

# ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ И ТАКСОНОМИЧЕСКИЙ СТАТУС МОГЕР ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА И КОРЕЙСКОГО ПОЛУОСТРОВА

Землемерова Е.Д., Абрамов А.В., Крюков А.П., Лебедев В.С., Банникова А.А.

[zemlemerovalena@ya.ru](mailto:zemlemerovalena@ya.ru)

Одна из нерешенных проблем систематики могов – это взаимоотношения уссурийской (*Mogera robusta*) и японской могов (*M. wogura*) и таксономический статус первой формы. Одни авторы рассматривают уссурийскую могову как подвид *M. wogura*, другие считают их разными видами. Видоспецифичность *M. robusta* утверждается на основании крупных размеров, структурных деталей слуховых косточек, одонтологических признаков, отличительной окраски волос, особенностей строения наружных гениталий самцов и наличия прианальных желез, отсутствующих у японского крота.

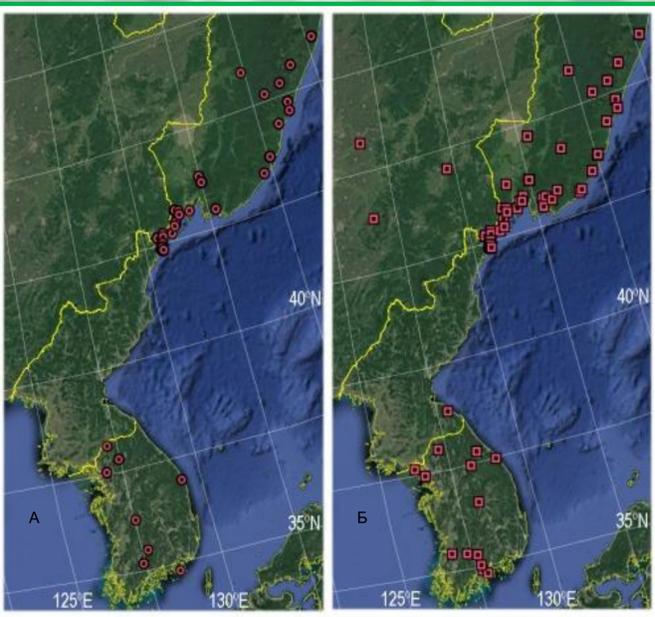


Рис. 1. Локалитеты образцов для молекулярного (А) и морфометрического (Б) анализов.

## Материал и методы

молекулярно-генетический анализ

- 105 экз. *M. robusta*, 16 экз. формы «coreana», 35 экз. - *M. wogura*
- полный митохондриальный ген *cytb* (1140 п.н.)
- 12 фрагментов экзонов: *A2ab* – 684 п.н., *ADRB2* – 780 п.н., *ApoB* – 600 п.н., *BCHE* – 942 п.н., *BRCA1* – 753 п.н., *BRCA2* – 768 п.н., *DMP1* – 981 п.н., *GHR* – 828 п.н., *ENAM* – 612 п.н., *RAG1* – 483 п.н., *TTN* – 429 п.н., *VWF* – 765 п.н.
- BI, ML, видовое дерево

морфометрический анализ

- 189 самцов до года+год - 8 промеров (GLS, I<sup>1</sup>-M<sup>3</sup>, C-M<sup>3</sup>, PL, RB, BAM, IOB, Pm<sub>1</sub>-M<sub>3</sub>)
- 159 самок до года+год - методом главных компонент (PCA)

## Результаты

Молекулярно-генетический анализ континентальных могов не выявил различий между образцами из Приморья, Китая и Южной Кореи по мДНК (рис. 2). Мелкие экземпляры могов с юга Хасанского района, определенные по размерным признакам как *M. wogura*, по результатам анализа *cytb* и ядерных генов ничем не отличаются от других могов Приморья (рис. 2,3). Более того, сиквенсы образцов из коллекции Охотиной в ЗИНе, которые значатся как «*M. wogura*», также не отличались от остальных приморских форм (рис. 4). По результатам анализа конкатенированной последовательности 12 ядерных генов (рис. 3) моговы из Приморья, Китая и Южной Кореи группируются вместе с высокой поддержкой данной группы относительно могов из Японии. Образцы из Южной Кореи не составляют монофилетической группировки, но занимают базальное положение, относительно остальных континентальных образцов. Анализ аллельных частот фрагментов 12 экзонов в программе Structure не выявил различий между образцами Приморья, Китая и Южной Кореи (рис. 5).

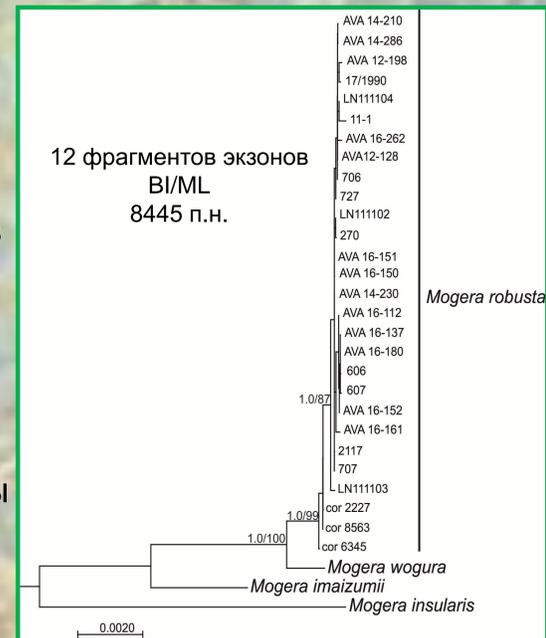


Рис. 3. Филогенетическое дерево, построенное ML-методом по 12 фрагментам экзонов.



Рис. 5. Результаты анализа Structure по 12 фрагментам экзонов.

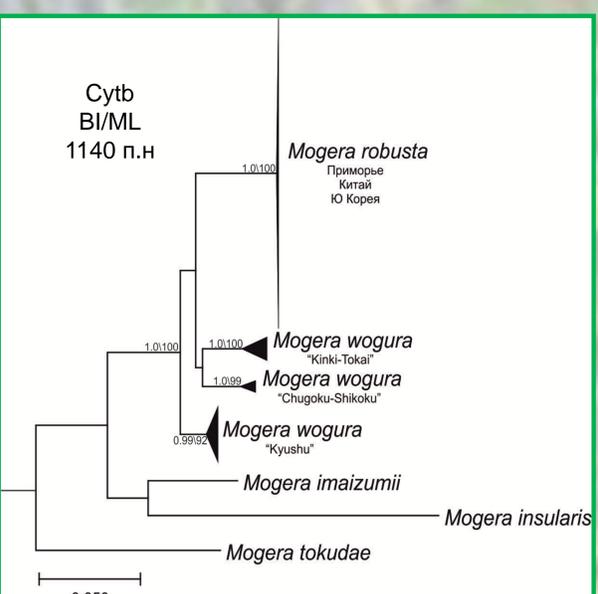


Рис. 2. Филогенетическое дерево, построенное ML-методом по *cytb*.

K2P-dist. (*cytb*)  
*M. robusta* / *M. wogura* ≈ 5.5%

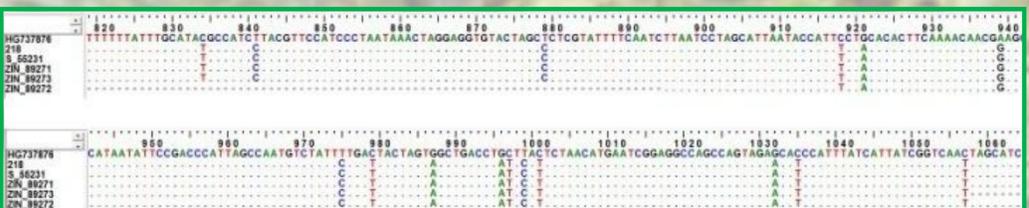


Рис. 4. Диагностические замены в нуклеотидных последовательностях *cytb* для могов из Приморья и Японии.

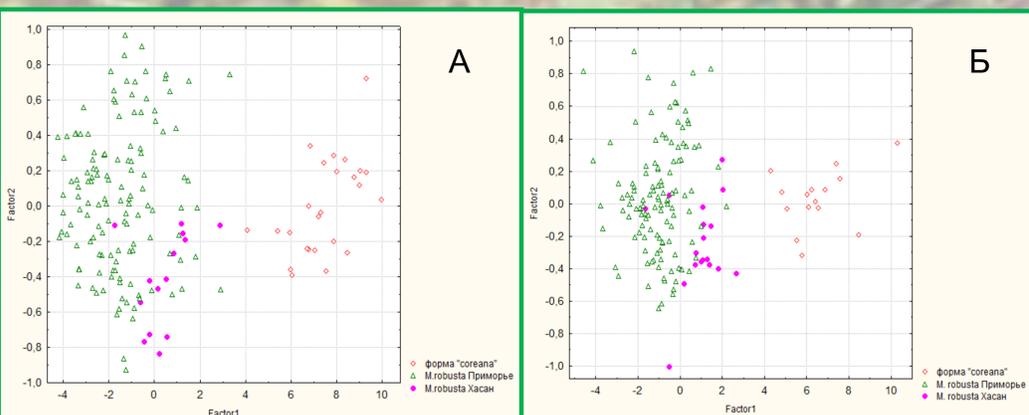


Рис. 6. Результаты анализа 8 краниометрических признаков, самцы (А) и самки (Б), возраст до года+год.

Сравнительный морфометрический анализ тоже не выявил различий между образцами, которые были определены М. Охотиной как *M. wogura* и *M. robusta*. По нашим данным форма «coreana» значительно мельче, чем *M. robusta* из Приморья (рис.6).

## Заключение

Результаты нашего исследования показали, что на континенте нет никакого другого вида, кроме *M. robusta* при значительной размерной изменчивости последнего. Что касается формы «coreana», то, вероятно, ее стоит рассматривать в качестве подвида *M. robusta*.