
<https://www.doi.org/10.33910/2686-9519-2024-16-4-832-838>
<https://zoobank.org/References/2F8B704D-6EB4-4378-BD5E-E740A3136C14>

УДК 575.22: 599.323.5

Предварительные данные о распределении мтДНК линий красно-серой полевки (*Craseomys rufocanus* Sundevall, 1846) на юго-западе Приморского края

И. Н. Шереметьева✉, В. С. Шпеко

 Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН,
 пр-т 100-летия Владивостока, д. 159, 690022, г. Владивосток, Россия

Сведения об авторах

Шереметьева Ирина Николаевна

 E-mail: sheremet76@yandex.ru

SPIN-код: 4490-5584

Scopus Author ID: 6504016204

ResearcherID: L-9392-2016

ORCID: 0000-0003-3465-9009

Шпеко Вероника Сергеевна

 E-mail: vera.shpeko@mail.ru

Аннотация. Проведен анализ изменчивости фрагмента гена цитохрома *b* (*cytb*) у красно-серой полевки (*Craseomys rufocanus*) на юго-западе Приморья. Обнаружено шестнадцать новых для вида гаплотипов, относящихся к двум филогруппам. Показана целесообразность выделения F-гаплотипов в отдельную филогенетическую группу и подразделенность филогруппы D на две подгруппы. Получены предварительные данные о распределении мтДНК линий на юге края. Обнаружена тенденция к снижению частоты встречаемости C-2-гаплотипов с севера на юг и D-гаплотипов с запада на восток. Показано присутствие только D-гаплотипов на юго-западе Приморья, что указывает на барьерную роль Суйфуно-Ханкайской равнины для распространения красно-серой полевки.

Права: © Авторы (2024). Опубликовано Российским государственным педагогическим университетом им. А. И. Герцена. Открытый доступ на условиях лицензии CC BY-NC 4.0.

Ключевые слова: красно-серая полевка, *Craseomys rufocanus*, мтДНК, филогенетические группы, Приморский край

Preliminary data on the distribution of mtDNA lineages of the grey red-backed vole (*Craseomys rufocanus* Sundevall, 1846) in the southwest of Primorsky Krai

I. N. Sheremetyeva✉, V. S. Shpeko

 Federal Scientific Center of the East Asia Terrestrial Biodiversity FEB RAS, 159 100-letiya Vladivostoka Ave.,
 690022, Vladivostok, Russia

Authors

Irina N. Sheremetyeva

 E-mail: sheremet76@yandex.ru

SPIN: 4490-5584

Scopus Author ID: 6504016204

ResearcherID: L-9392-2016

ORCID: 0000-0003-3465-9009

Veronica S. Shpeko

 E-mail: vera.shpeko@mail.ru

Abstract. The study examines the variability of the cytochrome *b* (*cytb*) gene fragment in the grey red-backed vole (*Craseomys rufocanus*) from the southwest of Primorsky Krai. A total of 16 new haplotypes distributed across two distinct phylogroups were identified. The findings suggest classifying the F-haplotype as a separate phylogenetic group and subdividing phylogroup D into two distinct subgroups. Preliminary data on the geographical distribution of mtDNA lineages in the south of the region are also presented. A notable trend was observed in the decreasing frequency of C-2-haplotypes from north to south, and of D-haplotypes from west to east. Additionally, the presence of exclusively D-haplotypes in the southwest of Primorsky Krai suggests a potential barrier effect of the Suifun-Khanka Plain on the distribution of the grey red-backed vole in this area.

Keywords: grey red-backed vole, *Craseomys rufocanus*, mtDNA, phylogenetic groups, Primorsky Krai

Copyright: © The Authors (2024). Published by Herzen State Pedagogical University of Russia. Open access under CC BY-NC License 4.0.

Историческая биогеография достаточно неплохо изучена в западной части Палеарктики у наземных позвоночных, в том числе и грызунов. К настоящему времени описаны геоклиматические процессы, в результате которых сформировалось современное генетическое разнообразие, включая выявление основных мест нахождения ледниковых рефугиумов и путей постледникового расселения (Hewitt 1999; 2004; Sommer, Nadachowski 2006). Несмотря на то, что территория Дальнего Востока показывает более высокое биологическое разнообразие и эндемизм, по сравнению с европейской частью России (Kier et al. 2009), она до сих пор остается менее изученной с филогеографической точки зрения. Так, к настоящему времени отсутствует или носит фрагментарный характер информация о внутривидовой генетической структуре отдельных видов, что затрудняет оценку того, какие исторические факторы повлияли на эволюцию биоты этого региона.

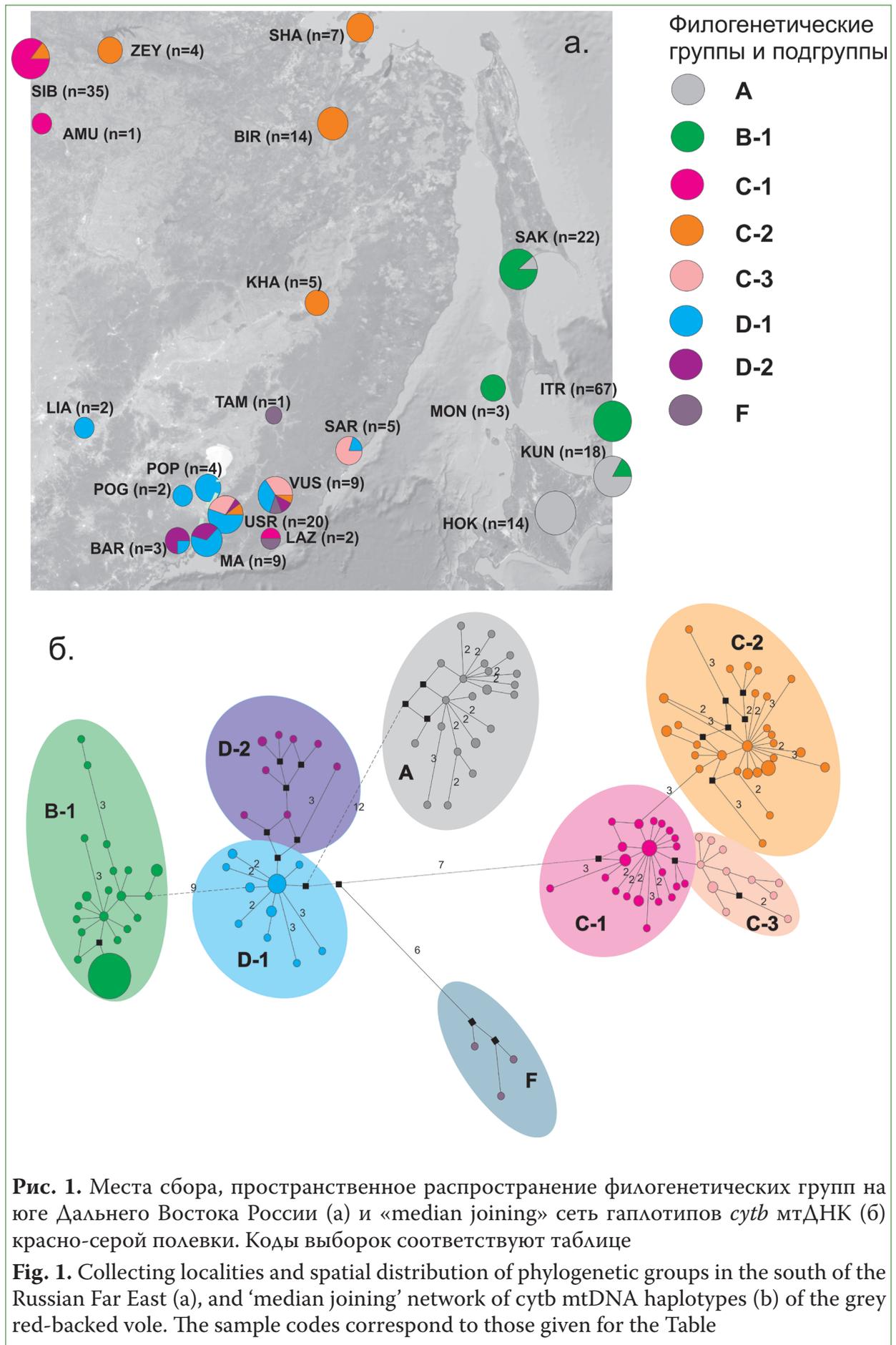
Принято считать, что решающими для сегодняшнего распространения видов и генетической структуры были климатические колебания в плейстоцене (от 2,58 млн до 12000 лет назад), когда многие популяции были изолированы в различных ледниковых рефугиумах (Davis, Shaw 2001; Hewitt 2004), что привело к аллопатрической дифференциации и внутривидовой изменчивости (Stewart et al. 2010; Ren et al. 2017). Для Дальнего Востока России площадь, занятая ледниками, в плейстоцене была значительно меньше, чем в Европе и Северной Америке, и ограничивалась в основном горными территориями (Glushkova 2011; Nørgaard et al. 2023). Несмотря на это, глобальные климатические колебания все же оказывали свое влияние на флору и фауну региона. Во времена похолодания и осушения климата происходило сокращение площади лесов (Harrison et al. 2001), которое вместе с разрывами в потенциальных местообитаниях не могло не сказываться на структуре лесных видов.

Красно-серая полевка *Craseomys rufocanus* Sundevall, 1846 — типичный представитель древнетаежной фауны темной тайги, который широко распространен в Евразии. В лесах юга Дальнего Востока, наряду с восточноазиатской мышью, является фоновым видом и может быть модельным для филогеографических исследований. При проведении анализа изменчивости фрагмента гена *cytb* у красно-серой полевки были выявлены четыре филогенетические линии (Abramson et al. 2012). Большая часть генетического разнообразия обнаружена на юге Дальнего Востока, при этом данная территория изучена неравномерно. Основная часть материала из Приморского края была проанализирована с отрогов хребта Сихотэ-Алинь. Особи с юго-западной части Приморья (Черные горы, Борисовское плато и Пограничный хребет) не были включены в анализ. При этом следует отметить ландшафтную неоднородность данной территории: лесные массивы разделены широкой Суйфуно-Ханкайской равниной.

Цель настоящей работы — проанализировать изменчивость фрагмента гена *cytb* у красно-серой полевки на юго-западе Приморья и получить предварительные данные о распределении мтДНК линий на юге края.

Материалы и методы

В работе использованы образцы тканей от красно-серых полевок (21 особь), отловленных в пяти популяциях юго-западного Приморья: Горно-таежная станция им. В. Л. Комарова (n = 5), полуостров Муравьев-Амурский (n = 7), окрестности пос. Пограничный (n = 2), окрестности села Поповка Хорольского района (Хорольский мелкосопочник) (n = 4) и окрестности села Барабаш (n = 3) (табл. 1, рис. 1а). Образцы хранятся в УНУ «Биоресурсная коллекция ФНЦ биоразнообразия ДВО РАН» (г. Владивосток). Дополнительно в анализ включены нуклеотидные последовательности гена цитохрома *b* мтДНК, полученные ра-



нее и помещенные в GenBank NCBI другими авторами (Iwasa et al. 2000; Dekonenko et al. 2003; Cook et al. 2004; Abramson et al. 2009; 2012; 2023) из некоторых популяций Восточной Сибири, юга Дальнего Востока России и прилегающих территорий Китая и Японии.

Выделение ДНК осуществляли методом солевой экстракции (Aljanabi, Mar-

tinez 1997) из фиксированных в спирте (96%) мышечных тканей. Фрагмент гена цитохрома *b* мтДНК был амплифицирован с использованием прямого СбЛксп14071+(5'-TAT GAC САА TGA CAT GAA ААА TCA TCG-3') и обратного VOLE-14 15319-(5'-TTT САТ TAC TGG TTT АСА АГА С-3') праймеров, на приборе UNOII Thermoblock (Biometra, Гер-

Таблица 1

Встречаемость филогрупп в популяциях красно-серой полевки на юге Дальнего Востока России и прилегающих территорий

Table 1

Occurrence of phylogroups in the grey red-backed vole populations in the south of the Russian Far East and adjacent territories

Код	Место сбора	n	Филогруппа	Литература
1	2	3	4	5
	Восточная Сибирь:			
SIB	Красноярский край	16	C-1	Abramson et al. 2012
	Иркутская область	5	C-1	Abramson et al. 2012
	Республика Бурятия	4	C-1(3); C-2(2)	Abramson et al. 2012
	Забайкальский край	10	C-1(7); C-2(3)	Abramson et al. 2012
	Амурская область:			
AMU	Сковородинский р-н, окр. с. Игнашино	1	C-1	Abramson et al. 2012
ZEY	Зейский з-к	4	C-2	Abramson et al. 2012
	Хабаровский край:			
SHA	О-в Б. Шантар	7	C-2	Abramson et al. 2012
BIR	Р-н им. Полины Осипенко, окр. с. Бриакан	14	C-2	Abramson et al. 2012
КНА	Окр. г. Хабаровск	1	C-2	Dekonenko et al. 2003
	Окр. г. Хабаровск	4	C-2	Abramson et al. 2012
	Приморский край:			
TAM	Лесозаводский район, река Тамга	1	F	Abramson et al. 2012
SAR	Сихотэ-Алинский з-к	5	C-3(4); D-1(1)	Abramson et al. 2012
LAZ	Лазовский з-к	2	C-1(1); F(1)	Abramson et al. 2012
VUS	Чугуевский р-н, Верхнеуссурийский стационар ФНЦ биоразнообразия ДВО РАН	9	D-1(3); D-2(1); C-2(1); C-3(3); F(1)	Abramson et al. 2012
USR	Уссурийский з-к, окр. с. Каймановка	6	D-1(5); D-2(1)	Iwasa et al. 2000
	Уссурийский з-к, Аникин ключ	9	D-1(5); C-3(4)	Abramson et al. 2012
	Уссурийский р-н, Горно-таежная станция	5	D-1(1); C-2(2); C-3(2)	Наши данные
MA	Окр. г. Владивосток	2	D-1(2)	Iwasa et al. 2000
	Окр. г. Владивосток, пер. Лазурный	7	D-1(2); D-2(5)	Наши данные

Таблица 1. Окончание
Table 1. End

1	2	3	4	5
POP	Хорольский р-н, окр. с. Поповка	4	D-1	Наши данные
POG	Пограничный р-н, окр. пос. Пограничный	2	D-1	Наши данные
BAR	Хасанский р-н, окр. с. Барабаш	3	D-1(1); D-2(2)	Наши данные
SAK	О-в Сахалин	4	B-1	Iwasa et al. 2000
	О-в Сахалин	9	B-1	Abramson et al. 2009
	О-в Сахалин	10	B-1	Abramson et al. 2012
	О-в Сахалин	4	A(3), B-1(1)	Абрамсон и др. 2023
MON	О-в Монерон	3	B-1	Abramson et al. 2009
KUN	О-в Кунашир	6	A	Abramson et al. 2009
	О-в Кунашир	3	A	Abramson et al., 2012
	О-в Кунашир	9	A(6), B-1(3)	Abramson et al. 2023
ITR	О-в Итуруп	67	B-1	Abramson et al. 2023
LIA	Китай	2	D-1	Abramson et al. 2012
НОК	О-в Хоккайдо	11	A	Iwasa et al. 2000
	О-в Хоккайдо	3	A	Cook et al. 2004

Примечание. Код выборок соответствует рис. 1; *n* — объем выборки, в скобках указано количество особей определенной филогруппы.

Note. The sample code corresponds to Fig. 1, where *n* represents the sample size, and the number of individuals within each phylogroup is indicated in parentheses.

мания) в 25 мкл. Реакционная смесь включала 1–2 мкг тотальной ДНК, 2,5 мкл 10 × буфера («СибЭнзим», г. Новосибирск), 2,5 мкл 20 мМ смеси dNTPs, 2 мкл каждого праймера, 5 ед. Taq-полимеразы («СибЭнзим», г. Новосибирск) и деионизированную воду. Амплификацию проводили при следующих условиях: начальная денатурация ДНК (95 °С — 120 с), 30 циклов амплификации (95 °С — 15 с, 57 °С — 30 с, 72 °С — 120 с) и достройка цепей (72 °С — 420 с). Последовательности нуклеотидов определяли на автоматическом секвенаторе ABI Prizm 3130 (Applied Biosystems, США) на базе центра коллективного пользования «Биотехнология и генетическая инженерия» ФНЦ биоразнообразия ДВО РАН (г. Владивосток). Редактирование и выравнивание полученных последовательностей проводили с использованием программы BioEdit 7.0.9.0 (Hall 1999). Сети гаплотипов построены при помощи программы Network 10.2 методом «median joining» (Bandelt et al. 1999).

Результаты и обсуждение

Для каждого из 21 нового образца *Craseomys rufocanus* были получены фрагменты нуклеотидной последовательности гена цитохрома *b* мтДНК разной длины. После выравнивания с гомологичными последовательностями из GenBank/NCBI длина составила 625 пар нуклеотидов. В результате было выявлено восемнадцать гаплотипов, из которых шестнадцать — обнаружены впервые. Два гаплотипа ранее уже встречались на территории Приморского края и были отмечены как h72 и h89 (Abramson et al. 2012). В основном обнаруженные гаплотипы были уникальны, то есть отмечены у одной особи. Однако в популяции полевков с полуострова Муравьев-Амурский обнаружены две пары особей, имеющих одинаковые гаплотипы (274-22 и 276-22; 282-22 и 278-22). Реконструкция филогенетических отношений между гаплотипами исследованных полевков выполнена с использованием метода «median joining». В результате все образцы разделились на пять филогенетических групп — А,

В, С, D и E, различающихся 7–12 нуклеотидными заменами (рис. 16). В целом выделенные группы согласуются с гаплогруппами, описанными в работе Абрамсон с соавторами (Abramson et al. 2012), за исключением филогруппы E, которая раньше не выделялась и входила в группу D. В настоящей работе мы считаем целесообразным выделить F-гаплотипы в отдельную филогенетическую группу, поскольку они отличаются от остальных D-гаплотипов семью фиксированными заменами (рис. 16). Также ранее Абрамсон с соавторами была обнаружена подразделенность внутри линии С на три подгруппы: С-1, С-2 и С-3. При этом гаплотипы подгруппы С-3 отделены от анцестрального гаплотипа (h1) подгруппы С-1 двумя заменами. Внутри филогруппы D также прослеживается подразделенность на две подгруппы: D-1 и D-2.

Все вновь исследованные образцы принадлежат к двум филогенетическим группам и четырем подгруппам: С-2, С-3, D-1 и D-2 (табл. 1). При этом особи с гаплотипами подгрупп С-2 и С-3 (наряду с D-1-гаплотипами) обнаружены только в самой генетически разнообразной выборке Горно-таежной станции, которая расположена на западных склонах гор Пржевальского в долине реки Комаровка и по своему разнообразию схожа с выборками из Уссурийского заповедника. Особи из остальных выборок имели гаплотипы филогруппы D, при этом гаплотипы полевок из западных районов края (Пограничный и Хорольский) относились только к подгруппе D-1. На полуострове Муравьев-Амурский и на самом юге Приморья (окр. с. Барабаш, Хасанский р-н), кроме особей с гаплотипами D-1, обнаружены особи с D-2-гаплотипами.

Была проанализирована частота встречаемости разных линий в отдельных популяциях юга Дальнего Востока России и сопредельных территорий, в результате чего обнаружена неравномерность распределения филогенетических групп (рис. 1а). В целом можно отметить тенденцию к снижению частоты встречаемости С-2-гаплотипов с севера на юг и D-гаплотипов (D-1 и D-2) с запада на восток, при этом указанные группы наиболее широко распространены по территории региона. Распространение филогрупп F и С-3 ограничивается только южной частью Сихотэ-Алиня и его отрогами, частота встречаемости особей с этими гаплотипами в популяциях всегда невысока. Популяции полевок из Уссурийского заповедника и его окрестностей (Горно-таежная станция) и в верховьях р. Уссури (Верхнеуссурийский стационар) оказались генетически наиболее разнообразны за счет присутствия в них четырех и пяти филогенетических групп и подгрупп соответственно. К настоящему времени не обнаружено присутствие гаплотипов других групп кроме D на юго-западе Приморья, что может, вероятно, указывать на частичную барьерную роль Суйфуно-Ханкайской равнины для распространения красно-серой полевки. Однако данный вопрос требует более детальной проработки, поскольку стоит отметить, что количество и объем выборок на юге и западе Приморья все еще невелики.

Финансирование

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-24-00158, <https://rscf.ru/project/24-24-00158/>.

References

- Abramson, N. I., Abramov, A. V., Baranova, G. I. (2009) New species of red-backed vole (Mammalia: Rodentia: Cricetidae) in fauna of Russia: Molecular and morphological evidences. *Proceedings of the Zoological Institute of the Russian Academy of Sciences*, vol. 313, no. 1, pp. 3–9. <https://doi.org/10.31610/trudyzin/2009.313.1.3> (In English)
- Abramson, N. I., Petrova, T. V., Dokuchaev, N. E. et al. (2012) Phylogeography of the gray red-backed vole *Craxomys rufocanus* (Rodentia: Cricetidae) across the distribution range inferred from nonrecombining molecular markers. *Russian Journal of Theriology*, vol. 11, no. 2, pp. 137–156. (In English)
- Abramson, N. I., Tursunova, L. S., Petrova, T. V. et al. (2023) Colonization history of the grey red-backed vole *Craxomys rufocanus* on Iturup island inferred from the analysis of the cytochrome *b* (*cytb*) gene fragment. *Russian Journal of Genetics*, vol. 59, no. 8, pp. 824–830. (<https://doi.org/10.1134/S1022795423080021>) (In English)

- Aljanabi, S. M., Martinez, I. (1997) Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. *Nucleic Acids Research*, vol. 25, no. 22, pp. 4692–4693. <https://doi.org/10.1093/nar/25.22.4692> (In English)
- Bandelt, H. J., Forster, P., Röhl, A. (1999) Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, vol. 16, no. 1, pp. 37–48. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036> (In English)
- Cook, J. A., Runck, A. M., Conroy, C. J. (2004) Historical biogeography at the crossroads of the northern continents: Molecular phylogenetics of red-backed voles (Rodentia: Arvicolinae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, vol. 30, no. 3, pp. 767–777. [https://doi.org/10.1016/S1055-7903\(03\)00248-3](https://doi.org/10.1016/S1055-7903(03)00248-3) (In English)
- Davis, M. B., Shaw, R. G. (2001) Range shifts and adaptive responses to Quaternary climate change. *Science*, vol. 292, no. 5517, pp. 673–679. <https://doi.org/10.1126/science.292.5517.673> (In English)
- Dekonenko, A., Yakimenko, V., Ivanov, A. et al. (2003) Genetic similarity of Puumala viruses found in Finland and western Siberia and of the mitochondrial DNA of their rodent hosts suggests a common evolutionary origin. *Infection, Genetics and Evolution*, vol. 3, no. 4, pp. 245–257. [https://doi.org/10.1016/S1567-1348\(03\)00088-1](https://doi.org/10.1016/S1567-1348(03)00088-1) (In English)
- Glushkova, O. Yu. (2011) Late Pleistocene glaciations in North-East Asia. In: J. Ehlers, P. L. Gibbard, P. D. Hughes (eds.). *Developments in Quaternary sciences*. Vol. 15. Amsterdam: Elsevier Publ., pp. 865–875. <https://doi.org/10.1016/B978-0-444-53447-7.00063-5> (In English)
- Hall, T. A. (1999) BioEdit: A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, no. 41, pp. 95–98. (In English)
- Harrison, S. P., Yu, G., Takahara, H., Prentice, I. C. (2001) Diversity of temperate plants in East Asia. *Nature*, vol. 413, no. 6852, pp. 129–130. <https://doi.org/10.1038/35093166> (In English)
- Hewitt, G. M. (2000) The genetic legacy of the Quaternary ice ages. *Nature*, vol. 405 (6789), pp. 907–913. <https://doi.org/10.1038/35016000> (In English)
- Hewitt, G. M. (1999) Post-glacial re-colonization of European biota. *Biological Journal of the Linnean Society*, vol. 68, no. 1-2, pp. 87–112. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.1999.tb01160.x> (In English)
- Hewitt, G. M. (2004) Genetic consequences of climatic oscillations in the Quaternary. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, vol. 359, no. 1442, pp. 183–195. <https://doi.org/10.1098/rstb.2003.1388> (In English)
- Iwasa, M. A., Utsumi, Y., Nakata, K. et al. (2000) Geographic patterns of cytochrome *b* and Sry gene lineages in the gray red-backed vole *Clethrionomys rufocanus* from Far East Asia including Sakhalin and Hokkaido. *Zoological Science*, vol. 17, pp. 477–484. (In English)
- Kier, G., Kreft, H., Lee, T. M., Barthlott, W. (2009) A global assessment of endemism and species richness across island and mainland regions. *PNAS*, vol. 106, no. 23, pp. 9322–9327. <https://doi.org/10.1073/pnas.0810306106> (In English)
- Nørgaard, J., Margold, N. M., Jansen, J. D. et al. (2023) Absence of large-scale ice masses in central Northeast Siberia during the late Pleistocene. *Geophysical Research Letters*, vol. 50, no. 10, article e2023GL103594. <https://doi.org/10.1029/2023GL103594> (In English)
- Ren, G., Mateo, R. G., Liu, J. et al. (2017) Genetic consequences of Quaternary climatic oscillations in the Himalayas: *Primula tibetica* as a case study based on restriction site-associated DNA sequencing. *New Phytologist*, vol. 213, no. 3, pp. 1500–1512. <https://doi.org/10.1111/nph.14221> (In English)
- Sommer, R. S., Nadachowski, A. (2006) Glacial refugia of mammals in Europe: Evidence from fossil records. *Mammal Review*, vol. 36, no. 4, pp. 251–265. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2907.2006.00093.x> (In English)
- Stewart, J. R., Lister, A. M., Barnes, I., Dalén, L. (2010) Refugia revisited: Individualistic responses of species in space and time. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, vol. 277, no. 1682, pp. 661–671. <https://doi.org/10.1098/rspb.2009.1272> (In English)

Для цитирования: Шереметьева, И. Н., Шпеко, В. С. (2024) Предварительные данные о распределении мтДНК линий красно-серой полевки (*Cruseomys rufocanus* Sundevall, 1846) на юго-западе Приморского края. *Амурский зоологический журнал*, т. XVI, № 4, с. 832–838. <https://www.doi.org/10.33910/2686-9519-2024-16-4-832-838>

Получена 5 июля 2024; прошла рецензирование 15 августа 2024; принята 21 августа 2024.

For citation: Sheremet'yeva, I. N., Shpeko, V. S. (2024) Preliminary data on the distribution of mtDNA lineages of the grey red-backed vole (*Cruseomys rufocanus* Sundevall, 1846) in the southwest of Primorsky Krai. *Amurian Zoological Journal*, vol. XVI, no. 4, pp. 832–838. <https://www.doi.org/10.33910/2686-9519-2024-16-4-832-838>

Received 5 July 2024; reviewed 15 August 2024; accepted 21 August 2024.