p>0,10)) не обнаруживают резких изменений в численности популяции волка в Беларуси в прошлом.



А Б

А – Карта распределения гаплотипов *D-loop* в белорусской популяции волка;
Б – Встречаемость гаплотипов *D-loop* в белорусской популяции волка;
гаплотипы *D-loop*: H1 – желтый, H2 – зеленый, H5 – серый, H7 – синий, H8 – фиолетовый, H27 – красный, H28 – голубой, H29 – оранжевый, H30 – бежевый

Рисунок 5 – Состав гаплотипов в белорусской популяции волка по данным анализа полиморфизма контрольного региона мтДНК (*D-loop*)

Полученные параметры генетического разнообразия для популяции волка из Беларуси показали высокое сходство с таковыми в европейской популяции в целом и в большинстве отдельных регионов Европы, в частности (рисунок 6).

Обобщенный анализ нуклеотидных последовательностей контрольного региона мтДНК волков, полученных нами из Беларуси, и аналогичных последовательностей с территории Палеарктики в целом (n=91; данные из NCBI) позволил выделить 30 гаплотипов: 18 европейских, 9 азиатских и 3 европейско-азиатских (рисунок 7).

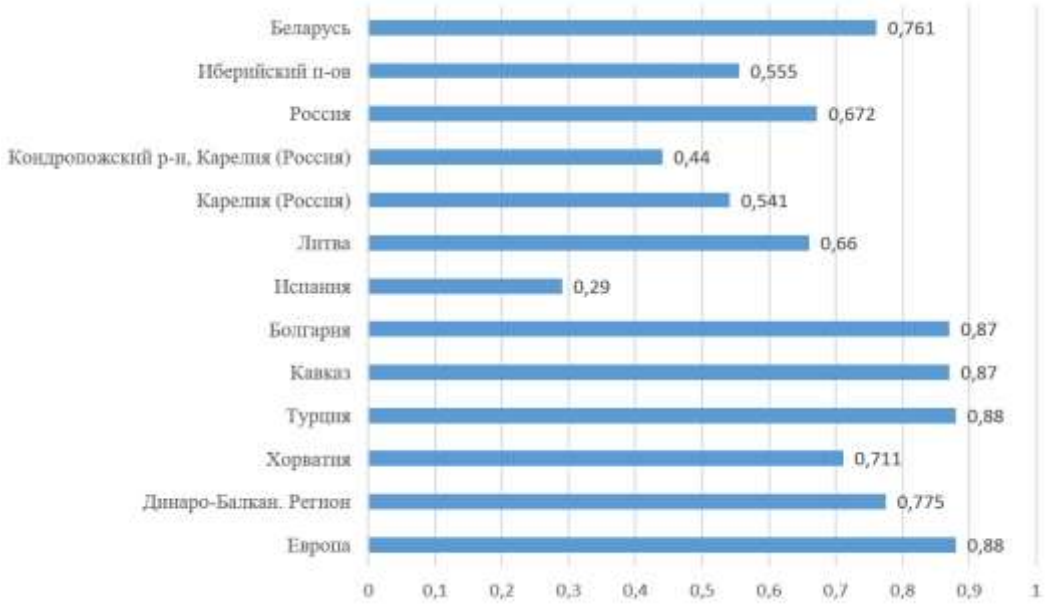
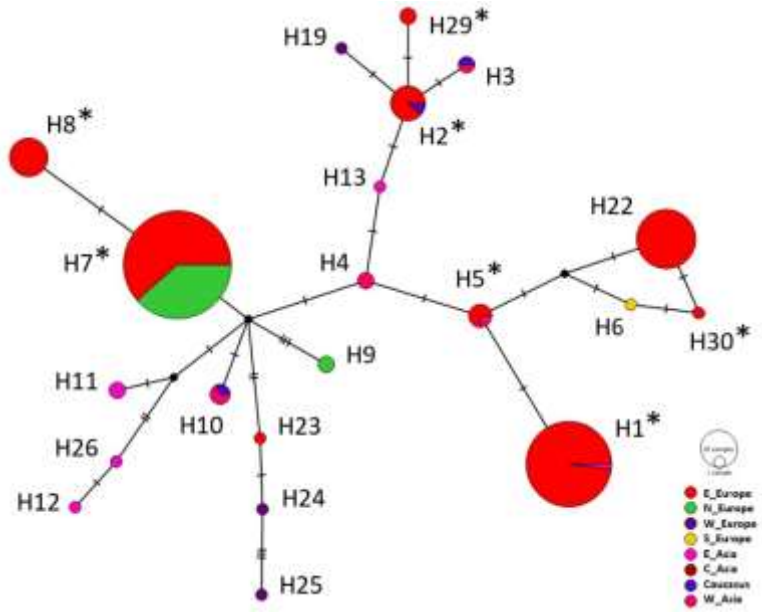


Рисунок 6 – Показатели гаплотипического разнообразия (Hd) для волков из Беларуси и других популяционных группировок из Европы и Азии



* гаплотипы, встречающиеся в Беларуси

Рисунок 7 – Сеть гаплотипов волка в пределах Палеарктики по данным вариабельности контрольного региона (*D-loop*) мтДНК

Гаплотипическая сеть для популяции волка в Палеарктике (рисунок 7) показывает отсутствие структуры в виде гаплогрупп, однако наблюдаемый характер изменчивости между выявленными гаплотипами указывает на филогенетическую близость линий из удаленных географических регионов. Высокая генетическая разнородность популяции волка, обитающей в Беларуси, является следствием ее смешанного происхождения. Анализ распределения гаплотипов свидетельствует, что современная популяция

сформировалась в результате миграции и смешения особей из различных частей евразийского ареала: Северо-Восточной Европы (78 %), Западной (11 %) и Восточной (11 %) Азии. Это объясняет значительное генетическое разнообразие, наблюдаемое в регионе, и позволяет рассматривать Беларусь как зону контакта и генетического обмена между различными популяционными группировками волка. Таким образом, устойчивая и генетически разнообразная популяция волка в Беларуси играет важную роль в поддержании общеевропейского генетического разнообразия вида.

В пятой главе «Встречаемость и распространение волчье-собачьих гибридов на территории Беларуси» проводится оценка частоты встречаемости и анализ пространственного распределения на территории страны волчье-собачьих гибридов на основании как морфологических, так и молекулярно-генетических данных.

Анализ устных сообщений и фотографических данных от охотников и специалистов за 2002-2025 гг. выявил ряд свидетельств возможной гибридизации волков с собаками на территории Беларуси. Предположительно гибридные особи были обнаружены в 19 районах всех административных областей страны. Всего выявлена 31 особь с признаками гибридов. Из них образцы биоматериала от 19 животных получены в период с 2020 по 2025 гг. на основании сообщений и фотоматериалов от охотников; еще 11 животных были добыты охотниками в период с 2009 по 2016 гг. в Витебской и Гродненской областях и переданы д.б.н. В.Е. Сидоровичем из собственных коллекционных сборов. Также из коллекции Генетического банка дикой фауны использован один образец от особи волка (TH00170), имевшей черный окрас – характерный признак гибридизации с собакой.

На основании визуального анализа внешних признаков по фотографиям 840 волков, легально добытых охотниками в период с 2020 по 2025 гг., признаки, позволяющие предположить гибридизацию, были выявлены только у 13 особей (1,5 % от общего числа). При этом проведенный генетический анализ подтвердил гибридное происхождение лишь для четырех из этих 13 особей, что составляет 30,8 % от числа визуально идентифицированных кандидатов. Это свидетельствует о том, что визуальная оценка в ряде случаев может сигнализировать о наличии проблемы гибридизации в популяции волка, но далеко не всегда оказывается корректной, и для получения объективной картины такие данные требуют молекулярно-генетической верификации. Более того, проведенные нами специальные исследования показали, что для выяснения реального масштаба проблемы гибридизации в

популяциях волка и бродячих собак вообще невозможно обойтись без генетических исследований.

Для оценки уровня встречаемости волчье-собачьих гибридов в Беларуси нами были использованы соответствующие молекулярно-генетические подходы и методы. Всего по 20 микросателлитным локусам было получено 5732 фрагмента для 144 особей волков и 5622 фрагмента для 144 особей бродячих собак в качестве контрольной выборки. Байесовский анализ для выявления генетической структурированности между выборкой волков и бродячих собак показал четкое разделение на два соответствующих кластера (рисунок 8).

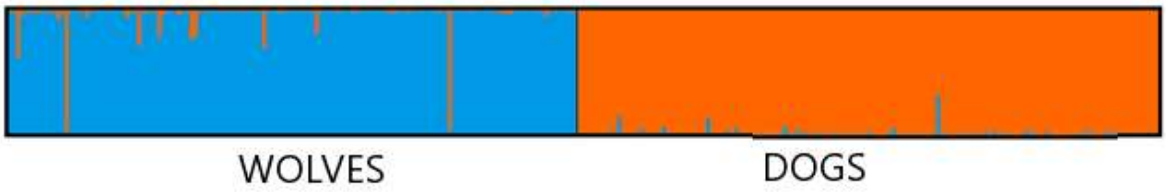
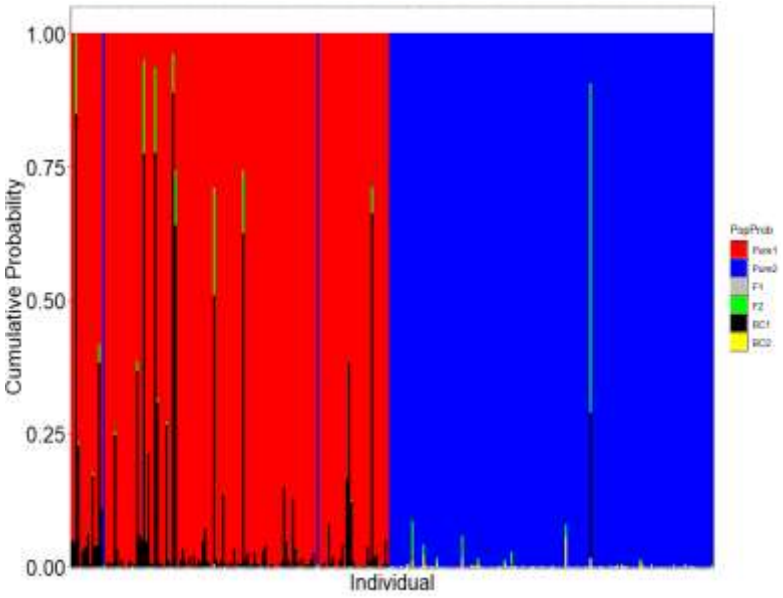


Рисунок 8 - Принадлежность исследуемых особей к генетическим кластерам волков (синий цвет) и собак (оранжевый цвет) по данным байесовского анализа в программе Structure при K = 2 на основании генотипических данных по 18 микросателлитным локусам

В связи с тем, что точное отнесение особи к конкретному гибридному поколению в программе Structure практически невозможно, эту задачу решали в программе NewHybrids. Итоговый график апостериорной вероятности отнесения особей волков и бродячих собак из Беларуси к одному из шести генотипических классов (Pure1, Pure2, F1, F2, BC1, BC2) представлен на рисунке 9.

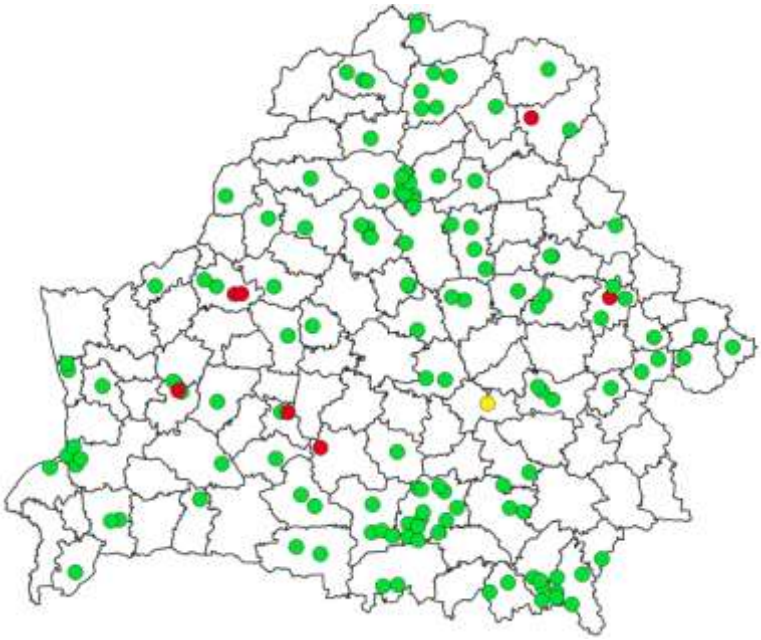
По результатам обобщающего анализа данных в Structure и NewHybrids было установлено 7 особей гибридного происхождения в выборке волков (4,86 %) и 1 особь – в выборке бродячих собак (0,69 %). Выявленные гибридные особи волков были добыты в период с 2016 по 2024 гг. в 6 районах четырех административных областей Беларуси. При этом в популяции волка все гибриды являлись результатом обратного скрещивания гибридных особей F1 с «чистыми» волками, а в популяции бродячих собак выявленная гибридная особь была идентифицирована как гибрид второго поколения. Таким образом, среди всех выявленных гибридов доля особей, произошедших от обратного скрещивания между волками и гибридными особями первого поколения, составила 87,5 %, второго поколения – 12,5 %. Полученные данные позволяют предполагать, что события гибридизации в Беларуси происходили несколько поколений назад с преимущественной направленностью потока генов в

сторону популяции волка. Карта распространения установленных гибридных особей представлена на рисунке 10.



Два блока (слева направо) – особи волков (красный цвет) и бродячих собак (синий цвет), соответственно; Pure1 - вероятность принадлежности особи к “чистым” волкам; Pure2 - вероятность принадлежности особи к “чистым” бродячим собакам; F1 - вероятность принадлежности к гибриду первого поколения - потомок волка и бродячей собаки; F2 - вероятность принадлежности к гибриду второго поколения - потомок двух гибридных особей F1; BC1 - вероятность принадлежности к потомку от гибрида F1 и волка; BC2 - доля принадлежности к потомку от гибрида F1 и бродячей собаки

Рисунок 9 – Апостериорная вероятность отнесения особей волков и бродячих собак из Беларуси в 1 из 6 генотипических классов по данным анализа в программе NewHybrids



Зеленым цветом обозначены особи волка; красным - гибридные особи из выборки волков; желтым - гибридная особь из выборки бродячих собак; круг - одна особь

Рисунок 10 – Карта распространения волчье-собачьих гибридов среди анализируемой выборки волков в Беларуси

Таким образом, полученные данные подтверждают наличие гибридизации волков с бродячими собаками в Беларуси. Характер распределения выявленных гибридных особей не демонстрирует какой-либо географической предопределенности, либо концентрации гибридных особей в конкретных регионах страны.

В целом относительно невысокий уровень гибридизации между популяциями волка и бродячих собак в Беларуси сопоставим с уровнями, показанными в подавляющем большинстве результатов исследований в различных регионах Европы в период с 2014 по 2023 гг.

В **шестой главе** приводятся рекомендации по осуществлению генетического контроля популяции волка в Беларуси в долгосрочной перспективе.

Полученные результаты позволяют выделить некоторые экологические риски в отношении существующей белорусской популяции волка. Основные из них – это угроза снижения генетического разнообразия, в том числе из-за повышенного уровня инбридинга, в случае дальнейшего роста охотничьего пресса и усиления популяционной изоляции, а также увеличение числа случаев гибридизации с собакой. Современный уровень этих рисков не высок, однако при изменении условий в будущем они могут иметь более негативные проявления.

Гибридизация способна нарушать генетическую целостность вида, его ключевую экологическую роль, а также приводить к появлению особей с непредсказуемыми и потенциально опасными поведенческими особенностями. Отсутствие научно обоснованного и системного подхода к решению данной проблемы в целом может привести к утрате уникального генофонда белорусской популяции волка и усилению негативных последствий контактов диких животных с человеком.

Это обуславливает необходимость осуществления генетического контроля популяции волка в целях предупреждения возникновения отрицательных тенденций. Под генетическим контролем в данном контексте понимается система периодического мониторинга параметров генетического разнообразия популяции волка и уровня гибридизации с бродячими собаками, а также алгоритм последующих действий в случае выявления негативных популяционных тенденций.

Общая схема предлагаемого генетического контроля популяции волка предполагает несколько шагов для ее реализации. Во-первых, требуется внедрение системного генетического мониторинга с регулярным сбором и анализом биологических образцов волков из всех регионов страны, что

позволит получить объективные данные о масштабах и динамике происходящей в природе гибридизации волка с собакой. Разработанная и апробированная в процессе наших исследований методология предполагает комплексный подход к выявлению гибридов. Во-вторых, результаты генетического анализа должны быть интегрированы в План управления популяцией волка, а также учитываться в планах по контролю численности бродячих собак. В-третьих, важно предпринимать меры по повышению осведомленности специалистов-экологов и охотников о важности генетического контроля популяции волка, рисках в связи с гибридизацией с бродячими собаками, а также о значении выявления волкоподобных особей и их генетической идентификации. Контроль гибридизации волка и собаки, как и сохранение генетической чистоты белорусской популяции волка, являются актуальной задачей, требующей скоординированных и научно обоснованных действий.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Основные научные результаты диссертации

1. Популяция волка в Беларуси характеризуется смешанным происхождением от популяций из Северо-Восточной Европы (78 %), Западной (11 %) и Восточной Азии (11 %), что обуславливает ее умеренное ($h = 9$; $Hd = 0,761$ и $\pi = 0,00938$) генетическое разнообразие [1-А; 3-А; 7-А].
2. Несмотря на постоянное антропогенное воздействие в виде изъятия значительной доли популяции как в недавнем прошлом, так и в настоящее время, популяция волка в Беларуси характеризуется как устойчивая, с сохраняющимся высоким эволюционно-адаптивным потенциалом, что подтверждается умеренными уровнями гетерозиготности и аллельного богатства ($H_O = 0,640$; $H_E = 0,802$; $AR = 10,16$), при отсутствии выраженной генетической структурированности ($K = 2$). При этом установленный повышенный коэффициент инбридинга в популяции ($F_{IS} = 0,204$) может быть результатом воздействия неконтролируемого охотничьего пресса [3-А; 9-А; 13-А].
3. Популяция волков, обитающая на территории Беларуси, согласно результатам молекулярно-генетического анализа, демонстрирует стабильную демографическую историю (Fu’s $Fs = 2,31$ ($p>0,10$); Tajima’s $D = 2,07$ ($p>0,10$); Wilcoxon signed-rank test = $p>0,05$) без признаков резких радикальных изменений численности, характерных для «бутылочного горлышка» [1-А; 3-А; 7-А; 9-А].

4. Белорусская популяция волка характеризуется присутствием гибридов с бродячими собаками, что показано на основании анализа генетических данных с применением популяционно-специфической микросателлитной панели. Для исследованной выборки популяции волка доля гибридных особей составляет 5,0 %, тогда как в исследованной выборке бродячих собак – 0,7 % [2-А; 5-А; 6-А; 10-А].

5. Соотношение поколений гибридов волка и собаки свидетельствует о нерегулярности и, очевидно, эпизодичных событиях гибридизации: доля гибридных особей, произошедших от обратного скрещивания между волками и гибридами первого поколения, составила 87,5 %, второго поколения – 12,5 %. Гибриды F1 и беккроссы первого поколения в сторону собаки не выявлены [2-А; 6-А; 10-А].

6. Анализ территориального распределения волчье-собачьих гибридов не выявил какой-либо географической обусловленности либо концентрации гибридных особей в конкретных регионах страны [2-А; 10-А].

7. Эффективность предложенной оригинальной методики выделения ДНК из костных останков волков достоверно подтверждена успешным секвенированием целевых маркеров митохондриального генома и результатами их сравнительного анализа с другими нуклеотидными последовательностями [4-А; 8-А; 11-А].

Рекомендации по практическому использованию результатов

Результаты генетического анализа могут быть интегрированы в План управления популяцией волка, а также учитываться в планах по контролю численности бродячих собак.

Разработка «Методические рекомендации по осуществлению генетического контроля популяции волка в Беларуси» внедрена в НИР и учебный процесс лаборатории молекулярной зоологии ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам» и применяется в деятельности филиала кафедры зоологии биологического факультета БГУ при ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам» (акт от 23.03.2023 г.). Данная разработка также внедрена в образовательный процесс кафедры общей экологии и методики преподавания биологии биологического факультета Белорусского государственного университета (БГУ) и используется при преподавании учебной дисциплины «Экологические основы использования природных ресурсов» для студентов специальности 6-05-0521-01 Экология (акт №2.4/316 от 16.10.2025 г.).

Разработка «Методические рекомендации по комплексной оценке генетического статуса популяций рыб и млекопитающих» внедрена в

образовательный процесс кафедры генетики биологического факультета БГУ и используется при преподавании учебной дисциплины «Современные аспекты генетического анализа» для студентов специальности 1-31 01 01-03 Биология (биотехнология) (акт №2.4/378 от 14.11.2025 г.).

Внедренные разработки способствуют формированию знаний у студентов по использованию основных методик молекулярно-генетических исследований для оценки генетического разнообразия и структуры различных таксонов фауны Беларуси на примере актуальных данных.

Расшифрованные нуклеотидные последовательности выявленных гаплотипов у волков из Беларуси были депонированы в международную базу данных NCBI Genbank (идентификаторы: PX146877-PX146885).

СПИСОК ПУБЛИКАЦИЙ СОИСКАТЕЛЯ УЧЕНОЙ СТЕПЕНИ

Список публикаций по теме диссертации, ***входящих*** *в перечень научных изданий Республики Беларусь, утвержденный ВАК, и в зарубежных научных изданиях*

1-А. Genetic diversity of mtDNA in the grey wolf population of Belarus threatened by wolf–dog admixture. / **V. Molchan,** K. Homel, A. Valnisty, M. Nikiforov, E. Kheidorova // Theriologia Ukrainica. – 2023. – Vol. 2023, № 25. – P. 87-99.

2-А. **Молчан, В. О.** Гибриды волка и собаки в Беларуси: идентификация и оценка частоты встречаемости / В. О. Молчан, К. В. Гомель, М. Е. Никифоров // Весці Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя біялагічных навук. – 2025. – Т. 70, № 2. – С. 125-134.

3-А. **Молчан, В. О.** Генетическое разнообразие и структурированность популяции волка (*Canis lupus* Linnaeus, 1758) в Беларуси / В. О. Молчан, К. В. Гомель, М. Е. Никифоров // Молекулярная и прикладная генетика: сб. науч. тр. / Ин-т генетики и цитологии НАН Беларуси; редкол.: А. В. Кильчевский (гл. ред.) [и др.]. – Минск, 2025. – Т. 38. – С. 36-49.

4-А. Опыт выделения ДНК из ископаемых останков млекопитающих / О. Э. Соловей, Е. Э. Хейдорова, К. В. Гомель, **В. О**. **Молчан**, А. В. Шпак, С. В. Пантелеев, Р. А. Ясюченя, О. Ю. Баранов, М. Е. Никифоров // Вестник БарГУ Серия «Биологические науки. Сельскохозяйственные науки». – Барановичи: Учреждение образования «Барановичский государственный университет», 2025. – №2 (18). – С.47-60.

Материалы конференций:

5-А. **Молчан, В. О.** Регистрация возможных гибридов между волком *(Canis lupus lupus*) и собакой (*Canis lupus familiaris*) на территории Беларуси / В. О. Молчан // Молодежь в науке – 2021: тез. докл. XVIII Междунар.науч.конф. молодых ученых (Минск, 27–30 сентября 2021 г.). В 2ч. Ч. 1. Аграрные, биологические, гуманитарные науки и искусства / Нац. акад. наук Беларуси, Совет молодых ученых; редкол.: В. Г. Гусаков (гл. ред.) [и др.]. – Минск: Беларуская навука, 2021. – С. 256-258.

6-А. Методические подходы по выявлению волчье-собачьих гибридов на основе микросателлитных маркеров / К. В. Гомель, **В. О. Молчан**, М. Е. Никифоров, Е. Э. Хейдорова // Актуальные проблемы охраны животного мира в Беларуси и сопредельных регионах : материалы II Международной научно-практической конференции, г. Минск, Беларусь, 11-14 октября 2022 г. / ред. колл.: А.В. Кулак [и др.]. – Мн.: А. Н. Вараксин, 2022. – С. 112-117.

7-А. **Молчан, В. О.** Новые данные по генетическому разнообразию популяции волка в Беларуси на основании полиморфизма контрольного региона мтДНК / В. О. Молчан, К. В. Гомель, М. Е. Никифоров // Зоологические чтения: сб. науч. ст., посвящ. 125-лет. д-ра биол. наук, Ивана Николаевича Сержанина / ГрГУ им. Янки Купалы; редкол.: О. В. Янчуревич (гл. ред.), А. В. Рыжая. – Гродно: ГрГУ, 2023. – С. 193-195.

8-А. Перспективы использования неинвазивных методов получения генетического материала для молекулярных исследований биоразнообразия животных: сборник трудов конференции. / А. А. Волнистый, А. А. Семенова, **В. О. Молчан** [и др.] // Актуальные проблемы биоразнообразия: материалы II Всерос. науч.-практич. конф. с международным участием (Ульяновск, 27 март 2024 г.) / редкол.: Н. А. Ленгесова [и др.] – Чебоксары: ИД «Среда», 2024. – С. 107-111.

9-А. **Молчан, В. О.** Новые данные по генетической структуре и разнообразию популяции волка в Беларуси / В. О. Молчан**,** К. В. Гомель, М. Е. Никифоров // Международная научно-практическая конференция «Териофауна Беларуси и сопредельных регионов», посвящ. 90-лет. проф. П.Г. Козло. 24-26 сентября 2024г. – С. 198-203.

10-А. **Молчан, В. О.** Первичные данные по установлению волчье-собачьих гибридов в Беларуси / В. О. Молчан**,** К. В. Гомель // Молодежь в науке – 2024: тез.докл. XXI Междунар.науч.конф. молодых ученых (Минск, 29–31 октября 2024 г.). В двух частях. Ч. 1. Аграрные, биологические, гуманитарные науки и искусства / Нац. акад. наук Беларуси, Совет молодых ученых; рекол.: В. Г. Гусаков (гл. ред.) [и др.]. – Минск: Беларуская навука, 2024. – С. 370-373.

11-А. Сравнительный анализ неинвазивных образцов в качестве источника ДНК для молекулярно-генетических исследований дикой фауны / О. А. Евсей, **В. О. Молчан,** А. А. Семёнова, А. А. Волнистый // Молодежь в науке – 2024: тез.докл. XXI Междунар.науч.конф. молодых ученых (Минск, 29–31 октября 2024 г.). В двух частях. Ч. 1. Аграрные, биологические, гуманитарные науки и искусства / Нац. акад. наук Беларуси, Совет молодых ученых; рекол.: В. Г. Гусаков (гл. ред.) [и др.]. – Минск: Беларуская навука, 2024. – С. 278-280.

12-А. Применение генетический маркеров для определения пола у диких млекопитающих Беларуси / Р. А. Ясюченя, О. Э. Соловей, **В. О. Молчан**, А. А. Волнистый // Молодежь в науке – 2025: тез.докл. XXII Междунар.науч.конф. молодых ученых (Минск, 16–18 сентября 2025 г.). В четырех частях. Ч. 2. Биологические и медицинские науки / Нац. акад. наук

Беларуси, Совет молодых ученых; рекол.: В. Л. Гурский (гл. ред.) [и др.]. – Минск: Беларуская навука, 2025. – С. 215-217.

13-А. Оценка генетического статуса модельных популяций рыб и млекопитающих, обитающих в зоне отчуждения ЧАЭС и на сопредельных территориях / А. А. Семёнова, Е. Э. Хейдорова, И. С. Юрченко, П. Ю. Лобановская, **В. О. Молчан**, А. В. Шпак, М. Е. Никифоров // Радиобиология и экологическая безопасность – 2025 : сб. науч. статей по материалам междунар. науч. конференции (Гомель, 29–30 мая 2025 г.) / Ин-т радиобиологии НАН Беларуси. – Минск: ИВЦ Минфина, 2025. – С. 247-253.

РЕЗЮМЕ

Молчан Владислав Олегович

«ПРОИСХОЖДЕНИЕ И СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ ВОЛКА (*CANIS LUPUS*), ВСТРЕЧАЕМОСТЬ И РАСПРОСТРАНЕНИЕ ВОЛЧЬЕ-СОБАЧЬИХ ГИБРИДОВ В БЕЛАРУСИ»

Ключевые слова: волк, бродячие собаки, генетическая структура, филогеография, гибридизация.

Цель исследования: оценить популяционно-генетические параметры волка и уровень его гибридизации с бродячими собаками в Беларуси в условиях высокого антропогенного пресса с учетом многолетней флуктуации численности вида и интенсивности охотничьего изъятия.

Методы исследования: популяционный анализ, филогенетический анализ, микросателлитный анализ ДНК, анализ нуклеотидных последовательностей участка митохондриальной ДНК, байесовский анализ популяционной структурированности и индивидуальной принадлежности.

Полученные результаты и их новизна: впервые для белорусской популяции волка на репрезентативном материале реализован многоуровневый молекулярно-генетический подход, сочетающий анализ контрольного региона *D-loop* мтДНК и ядерных STR-локусов, что позволило охарактеризовать происхождение, генетическое разнообразие и структуру популяции. На этой основе впервые выполнен сопряженный анализ генетической структуры и многолетней динамики численности популяции волка; проведена филогеографическая оценка популяции с детализацией ее генетических связей с евразийскими группировками, региональной специфики гаплотипической структуры, а также характера и направленности миграционных потоков, определяющих место белорусской группировки в общей картине пространственного распределения генетического разнообразия волка в Евразии. Кроме того, впервые в Беларуси при интеграции морфологического и молекулярно-генетического подходов оценены уровень и интенсивность гибридизации волка с бродячими собаками, а также характер территориального распределения волчье-собачьих гибридов.

Рекомендации по использованию: результаты исследования внедрены в научно-исследовательскую работу и образовательный процесс, могут быть интегрированы в План управления популяцией волка, а также учитываться в планах по контролю численности бродячих собак.

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

РЭЗЮМЭ

Молчан Уладзіслаў Алегавіч

«ПАХОДЖАННЕ І СТРУКТУРА ПАПУЛЯЦЫІ ВАЎКА (*CANIS LUPUS*), СУСТРАКАЕМАСЦЬ І РАСПАЎСЮДЖВАННЕ ВОЎЧА-САБАЧЫХ ГІБРЫДАЎ У БЕЛАРУСІ»

Ключавыя словы: воўк, бадзячыя сабакі, генетычная структура, філагеаграфія, гібрыдызацыя.

Мэта даследавання: ацаніць папуляцыйна-генетычныя параметры волка і ўзровень яго гібрыдызацыі з бадзячымі сабакамі ў Беларусі ва ўмовах высокага антрапагеннага прэса з аўтамабільнымі шматгадовымі флуктуацыямі колькасці відаў і інтэнсіўнасці ахотнічага ізятыя.

Метады даследавання: папуляцыйны аналіз, філагенетычны аналіз, мікрасатэлітны аналіз ДНК, аналіз нуклеатыдных паслядоўнасцяў участку мітахандрыяльнай ДНК, байесаўскі аналіз папуляцыйнай структураванасці і індывідуальнай прыналежнасці.

Атрыманыя вынікі і іх навізна: упершыню для беларускай папуляцыі ваўка на рэпрэзентатыўным матэрыяле рэалізаваны шматузроўневы малекулярна-генетычны падыход, які спалучае аналіз кантрольнага рэгіёна *D-loop* мтДНК і ядзерных STR-локусаў, што дазволіла ахарактарызаваць паходжанне, генетычную разнастайнасць і структуру папуляцыі. На гэтай аснове ўпершыню выкананы спалучаны аналіз генетычнай структуры і шматгадовай дынамікі колькасці папуляцыі ваўка; праведзена філагеаграфічная ацэнка папуляцыі з дэталізацыяй яе генетычных сувязей з еўразійскімі групоўкамі, рэгіянальнай спецыфікі гаплатыпічнай структуры, а таксама характару і накіраванасці міграцыйных патокаў, якія вызначаюць месца беларускай групоўкі ў агульнай карціне прасторавага размеркавання генетычнай разнастайнасці ваўка ў Еўразіі. Акрамя таго, упершыню ў Беларусі пры інтэграцыі марфалагічнага і малекулярна-генетычнага падыходаў ацэнены ўзровень і інтэнсіўнасць гібрыдызацыі ваўка з бадзячымі сабакамі, а таксама характар тэрытарыяльнага размеркавання воўча-сабачых гібрыдаў.

Рэкамендацыі па выкарыстанні: вынікі даследавання ўкаранёны ў навукова-даследчую дзейнасць і адукацыйны працэс, могуць быць інтэграваныя ў План кіравання папуляцыяй ваўка, а таксама ўлічвацца ў планах па кантролі колькасці бадзячых сабак.

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

RESUME

Molchan Vladislav Olegovich

«ORIGIN AND POPULATION STRUCTURE OF THE WOLF (*CANIS LUPUS*), OCCURRENCE AND DISTRIBUTION OF WOLF-DOG HYBRIDS IN BELARUS»

Keywords: wolf, stray dogs, genetic structure, phylogeography, hybridization.

Study goals: to estimate the population-genetic parameters of the wolf and the level of its hybridization with stray dogs in Belarus under conditions of high anthropogenic pressure with long-term fluctuations in the number of species and the intensity of hunting.

Methodology: population analysis, phylogenetic analysis, microsatellite analysis DNA, analysis of nucleotide sequences of a region of mitochondrial DNA, Bayesian analysis of population structure and individual belonging.

Results and novelty: for the first time, a multi-level molecular genetic approach was implemented for the Belarusian wolf population using representative material, combining the analysis of the mtDNA *D-loop* control region and nuclear STR loci, which made it possible to characterize the origin, genetic diversity, and structure of the population. On this basis, a combined analysis of the genetic structure and long-term dynamics of the wolf population was carried out for the first time; A phylogeographic assessment of the population was carried out, detailing its genetic links with Eurasian groups, the regional specifics of the haplotype structure, as well as the nature and direction of migration flows that determine the place of the Belarusian group in the overall picture of the spatial distribution of wolf genetic diversity in Eurasia. Furthermore, for the first time in Belarus, by integrating morphological and molecular-genetic methods, the level and intensity of hybridization between wolves and free-ranging dogs in Belarus—as well as the territorial distribution of wolf-dog hybrids.

Recommendations for application of the study results: the results of the study have been implemented into scientific research activities and the educational process, can be integrated into the Wolf Population Management Plan, and also taken into account in plants for controlling the number of stray dogs.

Scope of application: zoology, ecology, theriology, genetics, hunting farm, forestry.



Подписано в печать 04.11.2026 Формат 60x84$_{1/16}$ Бумага офсетная
Печать цифровая Усл.печ.л. 1,4 Уч.изд.л. 1,5 Тираж 60 экз. Заказ 7944
ИООО «Право и экономика» 220072 Минск Сурганова 1, корп. 2 Тел. 8 029 684 18 66
Отпечатано на издательской системе Gestetner в ИООО «Право и экономика»
Свидетельство о государственной регистрации издателя,
изготовителя, распространителя печатных изданий, выданное
Министерством информации Республики Беларусь 17 февраля 2014 г.
в качестве издателя печатных изданий за № 1/185