

Комиссия по изучению сурков при Териологическом обществе РАН
Кемеровский государственный сельскохозяйственный институт
Администрация Кемеровской области
Центр трансфера технологий СФО



СУРКИ В АНТРОПОГЕННЫХ ЛАНДШАФТАХ ЕВРАЗИИ

Тезисы докладов
IX Международного Совещания по суркам стран СНГ

Россия, г. Кемерово, 31 августа – 3 сентября 2006 г.

Кемерово
2006

также молодые, а изредка и взрослые сурки. В поселениях сурков меньше опасность пожаров, которые представляют для манула существенную угрозу.

Поселения сурков являются важными станциями переживания для манулов в открытых степях, и состояние популяций манула напрямую связано с состоянием популяций сурка. Так, можно считать, что резкое сокращение численности манула в степях Южной Сибири в XX веке произошло, в том числе, и из-за уменьшения численности сурка.

Манулы зачастую добываются попутно при отлове сурков. По сообщению В. Ткаченко, до 1970-х годов процент попадания манула в сурочьи капканы в Туве был очень высок и составлял 3-10%.

Существующая последние годы тенденция к сокращению сельскохозяйственной деятельности в степях Сибири привела к улучшению состояния сурочьих поселений. Можно предположить, что это привело и к увеличению численности манула.

Таким образом, сохранение и восстановление поселений сурков в исходных местообитаниях манула будет способствовать сохранению этой редкой степной кошки. Для предотвращения случайной гибели манула необходимо ввести запрет на промысел сурков капканами в местах обитания манула. Требуется провести дополнительные исследования по использованию сурочьих поселений манулом и другими редкими видами, нуждающимися в охране.

ФИЛОГЕНИЯ СУРКОВ: НОВЫЕ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ДАННЫЕ

PHYLOGENY OF MARMOTS: NEW MOLECULAR-GENETIC DATA

О.В. Брандлер¹, Д.А. Крамеров², А.А. Банникова³, Е.А. Ляпунова¹
O.V. Brandler¹, D.A. Kramerov², A.A. Bannikova³, E.A. Lyapunova¹

¹Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН, Москва, marmot@nm.ru

²Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта РАН, Москва

³Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва

¹ N.K. Koltsov Institute of Developmental Biology, Russian Academy of Science, Moscow, marmot@nm.ru

² V.A. Engelgardt Institute of Molecular Biology, Russian Academy of Science, Moscow

³ M.V. Lomonosov Moscow state university, Moscow

Для исследования филогенетических отношений млекопитающих в последние годы активно используются методы, основанные на применении различных молекулярно-генетических маркеров. Несколько работ, посвященных реконструкции филогении сурков, было выполнено на основе

секвенирования последовательностей митохондриального гена цитохрома *b* (Lyapunova et al., 1995; Steppan et al., 1999; Kruckenhauser et al., 1999) и ДНК-ДНК гибридизации (Giboulet et al., 2002). Мы проводили исследование филогенеза сурков ранее методом IS-PCR с использованием одного из семейств SINE – MIR (Lyapunova et al., 2003; Брандлер, 2003). Несмотря на сходство общей картины развития рода *Marmota*, по многим частным вопросам филогенетических связей сурков, результаты вышеназванных работ несколько отличаются. Прежде всего, это относится к положению трансберингийских видов *M. camtschatica* и *M. browery*, отношениям *M. caudata* и *M. menzbieri* и взаимоотношениям форм в группе *bobak*. В настоящем сообщении мы представляем наше новое исследование, являющееся продолжением предыдущей работы с использованием метода IS-PCR. Для повышения разрешающей способности метода эта работа выполнена на большем материале: были добавлены образцы, ранее не использовавшегося североамериканского вида *M. Browery*, и увеличено число образцов других видов; наряду с MIR мы использовали и другой SINE – B1-dID, специфический для грызунов.

Были получены следующие результаты. Род *Marmota* делится на две большие группы - Североамериканскую и Евразийскую, в соответствии с географическим распространением. В Североамериканскую группу входят *M. caligata*, *M. flaviventris*, *M. monax* и *M. browery*, что не полностью совпадает с данными секвенирования цитохрома *b*, согласно которым два последних вида входят в группу, объединяющую их с евразийскими сурками. Трансберингийские виды *M. camtschatica* и *M. browery* располагаются в разных ветвях филогенетического дерева и не являются близкородственными, как предполагалось ранее на основании морфологических и кариотипических признаков (Hoffmann, Nadler, 1968; Воронцов, Ляпунова, 1976; Hoffmann et al., 1979). *M. caudata* и *M. menzbieri* объединяются в одну кладу с низким значением бутстреп поддержки (индекс бутстрепа (ИБ) = 49), значительно отличаясь друг от друга генетически (генетическая дистанция (D_L) = 0,24). В группе *bobak* объединяются *M. bobak*, *M. baibacina* и *M. kastschenkoï*, последний из которых выделяется в отдельную ветвь с высоким значением ИБ = 91, что подтверждает его видовую самостоятельность (Брандлер, 2003).

Работа поддержана грантами РФФИ и программой РАН "Динамика генофондов".

Last years methods based on application of various molecular-genetic markers are used for research of phylogenetic relationships of mammals active. Some works, devoted reconstruction of a phylogeny of marmots, have been executed on the basis of sequencing of mitochondrial gene cytochrome *b* (Lyapunova et al., 1995; Steppan et al., 1999; Kruckenhauser et al., 1999) and DNA-DNA hybridization (Giboulet et al., 2002). Earlier we carried out research of phylogenesis of marmots by a IS-PCR method using of one of SINE families – MIR (Lyapunova et al., 2003; Brandler, 2003). Despite of resemblance of the general

picture of development of genus *Marmota*, results of the above-named works differ on many particular questions of phylogenetic relations of marmots. First of all, it concerns to position of Transberingian species *M. camtschatica* and *M. browery*, to relationships between *M. caudata* and *M. menzbieri* and to relationships of forms in bobak group. In the present report we represent our new research, being continuation of the previous work with use of the IS-PCR method. For increase of resolution of the method this work is executed with a bigger material: samples of not used earlier North American species *M. browery* have been added, and the number of samples of other species was increased. Together with MIR we used also another SINE – B1-dID specific to rodents.

Following results have been received. The genus *Marmota* is separated into two big groups North American and Eurasian, according to geographical distribution. *M. caligata*, *M. flaviventris*, *M. monax* and *M. browery* comprise The North American group. That not completely coincides with data of sequencing of cytochrome *b* according to which last two species are included into the group associating them with the Eurasian marmots. Transberingian species *M. camtschatica* and *M. browery* settle down in different branches of the phylogenetic tree and are not closely related as it was supposed earlier on the basis of morphological and karyotypical data (Hoffmann, Nadler, 1968; Vorontsov, Lyapunov, 1976; Hoffmann et al., 1979). *M. caudata* and *M. menzbieri* are united in a common clade with low bootstrap value supports (a bootstrap index (BI) = 49), considerably differing from each other genetically (a genetical distance (D_L) = 0,24). The bobak group is united *M. bobak*, *M. baibacina* and *M. kastschenkoi*, last of which forming a separate branch with high value BI = 91, that confirms its species status (Brandler, 2003).

The research is supported by grants of RFBR and a program of RAS "Dynamics of Genofonds".

КРАСНАЯ КНИГА И ИЗМЕНЕНИЕ ЧИСЛЕННОСТИ СТЕПНОГО СУРКА В ТАТАРСТАНЕ

The Red Book and a change in the number of steppe marmot in Tatarstan

П.К. Горшков

P.K. Gorshkov

Татарский Государственный Гуманитарный Педагогический Университет, zeleev@kzn.ru

В Татарстане обитают две популяции сурка-байбака (*Marmota bobak* Mull.): из юго-восточных районов левобережья и западная популяция, обитающая на правобережье республики. Юго-восточная популяция на протяжении всего XX-го века находилась в угнетённом состоянии, но часть колоний продолжала существовать.

В 1995 году сурок был включён в Красную книгу Республики Татарстан. После этого численность сурка сильно возросла: с 19883 экземпляров в 1991