

УДК 599.742.73

С. А. Зяцьков¹, Е. В. Меженикова², А. В. Крук³, Г. Г. Гончаренко⁴¹Старший преподаватель кафедры зоологии, физиологии и генетики,
УО «Гомельский государственный университет им. Франциска Скорины»,
г. Гомель, Республика Беларусь²Магистрант кафедры зоологии, физиологии и генетики,
УО «Гомельский государственный университет им. Франциска Скорины»,
г. Гомель, Республика Беларусь³Кандидат биологических наук, доцент, доцент кафедры зоологии, физиологии и генетики,
УО «Гомельский государственный университет им. Франциска Скорины»,
г. Гомель, Республика Беларусь⁴Член-корреспондент НАН Беларуси, доктор биологических наук, профессор, заведующий
кафедрой зоологии, физиологии и генетики,
УО «Гомельский государственный университет им. Франциска Скорины»,
г. Гомель, Республика Беларусь

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА И ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ ПОПУЛЯЦИЙ *FELIS CATUS L.* ВОСТОЧНОЙ ЧАСТИ БЕЛАРУСИ

В работе определена генетическая структура 7 популяций Felis catus восточной части Беларуси. Проведенный на основе коэффициента дистанции Неи анализ генетической дифференциации восточно-белорусских и западноевропейских популяций F. catus показал существенные отличия в генофондах этих популяций.

Ключевые слова: Felis catus, генетическая структура популяций, генетическая дифференциация.

Введение

Частоты встречаемости мутантных аллелей, определяющих генетическую структуру популяций – это устойчивый показатель, позволяющий решать множество популяционно-генетических задач. В больших популяциях при отсутствии отбора и селективной миграции этот показатель может сохраняться без изменения в десятках и сотнях поколений [1, 166].

В настоящее время аллельные частоты по генам окраса меха домашних кошек описаны практически для всех развитых стран [2, 214–220], [3, 326], [4, 195–210], [5, 24–30], [6, 92], [7, 223–228], [8, 25–30], [9, 139–142], [10, 235–241], [11, 209–214], [12, 227–242], [13, 557–565]. Помимо этого, имеется ряд работ, посвященных анализу генетической структуры кошек в отдельных городах Восточноевропейских государств (Россия, Беларусь) [14, 169–174], [15, 1151–1158], [16, 2200–2206], [17, 1079–1083], [18, 827–830], [19, 516–523]. Однако практически неисследованной остается восточная часть Беларуси и в особенности города, расположенные в бассейне р. Днепр.

Целью данной работы было установить генетическую структуру и оценить уровень дифференциации популяций *F. catus* на территории восточной Беларуси.

Методы исследования

Материал для популяционно-генетического анализа был собран в 7 белорусских городах (Могилёв, Шклов, Чаусы, Славгород, Костюковичи, Кричев, Горки). Для сравнительного анализа генетической дифференциации были использованы данные по западноевропейским городам [2, 214–220], [20, 373–377], [21, 37], [6, 92], [7, 223–228], [22, 197–200].

Основным методом исследования было визуальное типирование характера и окраски шерстного покрова животных, встреченных на улицах, во дворах домов, в парках, скверах и т.п. Для каждой кошки был составлен индивидуальный генетический портрет. В ряде случаев для уточнения генотипов применялся метод семейного (генеалогического) анализа.

В каждой популяции домашних кошек были исследованы частоты мутантных аллелей сцепленного с полом локуса *Orange* – доминантный аллель *O*, а также 6 аутосомных локусов (*Agouti* – рецессивный аллель *a*, *Dilute* – рецессивный аллель *d*, *Long hair* – рецессивный аллель *l*, *Piebald spotting* – доминантный аллель *S*, *White* – доминантный аллель *W*, *Tabby* – рецессивный

аллель t^b). Все мутантные аллели, за исключением аллеля I , влияют на окраску шерстного покрова и характер его распределения. Аллель I в гомозиготном состоянии определяет длинную шерсть. Фенотипическое проявление аллелей, их взаимодействие и методы подсчета аллельных частот подробно описаны ранее [3, 326], [14, 169–174], [23, 106–161], [24, 9–36].

Для установления сходства и различий между исследуемыми популяциями использовался коэффициент генетической дистанции Ней (D_N) [25, 283–292]:

$$D_N = -\ln I_N, \quad I_N = \frac{\sum_{j=1}^L \sum_{i=1}^R x_{ij} y_{ij}}{\sqrt{(\sum_{j=1}^L \sum_{i=1}^R x_{ij}^2)(\sum_{j=1}^L \sum_{i=1}^R y_{ij}^2)}},$$

где x_{ij} и y_{ij} – частоты i -того аллеля j -того локуса сравниваемых популяций.

Если D_N равно 0, то популяции идентичны. Чем больше значение D_N , тем менее родственны сравниваемые популяции. Считается, что коэффициент дистанции Ней самый точный и поэтому используется многими исследователями.

Для наглядного изображения общей картины генетических взаимоотношений между всеми исследованными популяциями на основании полученных коэффициентов генетической дистанции Ней была построена дендрограмма методом невзвешенного парно-группового кластерного анализа (UPGMA) [26, 573]. Надежность характера ветвления дендрограммы оценивалась при помощи бутстреп-теста Фелзенштейна [27, 783–791]. Все расчеты проводились с использованием компьютерных программ «Ген» (версия для PC) и DISPAN [28, 32], [29, 1].

Результаты исследования и их обсуждение

Для оценки генетической структуры были рассчитаны частоты встречаемости нормальных и мутантных аллелей окраса и структуры меха в каждой из 7 исследованных белорусских популяций. Аллельные частоты по 6 аутосомным и одному сцепленному с полом генам в популяциях *F. catus* приведены в таблице 1.

Таблица 1. – Аллельные частоты по 7 генам окраса и структуры меха в популяциях *F. catus* 13 исследованных городов

Популяция	Размер выборки	Частота мутантного аллеля						
		a	t^b	d	I	S	W	O
Могилёв	212	0,705	0,134	0,399	0,470	0,331	0,026	0,179
Шклов	111	0,766	0,194	0,374	0,569	0,233	0,018	0,192
Чаусы	181	0,729	0,104	0,461	0,530	0,234	0,019	0,227
Славгород	142	0,774	0,176	0,368	0,475	0,254	0,007	0,154
Костюковичи	121	0,728	0	0,429	0,454	0,205	0,029	0,175
Кричев	250	0,787	0	0,311	0,616	0,175	0,024	0,191
Горки	134	0,677	0	0,354	0,546	0,224	0,023	0,250
Лондон*	700	0,760	0,810	0,140	0,330	0,370	0	0,110
Дублин*	360	0,820	0,740	0,290	0,330	0,310	0,020	0,120
Ньюкасл*	617	0,800	0,770	0,300	0,360	0,340	0,010	0,160
Париж*	1833	0,710	0,780	0,330	0,250	0,240	0,010	0,060
Амстердам*	636	0,740	0,570	0,250	0,150	0,320	0,010	0,130
Варшава*	124	0,620	0,350	0,250	0,220	0,330	0	0,070

*Примечание – данные по городам Лондон, Дублин, Ньюкасл, Париж, Амстердам, Варшава взяты из следующих работ [2, 214–220], [20, 373–377], [21, 37], [6, 92], [7, 223–228], [22, 197–200].

Из таблицы видно, что высокие значения частоты встречаемости были зафиксированы для мутантного аллеля *a*. Их значения в исследованных популяциях Беларуси варьировались от 68 до 79 %. Мутантные аллели *d* и *l* характеризовались средним значением частот встречаемости, поскольку в большинстве исследованных популяций имели величины от 30 до 62 %. Все остальные исследованные аллели (*t^b*, *S*, *W*, *c^s*, *O*) имели минимальные значения. Мутантный аллель *t^b* локуса *Tabby* встречался с относительно низкой частотой и в некоторых городах (Костюковичи, Кричев, Горки) полностью отсутствовал.

Сравнительный анализ генетической структуры показал, что почти все исследованные нами популяции Беларуси имеют сходные значения по аллельным частотам 5 локусов (*Agouti*, *Dilute*, *Piebald spotting*, *White*, *Orange*) (таблица 1).

Большой интерес представляет распределение частоты мраморного аллеля *t^b* локуса *Tabby*. В городах Западной Европы его частота обычно превышает 20 %, а в Лондоне, Дублине, Ньюкасле и Париже – 74 % [2, 214–220], [3, 326], [4, 195–210], [5, 24–30], [6, 92], [7, 223–228], [8, 25–30], [9, 139–142], [10, 235–241], [11, 209–214], [20, 579–583], [21, 401–412], [22, 373–377]. В исследованных городах Беларуси выявлена в целом низкая частота встречаемости аллеля *t^b*, а в нескольких популяциях он полностью отсутствовал (таблица 1).

Для более точной количественной оценки генетической дифференциации между 13 исследованными популяциями домашних кошек, включая данные по 6 западноевропейским городам, был использован коэффициент генетической дистанции Неи [25, 283–292], который учитывает различия по всем исследованным локусам, а не только по сильно различающимся.

Используя значения коэффициентов генетической дистанции Неи (D_N), посредством невзвешенного парно-группового метода кластерного анализа (UPGMA), нами была построена дендрограмма (рисунок 1), позволяющая наглядно проиллюстрировать степень межпопуляционной дифференциации в исследованных популяциях домашних кошек. Необходимо отметить, что бутстреп-тест показал высокостойкий характер ветвления в дендрограмме (>90 %) практически для всех ветвей.

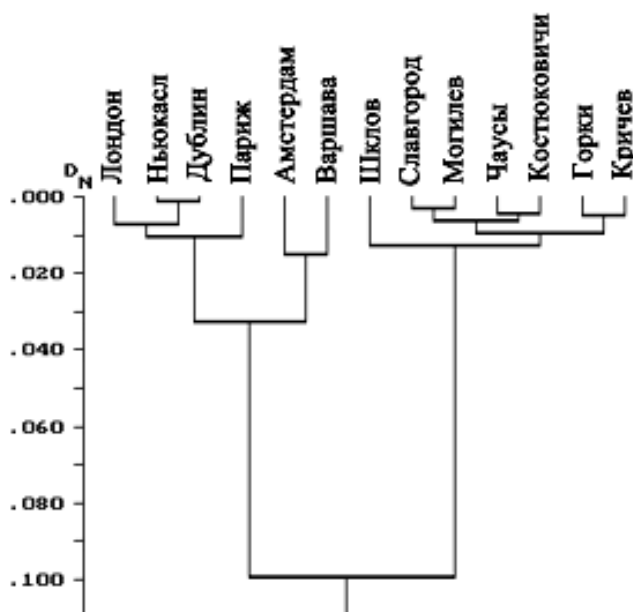


Рисунок 1. – Дендрограмма, показывающая степень генетической дифференциации в 13 исследованных популяциях *F. catus*

Из дендрограммы хорошо видно, что проанализированные популяции кошек распадаются на три четких кластера. Правый кластер включает в себя только белорусские популяции, в центральный входят две популяции западной Европы (Амстердам и Варшава), а левый образуют западноевропейские англо-французские города.

Необходимо отметить, что внутри всех трех кластеров значение коэффициента дистанции Неи не превышает 0,015, что говорит об их внутренней консолидированности.

Кроме того, большой интерес представляет несколько обособленное расположение Варшавы и Амстердама в отношении англо-французских популяций (D_N 0,032). Если же сравнить западноевропейские популяции (левый и центральный кластер) с белорусскими, то они удалены еще сильнее (D_N 0,099). Это все говорит не только о взаимосвязи коэффициента дистанции Неи с территориальной удаленностью исследованных популяций, но также показывает различное историческое происхождение последних.

Выводы

Проведенный анализ генетической структуры 7 популяций *F. catus* востока Беларуси показал, что все из них сходны по аллельным частотам 5 локусов (*Agouti*, *Dilute*, *Piebald spotting*, *White*, *Orange*).

Анализ дифференциации популяций свидетельствует о сходстве исследованных популяционных генофондов *F. catus* восточной части Беларуси и существенном их отличии от западноевропейских популяций.

Работа проводилась в рамках темы ГБ 16-39 «Оценка состояния природных урбанизированных экосистем юго-востока Беларуси» (ГГУ им. Ф. Скорины).

СПИСОК ОСНОВНЫХ ИСТОЧНИКОВ

1. Зятьков, С. А. Генетическая дифференциация популяций *Felis catus* (L.) западной и центральной части Беларуси / С. А. Зятьков, Г. Г. Гончаренко // Актуальные проблемы зоологической науки в Беларуси : материалы XI Зоологической Междунар. науч.-практ. конф., приуроченной к десятилетию основания ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам», Минск, 1–3 нояб. 2017 г. : в 2 т. / [редкол.: О. И. Бородин (гл. ред.) и др.]. – Минск, 2017. – Т. 1. – С. 166–172.
2. Searle, A. G. Gene frequencies in London's cats / A. G. Searle // J. Heredity. – 1949. – Vol. 49. – P. 214–220.
3. Robinson, R. Mutant gene frequencies in cats of southern England / R. Robinson, M. Silson // Theor. Appl. Genet. – 1969. – Vol. 39. – P. 326.
4. Clark, J. M. The effects of selection and human preference on coat colour gene frequencies in urbancats / J. M. Clark // J. Heredity. – 1975. – Vol. 35. – P. 195–210.
5. Todd, N. B. Mutant allele frequencies in domestic cats of Dublin and vicinity / N. B. Todd, A. T. Lloyd // Carn. Genet. Newsl. – 1979. – Vol. 4. – P. 24–30.
6. Dreux, P. H. Gene frequencies in the cat populations of Paris / P. H. Dreux // J. Heredity. – 1967. – Vol. 58. – P. 92.
7. Lloyd, A. T. Mutant allele frequencies in the domestic cat populations of the Netherlands / A. T. Lloyd // Genetica. – 1982. – V. 58. – P. 223–228.
8. Baxa, H. Gene frequencies in stray cats from Vienna / H. Baxa // Genetica. – 1973. – Vol. 44. – P. 25–30.
9. Hoger, H. Mutant allele frequencies in domestic cat populations in Austria / H. Hoger // J. Hered. – 1994. – Vol. 85. – P. 139–142.
10. Towards a comprehensive picture of the Mediterranean: population genetics of the cats of Rome, Italy / A. T. Lloyd [et al.] // Carnivore Genet. Newslett. – 1983. – Vol. 4. – P. 235–241.
11. Ruiz Garcia, M. Mutant allele frequencies in domestic cat populations in Catalonia, Spain, and their genetic relationships with Spanish and English colonial cat populations / M. Ruiz Garcia // Genetica. – 1990. – Vol. 82. – P. 209–214.
12. Распределение генов окраски и длины шерсти в популяциях кошек Кубы, Коста-Рики, Колумбии, Парагвая, Чили и Аргентины и возможное происхождение этих популяций / М. Руис-Гарсия [и др.] // Генетика. – 2002. – Т. 38, № 2. – С. 227–242.
13. Shostell, J. M. Mutant Allele Frequencies in Domestic Cat Populations in Arkansas and Tennessee / J. M. Shostell, J. Staudinger, M. Ruiz-Garcia // Journal of Heredity. – 2005. – Vol. 96(5). – P. 557–565.
14. Mutant allele frequencies in domestic cat populations of six soviet cities / P.M. Borodin [et al.] // J. Heredity. – 1978. – Vol. 69. – P. 169–174.
15. Гончаренко, Г. Г. Мутантные гены окраски в популяциях домашних кошек Средней Азии и Европейской части СССР / Г. Г. Гончаренко, О. Е. Лопатин, Г. П. Манченко // Генетика. – 1985. – Т. XXI, № 7. – С. 1151–1158.

16. Холин, С. К. Частоты мутантных генов в двух популяциях домашних кошек южного Сахалина // Генетика. – 1990. – Т. 26, № 12. – С. 2200–2206.
17. Голубева, Н. А. Новые данные о частотах генов окраса и длины шерсти у кошек. 1. Популяция кошек г. Армавир / Н. А. Голубева, А. И. Жигачев // Генетика. – 2007. – Т. 43, № 8. – С. 1079–1083.
18. Гончаренко, Г. Г. Генетическая структура и уровень дифференциации в популяциях *Felis catus* Европейского континента / Г. Г. Гончаренко, С. А. Зятков, А. Н. Лысенко // Доклады Академии наук. – 2010. – Т. 431, № 6. – С. 827–830.
19. Гончаренко, Г. Г. Уровень генетической дифференциации у кошек *Felis catus* (L.) в западноевропейских, североамериканских и восточноевропейских популяциях / Г. Г. Гончаренко, С. А. Зятков // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2011. – Т. 15, № 3. – С. 516–523.
20. Lloyd, A. T. The population genetics of in Northwest Ireland / A. T. Lloyd // *Carnivore Genet. Newslett.* – 1979. – Vol. 3. – P. 373–377.
21. Lloyd, A. T. Domestic cat gene frequencies, a Catalog and Bibliography / A. T. Looyd, N. B. Todd. – Newcastle-Upon-Tyne, UK : Tetrahedron Publ., 1989. – P. 37.
22. Wagner, A. Pelage mutant alleles frequencies in domestic cat populations of Poland / A. Wagner, M. Wolsan // *The Journal of heredity.* – 1987. – Vol. 78. – P. 197–200.
23. Robinson, R. Genetics for Cat Breeders / R. Robinson. – London : Pergamon Press, 1977. – 202 p.
24. Гончаренко, Г. Г. Генетика. Анализ наследственных закономерностей на генах меха кошек *Felis catus* : практическое пособие / Г. Г. Гончаренко, С. А. Зятков. – Гомель : УО ГГУ им. Ф. Скорины, 2007. – 108 с.
25. Nei, M. Genetic distance between populations / M. Nei // *American Naturalist.* – 1972. – Vol. 106. – P. 283–292.
26. Sneath, P. H. A. Unweighted pair-group method average, UPGMA / P. H. A. Sneath, R. R. Sokal // *Numerical taxonomy.* – San Francisco : W.H. Freeman & Co, 1973. – 573 p.
27. Felsenstein, J. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap / J. Felsenstein // *Evolution.* – 1985. – Vol. 39. – P. 783–791.
28. Гончаренко, Г. Г. Учебная программа для обработки эволюционно-генетических данных и их геносистематической интерпретации / Г. Г. Гончаренко, В. М. Кучмин, Б. П. Савицкий. – Гомель : ГГУ. – 1988. – 32 с.
29. Ota, T. DISPAN: genetic distance and phylogenetic analysis [Электронный ресурс] / T. Ota // Institute of Molecular Evolutionary Genetics. The Pennsylvania State University. – 1993. – Режим доступа: <http://scripts.cac.psu.edu/nxm2/dispan2.htm>. – Дата доступа: 08.01.2018.

Поступила в редакцию 13.02.18

E-mail: zyatkov@gsu.by; mezhenickova.katya@yandex.by;
Kruk@gsu.by; ggoncharenko@gsu.by

S. A. Zyatkov, E. V. Mezhenikova, A. V. Kruk, G. G. Goncharenko

GENETIC STRUCTURE AND DIFFERENTIATION OF POPULATIONS OF *FELIS CATUS* (L.) IN THE EASTERN PART OF BELARUS

The genetic structure of 7 populations of *Felis catus* found in the Eastern part of Belarus is determined. Analysis of genetic differentiation using the distance coefficient Nei of the Eastern Belarusian and Western European populations of *F. catus* showed significant differences in their gene pools.

Keywords: *Felis catus*, genetic structure of populations, genetic differentiation.