



УДК 575.22; 502.4

## СОСТОЯНИЕ ГЕНОФОНДОВ И ОЦЕНКА ЭФФЕКТИВНОЙ ЧИСЛЕННОСТИ ПОПУЛЯЦИЙ ИНДИКАТОРНЫХ ВИДОВ МЫШЕВИДНЫХ ГРЫЗУНОВ В УСЛОВИЯХ ВЛИЯНИЯ ГОРНОРУДНЫХ ПРЕДПРИЯТИЙ

**Э.А. Снегин<sup>1</sup>, Е.А. Шаповалова<sup>1</sup>,  
В.А. Полюнов<sup>2</sup>, А.С. Шаповалов<sup>3</sup>**

<sup>1</sup> Белгородский государственный национальный исследовательский университет, Россия, 308015, г. Белгород, ул. Победы, 85

<sup>2</sup> Восточно-Сибирская государственная академия образования, Россия, 664011, г. Иркутск, ул. Нижняя Набережная, 6

<sup>3</sup> ГПЗ «Белогорье», Россия, 309342, Белгородская область, пос. Борисовка, пер. Монастырский, д. 3

E-mail: [snegin@bsu.edu.ru](mailto:snegin@bsu.edu.ru);  
[poly67@mail.ru](mailto:poly67@mail.ru)

На основе демографических данных и анализа генетической структуры была оценена степень жизнеспособности популяций желтогорлой мыши (*Apodemus flavicollis*) и рыжей полевки (*Clethrionomys glareolus*), обитающих в условиях влияния горно-обогатительных комбинатов на юге Среднерусской возвышенности. В ходе работы отмечен высокий уровень генетической изменчивости популяций и выявлена значительная их эффективная численность, что позволяет предположить, что данные виды активно адаптируются к обитанию в условиях антропогенно-измененного ландшафта. Тем не менее, отсутствие эффекта изоляции расстоянием, вызванное процессами инсуляризации и стабилизирующим отбором, может привести к постепенной потере аллельного разнообразия популяций, что на фоне продолжающегося загрязнения территорий, примыкающих к промышленной зоне, приведет к их вымиранию.

Ключевые слова: мышевидные грызуны, жизнеспособность популяций, горно-обогатительные комбинаты.

### Введение

Известно, что анализ жизнеспособности природных популяций в условиях антропогенного прессинга является одним из приоритетных направлений природоохранной деятельности. Ключевым моментом такого анализа является оценка состояния генофондов и вычисление эффективного размера изучаемых популяций, что позволяет понять особенности микроэволюционных процессов, происходящих в этих группах и оценить шансы на дальнейшее выживание.

Кроме того, в таком мониторинге весьма важным является интегральная оценка качества среды, которая выступает на первый план не только для определения благоприятности определенного воздействия для живой природы, но и для здоровья человека. Однако, при очевидной связи здоровья человека и качества среды определение степени влияния экологических факторов на состояние здоровья человека сопряжено со сложностями оценки. Поэтому такой контроль удобнее всего проводить на фоновых видах животных, которые реагируют на различные нарушения среды изменением генетической структуры своих популяций, что приводит к дрейфу генов, нарушению онтогенеза и появлению различных аномальных форм.

Одним из наиболее удобных объектов биомониторинга являются мышевидные грызуны, которые являются наиболее многочисленной и разнообразной группой наземных животных. Эти животные характеризуются сравнительно коротким жизненным циклом, высоким уровнем обмена веществ, а также несовершенством терморегуляции и большой чувствительностью к внешним условиям [1]. Кроме того, мелкие мышевидные грызуны имеют важное значение в наземных биоценозах, которое определяется воздействием этих животных, как на рельеф, почвообразовательные процессы, растительность, так и участием в трофических цепях [2]. В этой связи популяции мелких млекопитающих давно исследуются в биоиндикационных целях. При этом анализируются данные по демографии, флуктуирующей асимметрии черепа и генетической структуре. В последнем случае в качестве маркеров используются хромосомные перестройки, изоферменты и фрагменты ДНК [3–8].

Наши исследования проводились в районе влияния горнорудных производств КМА (Курской магнитной аномалии), в результате деятельности которых при открытом способе добыче железной руды возник техногенный ландшафт, включающий карьеры, отстойники, отвалы и шламохранилища. При этом минеральная пыль, образующаяся при добыче железной руды и выбросы из цехов горячего брикетирования железа, негативно влияют на окружающие экосистемы, включая участок «Ямская степь» государственного природного заповедника «Белогорье», который расположен в непосредственной близости от промышленной зоны.

Цель работы: с использованием *ISSR*-маркеров ДНК и демографических данных оценить состояние генофондов и вычислить эффективную численность популяций фоновых видов



мышевидных грызунов, обитающих в условиях влияния горнорудных производств на юге Среднерусской возвышенности.

### Материал и методика

Объектами исследования были популяции индикаторных видов грызунов: мышь желтогорлая (*Apodemus flavicollis*) и полевка рыжая (*Clethrionomys glareolus*).

Сбор материала осуществлялся в весенне-летний и летне-осенний период в 2010 и в 2011 годах в тринадцати пунктах (табл. 1, рис. 1), двенадцать из которых находились в зонах влияния Стойленского и Лебединского горно-обогатительных комбинатов (СГОК и ЛГОК), охватывающих Губкинский, Старооскольский и Чернянский районы Белгородской области. Еще один пункт (№13) был взят в качестве контроля.

Таблица 1

Пункты сбора индикаторных видов грызунов (*Apodemus flavicollis* и *Clethrionomys glareolus*) в 2010–2011 гг.

№	Наименование пункта	Описание пункта	Координаты
1	«Балка Суры»	Заповедный участок «Ямская степь» (Губкинский р-н). Растительность представлена лугово-степным разнотравием.	51°11'59,08" с. ш. 37°38'32,40" в. д.
2	«Котеневские Верхи»	Заповедный участок «Ямская степь» (Губкинский р-н). Бассейн реки Дубенка. Растительность представлена лугово-степным разнотравием.	51°11'23,80" с. ш. 37°38'46,40" в. д.
3	«Должик»	Урочище Должик, вблизи села Дубровка (Губкинский р-н). Долина реки Дубенка. Степная растительность.	51°9'8,59" с. ш. 37°33'15,98" в. д.
4	«Мелавое»	Окрестности с. Мелавое (Губкинский р-н). Долина р. Орлик. Байрачная дубрава.	51°6'42,64" с. ш. 37°26'37,20" в. д.
5	«Мелавое-2»	Окрестности с. Мелавое (Губкинский р-н). Долина р. Орлик. Степная растительность.	51°8'53,38" с. ш. 37°22'30,40" в. д.
6	«Дальняя Ливенка»	Окрестности с. Дальняя Ливенка (Губкинский р-н). Долина р. Орлик. Опушка байрачной дубравы. Растительность представлена лугово-степным разнотравием.	51°4'57,06" с. ш. 37°31'17,58" в. д.
7	«Старое Хмелевое»	Окрестности с. Старохмелевое (Чернянский р-н). Долина р. Орлик. Растительность представлена лугово-степным разнотравием.	51°3'1,63" с. ш. 37°39'14,74" в. д.
8	«Коньшино»	Окрестности с. Коньшино (Губкинский р-н). Долина р. Ольшанка. Байрачная дубрава.	51°2'11,77" с. ш. 37°24'34,84" в. д.
9	«Сенной Лес»	Окрестности с. Сергиевка (Губкинский р-н). Долина р. Осколец. Опушка дубравы. Степная растительность.	51°12'28,66" с. ш. 37°30'30,34" в. д.
10	«Плотава»	Окрестности с. Красноплотава (Губкинский р-н). Долина р. Ольшанка. Опушка байрачной дубравы. Типичные виды степных и лесных растений.	51°4'23,26" с. ш. 37°25'27,37" в. д.
11	«Сапрыкино»	Окрестности с. Сапрыкино (Губкинский р-н). Долина реки Дубенка. Опушка дубравы. Степная растительность.	51°7'19,29" с. ш. 37°39'51,40" в. д.
12	«Кочегуры»	Окрестности с. Кочегуры (Чернянский р-н). Долина р. Ольшанка. Растительность лугово-степная.	51°4'23,26" с. ш. 37°25'27,37" в. д.
13	«Лес на Ворскле»	Заповедный участок «Лес на Ворскле». Окрестности пос. Борисовка. Долина р. Ворскла. Луговая растительность.	50°36'31,04" с. ш. 35°59'40,68" в. д.

Отлов грызунов проводится с помощью давилок с приманкой. В качестве приманки в давилках использовался хлеб, разрезанный на квадратики, примерно по 1–1,5 см<sup>2</sup>. Кусочки обжаривались в подсолнечном нерафинированном масле, для увеличения твердости хлеба, и придания ему запаха, который и приманивает к себе зверьков. Давилки выставлялись в линии по 200, 100, 50 штук, через 5 м друг от друга, на 1–2 суток [9]. У пойманных зверьков для видовой идентификации измеряли длину тела, длину хвоста, длину стопы и снимали промеры черепа. Также определяли пол и степень половозрелости. Таким способом было исследовано 547 особей желтогорлой мыши и 521 особь рыжей полевки.

У части собранных особей для генетического анализа вырезали фрагмент хвоста и помещали в 70%-ный спирт в пробирку типа Эппендорф. Анализ ДНК был проведен у 145 особей *A. flavicollis* и у 149 особей *C. glareolus*.

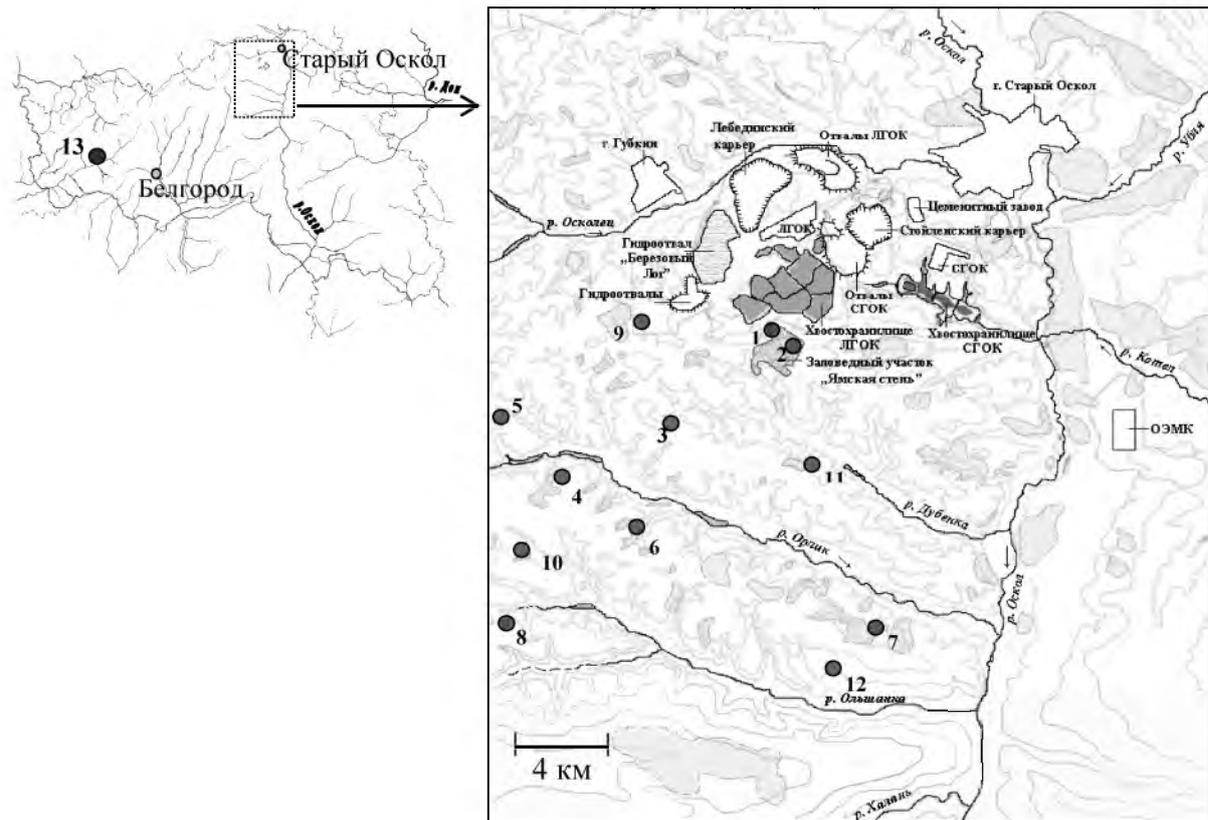


Рис. 1. Пункты сбора индикаторных видов грызунов (*Apodemus flavicollis* и *Clethrionomys glareolus*) в 2010–2011 гг.

Генетическую структуру популяций изучали с помощью полимеразной цепной реакции – метод *ISSR* (*Inter simple sequence repeats*) [10]. Для анализа использовали праймер *UBC 827* (5'-(AC)<sub>8</sub>G-3'). Амплификацию осуществляли в термоциклерах MJ Mini и MyCycler (*Bio-Rad, USA*). Реакцию проводили в 25 мкл смеси, содержащей 20 нг геномной ДНК, ПЦР-буфер (67 мМ трис-НСl (pH 8,8), 16 мМ (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, 5 мМ β-меркаптоэтанол, 7 мМ ЭДТА, 3 мМ MgCl<sub>2</sub>), 0.25 мМ dNTP, 0.5 мкМ праймера, 1 единица Taq ДНК полимеразы (ингибированной для горячего старта). Реакция проходила в следующих условиях: «горячий старт» – 2 мин/94°C, 40 циклов (денатурация – 30 с/94°C, отжиг праймера – 30 с/55°C, синтез – 2 мин/72°C), дополнительный синтез – 10 мин/72°C, охлаждение до 4°C. Продукты ПЦР разделяли с помощью электрофореза в 2%-ном агарозном геле с использованием TAE буфера (охлажденного до +4°C), 100 В – 45 мин. Блоки окрашивали бромистым этидием.

По электрофореграммам амплифицированных фрагментов составляли бинарные матрицы, где присутствие полосы обозначалось как «1» (аллель *p*), отсутствие «0» (аллель *q*).

У желтогорлой мыши в диапазоне от 3 тыс. п. о. до 200 п.о. нами обнаружено 8 локусов, а у рыжей полевки – 7 локусов.

Обработка полученных данных проводилась с использованием программы GenAlEx [11], POPGENE 32 [12], MEGA5 [13], Statistica 6.0.

### Результаты и обсуждение

В таблицах 2 и 3 приведены частоты аллелей и оценки уровня генетической изменчивости в популяциях исследуемых видов. Согласно полученным данным наибольший уровень ожидаемой гетерозиготности отмечен в популяциях желтогорлой мыши из пунктов «Мелавое» и «Дальняя Ливенка», а наиболее мономорфной оказалась группа «Сапрыкино». В популяциях рыжей полевки из одиннадцати популяций в шести отмечен сходный высокий уровень ожидаемой гетерозиготности ( $He > 0.3$ ), а пониженный уровень изменчивости выявлен в пункте «Балка Суры». Средние значения частот аллелей, ожидаемой гетерозиготности, индекса Шеннона и процента полиморфных локусов оказался сходным у обоих видов.



Таблица 2

Частоты аллелей и уровень генетической изменчивости в популяциях *Apodemus flavicollis*

Пункт	N	Частота аллелей		He	I <sub>sh</sub>	P%
		p	q			
1. «Балка Суры»	10	0.145	0.855	0.235	0.388	100.0
2. «Котеневские Верхи»	4	0.652	0.348	0.195	0.287	50.0
3. «Должик»	18	0.175	0.825	0.276	0.441	100.0
4. «Мелавое»	23	0.354	0.646	0.401	0.580	100.0
5. «Мелавое-2»	9	0.238	0.762	0.302	0.440	75.0
6. «Дальняя Ливенка»	18	0.427	0.573	0.423	0.612	100.0
7. «Старое Хмелевое»	15	0.253	0.747	0.360	0.540	100.0
9. «Сенной Лес»	20	0.185	0.815	0.280	0.439	100.0
10. «Плотава»	18	0.138	0.862	0.224	0.352	87.5
11. «Сапрыкино»	6	0.067	0.993	0.117	0.207	62.5
13. «Лес на Ворскле»	4	0.616	0.384	0.268	0.385	62.5
Среднее		0.295±0.059	0.710±0.061	0.280±0.027	0.425±0.037	85.2±5.8

Примечание: N – количество проанализированных особей, He – ожидаемая гетерозиготность, P% – процент полиморфных локусов, I<sub>sh</sub> - индекс Шеннона.

Таблица 3

Частоты аллелей и уровень генетической изменчивости в популяциях *Clethrionomys glareolus*

Пункт	N	Частота аллелей		He	I <sub>sh</sub>	P%
		p	q			
1. «Балка Суры»	6	0.064	0.936	0.111	0.195	57.1
2. «Котеневские Верхи»	10	0.277	0.723	0.360	0.540	100.0
3. «Должик»	26	0.336	0.664	0.383	0.556	100.0
4. «Мелавое»	14	0.322	0.668	0.337	0.486	85.7
5. «Мелавое-2»	7	0.306	0.694	0.326	0.484	85.7
6. «Дальняя Ливенка»	17	0.179	0.821	0.264	0.410	85.7
7. «Старое Хмелевое»	25	0.103	0.897	0.159	0.261	71.4
8. «Коньшино»	14	0.276	0.724	0.347	0.520	100
9. «Сенной Лес»	16	0.291	0.709	0.346	0.523	100
10. «Плотава»	8	0.253	0.747	0.279	0.394	85.7
12. «Кочегуры»	6	0.105	0.895	0.171	0.272	57.1
Среднее		0.228±0.030	0.771±0.030	0.280±0.028	0.422±0.038	84.4±4.9

Примечание: обозначения те же, что и в таблице 2.

Графические полигоны исследуемых популяций, построенные на основе частот q-аллелей, приведены на рисунке 2. Построенные диаграммы свидетельствуют в пользу повышенной оригинальности некоторых исследуемых популяций по частотам аллелей ДНК. Среди популяций *A. flavicollis* наиболее оригинальными оказались группы из пунктов «Котеневские Верхи» и «Лес на Ворскле», а среди популяций *C. glareolus* – «Должик», «Мелавое» и «Коньшино». Тем не менее, диаграммы популяций рыжей полевки оказались более сходными друг с другом.

Степень оригинальности генетической структуры популяций у двух видов была также оценена с помощью интегральных показателей, демонстрирующих уровень дифференциации популяций. Для решения этой задачи нами были применены две модели.

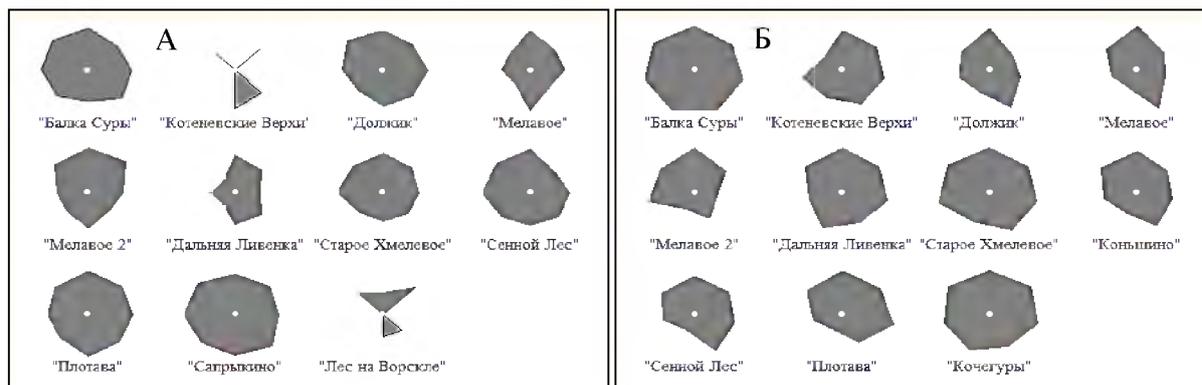


Рис. 2. Полигоны Дебеца, построенные по совокупности частот *q*-аллеля локусов ДНК в популяциях *Apodemus flavicollis* (А) и *Clethrionomys glareolus* (Б)

Оценка степени дифференциации популяций желтогорлой мыши на основе модели, предложенной М. Неем [14] показала довольно большую разобщенность изучаемых групп этого вида в районе исследования ( $G_{st}=0.296$ , табл. 4). Тем не менее, средний поток генов между популяциями оказался больше единицы ( $Nm=1.191$ ). Согласно «теории эволюции со смещающимся равновесием» [15], для поддержания панмиксии в метапопуляции требуется поток генов 1–2 особи за поколение. Популяции рыжей полевки, согласно этой модели, оказались разобщенными в меньшей степени ( $G_{st}=0.126$ ;  $Nm=3.414$ ; табл.4).

Таблица 4

**Показатели генетической дифференциации популяции *Apodemus flavicollis* и *Clethrionomys glareolus* (по Nei, 1975)**

Вид	Локус	$H_t$	$H_s$	$G_{st}$	$Nm$
<i>Apodemus flavicollis</i>	1	0.309	0.143	0.536	0.432
	2	0.320	0.297	0.071	6.529
	3	0.481	0.299	0.378	0.824
	4	0.395	0.349	0.116	3.823
	5	0.346	0.313	0.096	4.700
	6	0.497	0.317	0.362	0.880
	7	0.471	0.249	0.470	0.564
	8	0.353	0.265	0.248	1.520
	Среднее	0.396±0.006	0.279±0.004	0.296	1.191
<i>Clethrionomys glareolus</i>	1	0.066	0.061	0.071	6.577
	2	0.288	0.255	0.115	3.855
	3	0.441	0.393	0.109	4.069
	4	0.252	0.230	0.088	5.206
	5	0.491	0.412	0.160	2.621
	6	0.436	0.385	0.117	3.770
	7	0.276	0.227	0.180	2.279
	Среднее	0.322±0.022	0.280±0.016	0.128	3.414

Примечание:  $G_{st}$  – доля межпопуляционного генного разнообразия в общем разнообразии,  $H_t$  – ожидаемая доля гетерозиготных генотипов во всей популяции  $\overline{H_s}$  – среднее для всех субпопуляций значение внутривидового разнообразия,  $Nm$  – средний поток генов за поколение.

Известно, что средние величины  $G_{st}$  соответствуют уровню генетической дифференциации при селективно-нейтральном процессе. В таком случае локусы с большими значениями  $G_{st}$  вероятнее всего испытывают действие дизруптивного отбора, а локусы с низкими показателями индекса подразделенности подвержены влиянию стабилизирующего отбора [16]. Согласно полученным данным, наибольшая дифференциация между популяциями желтогорлой



мышь зафиксирована по локусам *UBC 827-1*, 3, 6, 7, а между популяциями рыжей полевки по локусам *UBC 827-5*, 7.

Вторая примененная нами модель, основывалась на анализе молекулярной дисперсии (AMOVA) [17] (табл. 5, 6), который выявил также большее сходство между популяциями рыжей полевки, чем у желтогорлой мыши. У *A. flavicollis* 17% изменчивости пришлось на межпопуляционные различия, при этом индекс дифференциации  $\Phi_{st}=0.165$ , а уровень потока генов  $Nm=1.265$  особей за поколение. У *C. glareolus* на межпопуляционные различия пришлось 14%, а  $\Phi_{st}=0.141$ ,  $Nm=1.523$ .

Таблица 5

Значения молекулярной дисперсии (AMOVA) по ДНК-локусам в популяциях *Apodemus flavicollis*

Источник изменчивости	Число степеней свободы (df)	Сумма квадратов (SS)	Средний квадрат (MS)	Дисперсия (V)	%	$\Phi_{st}$	P	Nm
Между популяциями	10	55.442	5.544	0.309	17	0.165	0.010	1.265
Внутри популяций	134	209.702	1.565	1.565	83			
Итого	144	265.145	7.109	1.874	100			

Таблица 6

Значения молекулярной дисперсии (AMOVA) по ДНК-локусам в популяциях *Clethrionomys glareolus*

Источник изменчивости	Число степеней свободы (df)	Сумма квадратов (SS)	Средний квадрат (MS)	Дисперсия (V)	%	$\Phi_{st}$	P	Nm
Между популяциями	10	38.882	3.888	0.202	14	0.141	0.010	1.523
Внутри популяций	138	169.333	1.227	1.227	86			
Итого	148	208.215	5.115	1.429	100			

Эти данные свидетельствуют о сходных генетических процессах, протекающих в популяциях изучаемых грызунов, связанных единой ландшафтной структурой и находящихся под влиянием сходных антропогенных факторов. Кроме того, результаты говорят в пользу того, что особи рыжей полевки меньше привязаны к своим биотопам и более активно мигрируют, что способствует большому обмену генетической информацией между популяциями этого вида.

Между тем, кластерный анализ (рис. 3) продемонстрировал отсутствие какой-либо географической привязки выделяемых кластеров. То есть относительно большая генетическая дистанция наблюдалась, как между географически близко расположенными группами, так и удаленными.

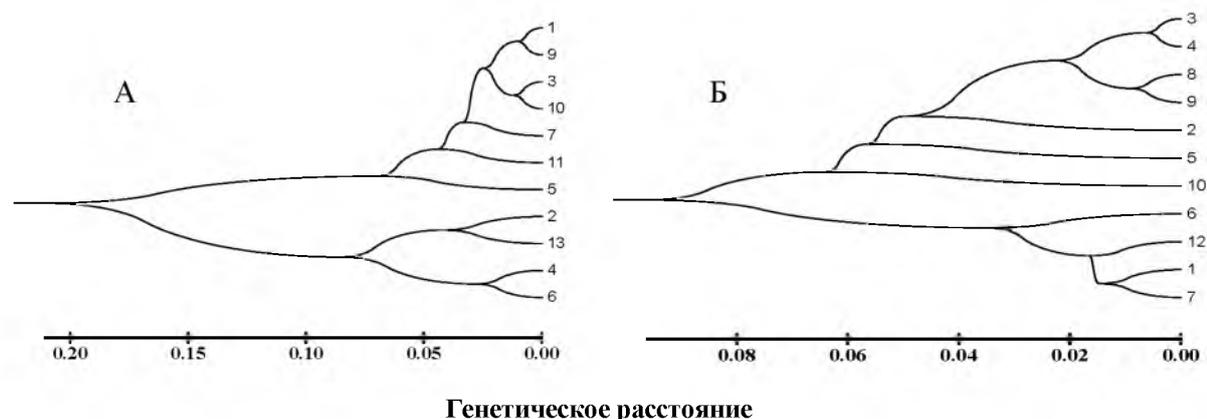


Рис. 3. Дендрограммы генетических расстояний по Нею [18] (UPGMA) между популяциями *Apodemus flavicollis* (А) и *Clethrionomys glareolus* (Б)

Так популяции *A. flavicollis* распадаются на два кластера, в один из которых, наравне с популяциями из зоны ГОК вошла популяция из заповедного участка «Лес на Ворскле» (№13).



Вероятно, группы из пунктов №2, 4, 6 имеют сходный генетический профиль с этой популяцией, обитающей в районе, где отсутствуют крупные промышленные предприятия. Тем не менее, этот вывод требует определенной доли осторожности, так как количество проанализированных особей в пункте №13 невелико.

Кластеризация популяций *C. glareolus* также позволила выявить две дистанцирующиеся друг от друга группы. При этом в один из кластеров вошли три смежные популяции (№6, 7, 12), которые оказались сходными с популяцией из заповедного участка «Ямская степь» (№1), примыкающего к отвалам Лебединского ГОК.

Данные кластерного анализа подтверждаются попарными оценками индекса  $\Phi_{st}$ , которые не коррелируют со значениями географических расстояний между популяциями как у *A. flavicollis* (рис. 4 А;  $R=0.165$ ), так и у *C. glareolus* (рис. 4 Б;  $R=0.240$ ). Это явление, вероятно, вызвано нарушением естественно сложившихся каналов миграции генов между популяциями в антропогенно-измененном ландшафте, когда в ходе вырубки лесов, распашки степных участков, строительства автомагистралей, трубопроводов, карьеров и хвостохранилищ произошло чрезмерное дробление популяционных ареалов, приведшее к повышенной изоляции колоний грызунов.

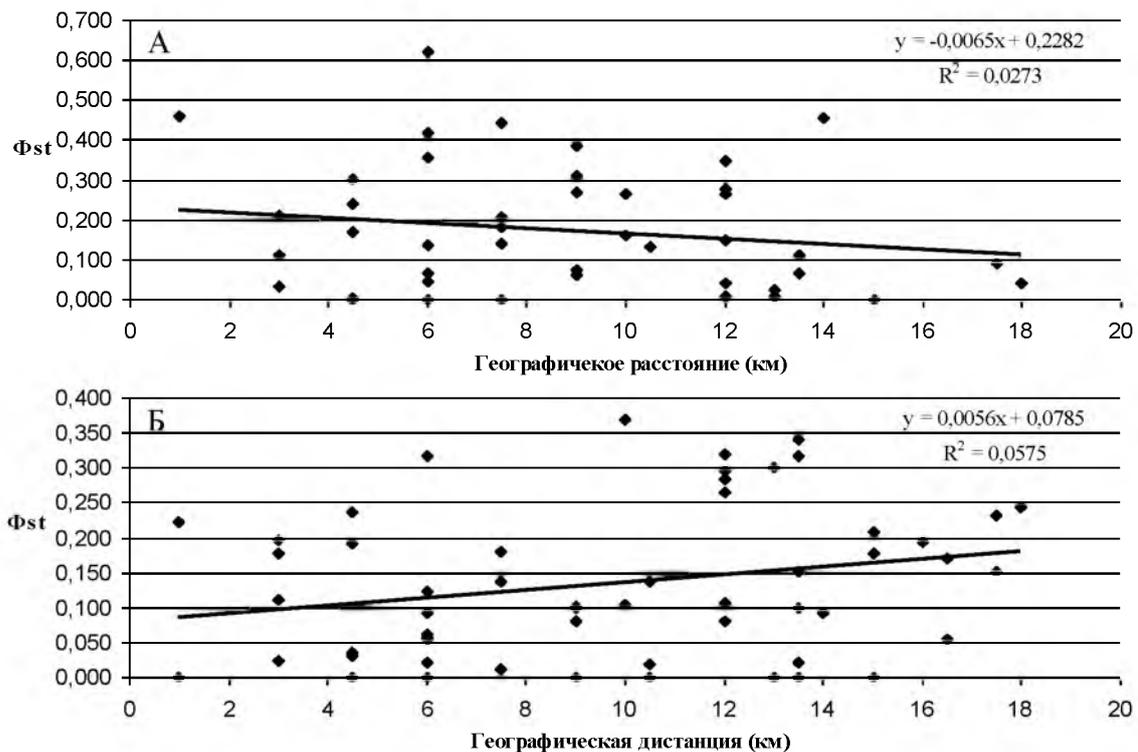


Рис. 4. Значения показателя дифференциации  $\Phi_{st}$  между парами популяций *Apodemus flavicollis* (А) и *Clethrionomys glareolus* (Б) в зависимости от географического расстояния между ними

Кроме того, выявленное нами отсутствие так называемого эффекта изоляции расстоянием может говорить в пользу увеличения роли стабилизирующего (балансирующего) отбора в исследуемых популяциях грызунов [19].

В заключение была проведена оценка эффективной численности популяций ( $N_e$ ), которая в нашем случае была рассчитана на основе соотношения полов [20]:

$$N_e = \frac{4Nm \times Nf}{(Nm + Nf)},$$

где  $N_e$  – эффективная численность;  $Nm$  – количество половозрелых самцов;  $Nf$  – количество половозрелых самок.

Результаты расчетов приведены в таблице 7. Согласно полученным данным в большинстве исследуемых популяций эффективная численность фактически совпадает с общей численностью, а общее отношение этих двух показателей ( $N_e/N$ ) у *A. flavicollis* получилось равным 0.993, а у *C. glareolus* – 0.997. Стоит отметить, что по данным Дж. Кроу и Н. Мортон [21] у



многих организмов доля эффективной численности от репродуктивного размера популяций соответствует приблизительно 0.75, а в разных популяциях человека (как наиболее процветающего вида) это отношение составляет 0.69–0.95. Полученные нами значения, вычисленные для обоих видов, входят в данный диапазон, что говорит, вероятно, о высокой жизнеспособности их популяций.

Таблица 7

**Эффективная численность исследуемых популяций (*Apodemus flavicollis* / *Clethrionomys glareolus*)**

Пункт	Численность половозрелых самцов ( $N_m$ )	Численность половозрелых самок ( $N_f$ )	$N$	$N_e$	$\frac{N_e}{N}$
1	25/13	17/7	42/20	40.5/18.2	0.964/0.910
2	10/14	15/4	25/28	24.0/28.0	0.960/1.000
3	16/31	15/19	31/50	31.0/47.1	0.999/0.942
4	29/19	31/22	60/41	59.9/40.8	0.999/0.995
5	28/13	38/14	66/27	64.5/27.0	0.977/0.999
6	10/13	15/19	25/32	24.0/30.9	0.960/0.965
7	12/34	9/25	21/59	20.6/57.6	0.980/0.977
8	35/17	52/11	87/28	83.7/26.7	0.962/0.954
9	9/18	14/15	23/33	21.9/32.7	0.953/0.922
10	30/23	29/22	59/45	59.0/45.0	1.000/1.000
11	25/12	23/11	48/23	47.9/23.0	0.998/0.999
12	29/34	22/41	51/75	50.0/74.3	0.981/0.991
13	5/33	1/27	6/60	3.3/59.4	0.556/0.990
Общее	263/274	281/247	547/521	540.4/519.6	0.993/0.997

### Заключение

Таким образом, на основе полученных нами демографических и генетических данных можно констатировать, что популяции изучаемых видов мышевидных грызунов находятся в удовлетворительном состоянии. Высокий уровень генетической изменчивости и значительная эффективная численность позволяет предположить, что данные виды активно адаптируются к обитанию в условиях антропогенно-измененного ландшафта, возникшего в районе влияния ГОК. Тем не менее, процессы инсультризации, наблюдаемые на исследуемой территории, приводят к нарушению исторически сложившихся каналов миграции, что ведет к сильной изолированности популяций и к постепенной потере их аллельного разнообразия. При этом продолжающееся загрязнение территорий, примыкающих к ГОК, на фоне снижения оперативного генетического резерва популяций может привести к их вымиранию.

Представленные результаты можно считать отправной точкой для дальнейшего мониторинга этих модельных видов с целью выяснения особенностей эволюционных процессов, происходящих в их популяциях.

### Литература

1. Ивантер Э.В. Популяционная экология мелких млекопитающих таежного Севера-Запада СССР. – Л.: Наука, 1975. – 246 с.
2. Абатуров Б.Д. Биопродуктивный процесс в наземных экосистемах. – М.: Наука, 1979. – 287 с.
3. Васильев А.Г., Васильева И.А., Большаков В.Н. Генетический мониторинг популяций красной полевки (*Clethrionomys rutilus* Pall.) в зоне Восточно-Уральского радиоактивного следа // Экология. – 1996. – №2. – С. 117–124.
4. Атопкин Д.М., Богданов А.С., Челомина Г.Н. Генетическая изменчивость и дифференциация полевой мыши *Apodemus agrarius*: результаты RAPD-PCR анализа // Генетика. – 2007. – Т. 43; №6. – С. 804–817.
5. Хромосомные подходы в изучении видовой разнообразия и внутривидовой структуры грызунов охраняемых территорий Центрального Черноземья. Итоги и перспективы исследования / М.И. Баскевич, Н.М. Окулова, С.Ф. Сапельников, А.А. Власов // Живые объекты в условиях антропогенного пресса: материалы X Международной научно-практической экологической конференции (15–18 сентября 2008 г.) – Белгород: ИПЦ «Политерра», 2008. – С. 19–20.
6. Богданов А.С. Хромосомная дифференциация популяций малой лесной мыши, *Sylviaemus uralensis*, в восточной части ареала вида // Зоологический журнал. – 2001. – Т. 80; №3. – С. 331–342.



7. Богданов А.С. Аллозимная изменчивость малой лесной мыши *Sylvaemus uralensis* (Rodentia, Muridae) и оценка уровня дивергенции хромосом этого вида // Генетика. – 2004. – Т. 40; №8. – С. 1099–1112.
8. Изменчивость фрагмента митохондриального гена первой субъединицы цитохромоксидазы у желтогорлых мышей *Sylvaemus flavicollis* в восточной части ареала вида / А.С. Богданов, В.В. Стахеев, А.Е. Зыков и др. // Молекулярно-генетические подходы в таксономии и экологии: тезисы докладов Всероссийской научно-практической конференции (25–29 марта 2013 г.). – Ростов-на-Дону: ЮНЦ РАН, 2013. – С. 18.
9. Карасаева Е.В., Телицина А.Ю., Жигальский О.А. Методы изучения грызунов в полевых условиях. – М.: Издательство ЛКИ, 2008. – С. 218–223.
10. Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR) – anchored polymerase chain reaction amplification // Genomics. – 1994. – №2. Vol. 20. – Pp. 176–181.
11. Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx V5: Genetic Analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Australian National University. – Canberra, Australia, 2001. – <http://www.anu.edu.au/BoZo/GenAlEx/>.
12. POPGENE 32, Microsoft Window-based Freeware for Population Genetic Analysis, Version 1.32; Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta / F.C. Yeh, R. Yang, T.J. Boyle et al. – Edmonton, Canada, 2000. – [http://www.ualberta.ca/~fyeh/popgene\\_download.html](http://www.ualberta.ca/~fyeh/popgene_download.html).
13. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods / K. Tamura, D. Peterson, N. Peterson et al. // Molecular Biology and Evolution. – 2011. – <http://www.kumarlab.net/publications>.
14. Nei M. Molecular population genetics and evolution. – Amsterdam, 1975. – 278 p.
15. Wright S. Random drift and shifting balance theory of evolution // Mathematical Topics in Population Genetics. – Berlin: Springer Verlag, 1970. – Pp. 1–31.
16. Динамика популяционных генофондов при антропогенных воздействиях / Под ред. Ю. П. Алтухова. – М.: Наука, 2004. – 619 с.
17. Excoffier L., Smouse P.E., Quattro J.M. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data // Genetics. – 1992. – №131. – Pp. 479–491.
18. Nei M. Genetic distance between populations // The American Naturalist. – 1972. – №949. Vol. 106. – Pp. 283–292.
19. Slatkin M. Isolation by distance in equilibrium and non-equilibrium populations // Evolution. – 1993. – №1. Vol. 47. – Pp. 294–279.
20. Wright S. Coefficient of inbreeding and relationship // Amer. Natur. – 1922. – Vol. 56. – Pp. 330–338.
21. Crow J.F., Morton N.E. Measurement of gene frequency drift in small population // Evolution. – 1955. – Vol. 9. – Pp. 202–214.

## THE STATE GENE POOL AND EFFECTIVE SIZE OF POPULATION INDICATOR SPECIES OF RODENTS UNDER THE INFLUENCE OF MINING ENTERPRISES

**E.A. Snegin<sup>1</sup>, E.A. Shapovalova<sup>1</sup>,  
V.A. Polynov<sup>2</sup>, A.S. Shapovalov<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Belgorod State National Research University, Pobeda St., 85, Belgorod, 308015, Russia

<sup>2</sup>East Siberian State Academy of Education, Nizhnay Naberezhnaya St., 6, Irkutsk, 664011, Russia

<sup>3</sup>State Nature Reserve Belgorodie, Monastyrsky alley, 3, Borisovka vill., Belgorod Reg., 309342, Russia

E-mail: [snegin@bsu.edu.ru](mailto:snegin@bsu.edu.ru);  
[poly67@mail.ru](mailto:poly67@mail.ru)

Based on demographic data and analysis of genetic structure the viability of rodents populations *Apodemus flavicollis* and *Clethrionomys glareolus*, living under the influence of mining and processing plants in the south of the Mid-Russian Upland, was assessed. High level of genetic variability of populations and significant effective size were identified during work. This suggests that these species actively adapt to living in conditions of anthropogenic landscape changes. Nevertheless, no effect insulation distance caused by the process insularization and the stabilizing selection can lead to a gradual loss of allelic diversity. This depletion of the gene pool and the contamination the extinction of populations can cause.

Key words: rodents, population viability, processing plants.