

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ РЕЧНОЙ ВЫДРЫ (*Lutra lutra*) ЕВРОПЕЙСКОЙ ЧАСТИ РОССИИ И СТРАН ЗАКАВКАЗЬЯ (ПО ДАННЫМ ПОЛИМОРФИЗМА ФРАГМЕНТА мтДНК)

© 2023 г. Н. А. Соколова¹*, Н. П. Кораблев², П. Н. Кораблев³, Х. А. Эрнандес-Бланко¹,
Г. А. Калоян⁴, А. А. Гёнджян⁴, А. Г. Малхасян⁵, П. А. Сорокин¹

¹Институт проблем экологии и эволюции им А.Н. Северцова Российской академии наук, Москва, 119071 Россия

²Государственный природный заповедник “Полистовский”, Псковская область, пос. Бежаницы, 182840 Россия

³Центрально-Лесной государственный природный биосферный заповедник,
Тверская область, пос. Заповедный, 172521 Россия

⁴Научный центр зоологии и гидроэкологии Национальной академии наук Республики Армения, Ереван, 0014 Армения

⁵Армянский филиал Всемирного фонда дикой природы, Ереван, 0019 Армения

*e-mail: nadezhdasklva@gmail.com

Поступила в редакцию 17.01.2023 г.

После доработки 27.02.2023 г.

Принята к публикации 02.03.2023 г.

Проведен анализ генетической структуры группировок выдры европейской части России (ЕЧР) и ее сравнение с известной по литературным данным генетической структурой выдры в Европе. Проанализированы данные на основе гаплотипов фрагмента контрольного региона мтДНК (255 пн), в том числе представленных в NCBI. Для выборки ($N = 75$) из европейской части России описано шесть гаплотипов мтДНК. 62.1% животных принадлежат общему европейскому гаплотипу, 17.6% – гаплотипу, отмеченному в Великобритании и Финляндии, остальные четыре гаплотипа описаны впервые. Гаплотипическое разнообразие для выборки по России и Закавказью составило $h = 0.56 \pm 0.054$, нуклеотидное разнообразие $\pi = 0.0016 \pm 0.002$. При увеличении длины фрагмента мтДНК до 820 пн у выдр из ЕЧР наблюдается увеличение как гаплотипического разнообразия h до 0.85 ± 0.03 , так и нуклеотидного $\pi = 0.002 \pm 0.001$, число гаплотипов увеличилось до 14. Географическое распределение гаплотипов не зависит ни от региона, ни от системы рек. Имеется как центральный гаплотип, распространенный по всей ЕЧР, так и второстепенные, объединяющие меньшее число регионов. Таким образом, генетическое разнообразие выдры ЕЧР выше, чем в Европе, при этом структура популяций повторяет общеевропейский паттерн, но с региональными особенностями.

Ключевые слова: *Lutra lutra*, митохондриальная ДНК, контрольный регион, генетическое разнообразие, европейская часть России.

DOI: 10.31857/S0016675823070111, **EDN:** QQMBRV

Речная выдра (*Lutra lutra* L., 1758) – один из широко распространенных палеарктических видов хищных млекопитающих. Это практически единственный вид семейства куньи, имеющий настолько обширный ареал, к тому же ведущий околотовидный образ жизни. Популяция выдры в Европе претерпевала ряд резких снижений численности, в особенности во второй половине XX в. Основными причинами были пушной промысел, охрана рыбных ферм, нарушение местобитаний (например, прокладка каналов, установка дамб, осушение заливных лугов и вырубка прибрежных лесов), а также загрязнение вод тяжёлыми металлами и удобрениями. Сейчас вид имеет охранный статус “близкий к уязвимому” (near threatened) (IUCN), а практически в каждой

из европейских стран находится под строгой охраной ввиду низкой численности. На территории России речная выдра распространена широко, однако ее численность всегда была невелика [1]. По данным Центрохотконтроля [2] численность выдры на 2019 г. составила 102.0 тыс. особей. Кавказский подвид выдры *L. l. meridionalis* внесен в Красную книгу Российской Федерации как редкий и малоизученный [3]. На территории России численность кавказского подвида оценивается приблизительно в 1000 особей [3], в Армении – 300 особей, в Азербайджане – 1200 особей [4].

Несмотря на широкий палеарктический ареал, генетическое разнообразие речной выдры было достаточно изучено только в ряде европейских стран [5–13] и на начальных этапах проведены

Таблица 1. Количество и происхождение используемых образцов выдры

Регион	Тип пробы	Объем выборки	Год сбора	Источник
Псковская обл.	Мышцы	8	2018–2019	Коллекция ИПЭЭ РАН, № 4948–4955
Тверская обл.	Мышцы	4	2018	Коллекция ИПЭЭ РАН, № 4956–4959
	Кости	6	1989–1995	Коллекция ЦЛГПБЗ, № 5.1.1, 5.4.1, 5.5.1, 5.11.1, 5.13.1, 5.17.1
	Экскременты	4	2020	Центрально-Лесной ГПБЗ
Калужская обл.	Экскременты	25	2018–2020	ГПЗ “Калужские засеки”
	Мышцы	1	2021	ГПЗ “Калужские засеки”, коллекция ИПЭЭ РАН, № 4960
Вологодская обл.	Кости	1	1990	Дарвиновский заповедник, коллекция ЦЛГПБЗ, № 3Д
Брянская обл.	Экскременты	3	2020	ГПБЗ “Брянский лес”
Архангельская обл.	Мышцы	4	2021	Коллекция ИПЭЭ РАН, № 4961–4964
	Кости	1	1950	ЗМ МГУ, № S-52031
Респ. Коми	Кости	5	1938–1948	ЗМ МГУ, № S-66726, S-48774, S-48783, S-48776, S-48751
Владимирская обл.	Кости	3	1965–2016	ЗМ МГУ, № S-200521, S-75381, S-75382
Пензенская обл.	Мышцы	1	2021	Коллекция ИПЭЭ РАН, № 4965
Респ. Карелия	Мышцы	1	2022	Коллекция ИПЭЭ РАН, № 4966
Воронежская обл.	Мышцы	1	2021	Коллекция ИПЭЭ РАН, № 4967
Респ. Северная Осетия	Кости	1	1921	ЗМ МГУ, № S-12960
	Экскременты	1	2022	Кавказский ГПБЗ
Армения	Мышцы	3	2022	Коллекция ИПЭЭ РАН, № 4968–4970
Азербайджан	Кости	1	—	ЗМ МГУ, № S-179914
Узбекистан	Мышцы	1	2022	Коллекция ИПЭЭ РАН, № 4971

исследования в Южной Корее [14]. В результате анализа контрольного региона мтДНК речной выдры для европейской популяции отмечается низкое генетическое разнообразие и “звездообразная” генетическая структура мтДНК. Это может свидетельствовать о прохождении вида через ряд бутылочных горлышек в связи с резким падением численности [11]. В европейских странах выявлено 15 гаплотипов данного фрагмента мтДНК [8, 10, 13, 15], из которых один является доминирующим для всей территории Европы. Для европейской части России подобных резких снижений численности зафиксировано не было, и в целом выдра попадала в фокус исследователей в основном как ценный пушной ресурс. Отсутствие резких снижений численности и умеренные квоты на добычу этого вида могут указывать на другую историю, а, следовательно, несколько иную генетическую структуру популяции выдры, чем для европейских стран.

В настоящей работе мы представляем первые результаты исследования генетической структуры популяции выдры для европейской части России (далее — ЕЧР), а также проводим сравнение с генетической структурой европейской популяции.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В исследовании были использованы 75 образцов различных тканей выдры (табл. 1). Образцы мышечной ткани были получены из коллекции кабинета методов молекулярной диагностики ИПЭЭ РАН. Костный материал из коллекций Зоологического музея МГУ и Краниологической лаборатории Центрально-Лесного заповедника был взят из нижней челюсти, а также ткани пульпы зуба. Образцы экскрементов были собраны на территории заповедников: ГПЗ “Калужские засеки”, ГПБЗ “Брянский лес”, Центрально-Лесной ГПБЗ, Кавказский ГПБЗ. При сборе проб экскрементов ориентировались на протокол, прописанный в “Мониторинге переднеазиатского леопарда...” [16].

Молекулярно-генетический анализ проводили в кабинете методов молекулярной диагностики ИПЭЭ РАН. Выделение ДНК проводили с использованием наборов QIAAmp Stool Mini Kit, QIAAmp Investigator kit, QIAAmp Blood & Tissue kit (Qiagen, США) по протоколам, указанным производителем. Были проанализированы последовательности левого участка контрольного региона мтДНК (D-петля, CR) 1) длиной 255 пар нуклеотидов (пн), 2) длиной 820 пн. Для этого использовали две пары праймеров: L1ucybl996/H16498 [11] (цикл ПЦР взят из оригинальной статьи) и разра-

Таблица 2. Распространенность гаплотипов контрольного региона мтДНК (255 пн) выдры в исследуемых выборках

Гаплотип	UK	IRL	ESP	CENT	SCA	RUS + CAU
Lut1	33	19	84	92	166	46
Lut2	0	1	0	1	0	0
Lut3	12	16	2	46	5	0
Lut4	2	0	0	0	1	13
Lut5	0	1	0	1	0	0
Lut6	24	0	6	0	0	0
Lut7	12	0	0	0	0	0
Lut8	0	1	0	0	0	0
Lut9	0	3	0	0	0	0
Lut10	0	3	0	0	0	0
Lut12	0	1	0	0	0	0
Lut11	0	4	0	0	0	0
Lut13	0	0	0	0	1	0
Lut14	0	0	0	0	9	0
Lut15	0	0	0	0	1	0
RU1*	0	0	0	0	0	12
RU2*	0	0	0	0	0	1
ARM1*	0	0	0	0	0	1
ARM2*	0	0	0	0	0	1
UZ1*	0	0	0	0	0	0

Примечание. UK – Великобритания, IRL – Ирландия, ESP – Испания, CENT – Центральная Европа (Нидерланды, Германия, Австрия), SCA – Северная Европа (Швеция, Финляндия), RUS + CAU – ЕЧР и Закавказье; * – новые гаплотипы.

ботанную пару праймеров: Lut4F TCACCATG-CCTCGAGAAACC, Lut4R TGTATACGTACGTG-CACGGG (цикл ПЦР: 94°C 2 мин, (94°C 40 с, 57°C 40 с, 72°C 40 с) – 40 циклов, 72°C 10 мин). ПЦР-смесь объемом 20 мкл включала в себя 4 мкл 5x-Mas^{DD}TaqMIX-2025 (Диалат Лтд, Россия), по 1.5 мкл прямого и обратного праймеров с концентрацией 5 пкМ, 1 ед. Hot Start Taq ДНК-полимеразы (SibEnzyme, Россия), 4 мкл выделенной ДНК и H₂O. Амплификацию проводили в MiniAmp Thermal Cycler (Applied Biosystems, США), контроль качества ПЦР-продукта проводили электрофорезом в 1.5%-ном агарозном геле.

Таблица 3. Распространенность гаплотипов контрольного региона мтДНК (255 и 820 пн) выдры в исследуемых выборках в европейской части России и в странах Закавказья

	PSK	TVR	BRN	KLG	VOR	VLD	PNZ	ARH	VOL	KOMI	KAR	CAU	Σ
255 пн	8	14	3	26	1	3	1	6	1	5	1	5	74
820 пн	8	14	3	19	1	0	1	5	1	2	1	4	59

Примечание. PSK – Псковская обл., TVR – Тверская обл., BRN – Брянская обл., KLG – Калужская обл., VOR – Воронежская обл., VLD – Владимирская обл., PNZ – Пензенская обл., ARH – Архангельская обл., VOL – Вологодская обл., KOMI – Республика Коми, KAR – Республика Карелия, CAU – Кавказ (Северная Осетия, Азербайджан, Армения).

ПЦР-продукты очищали переосаждением в спирте или набором Cleanup Mini (Евроген, Россия). Секвенирование проводили на автоматическом секваторе ABI 3130 (Applied Biosystems) с наборами Big-Dye Terminator kit v 3.1/1.1 (Applied Biosystems). Выравнивание и редактирование последовательностей проводили в программе BioEdit 7.05 [17]. Гаплотипическую сеть (Median-Joining Network) строили в программе PopART 1.7 [18]. Расчет нуклеотидного π и гаплотипического (h) разнообразия, молекулярный дисперсионный анализ (AMOVA) с эволюционной моделью Кимура-2-параметр (K2P) проводили в программе Arlequin 3.5 [19]. Сравнение проводили с гаплотипами мтДНК речной выдры, представленными в NCBI (№ AJ006174–AJ006178, EU294255–EU294258, AM982528, FJ971618–FJ971622, HQ113947, KC823048–KC823049).

Объединенную выборку из 621 образца по фрагменту контрольного региона мтДНК в 255 пн составили на основе гаплотипов, представленных в NCBI. Размер выборки для каждого гаплотипа и их распределение по странам составили на основе работ европейских исследователей [8, 10, 13]. Таким образом, получили шесть выборок: Ирландия ($n = 49$) [8], Великобритания ($n = 83$) [10], Испания ($n = 92$), Центральная Европа (Нидерланды, Германия, Австрия) ($n = 140$) [10], Северная Европа ($n = 183$) (Финляндия, Швеция) [13], ЕЧР и Закавказье ($n = 74$) (табл. 2). Образец из Узбекистана (подвид *L. l. seistanica*) использовали как внешнюю группу для укоренения медианной сети и в анализе он не участвовал.

Выборка для фрагмента контрольного региона мтДНК длиной 820 пн составила 59 образцов. Также мы разделили образцы из России и стран Закавказья согласно регионам происхождения (табл. 3).

РЕЗУЛЬТАТЫ

Для фрагмента 255 пн в популяции выдры европейской части России и стран Закавказья выявлено шесть гаплотипов мтДНК. Медианная сеть анализируемых гаплотипов (Median-Joining Network) [5, 6, 8, 10, 13, 15, 20] представлена на рис. 1. 46 образцов (62.1%) принадлежат общеевропейскому гаплотипу Lut1, 13 образцов (17.6%) принадлежат гаплотипу Lut4, остальные четыре

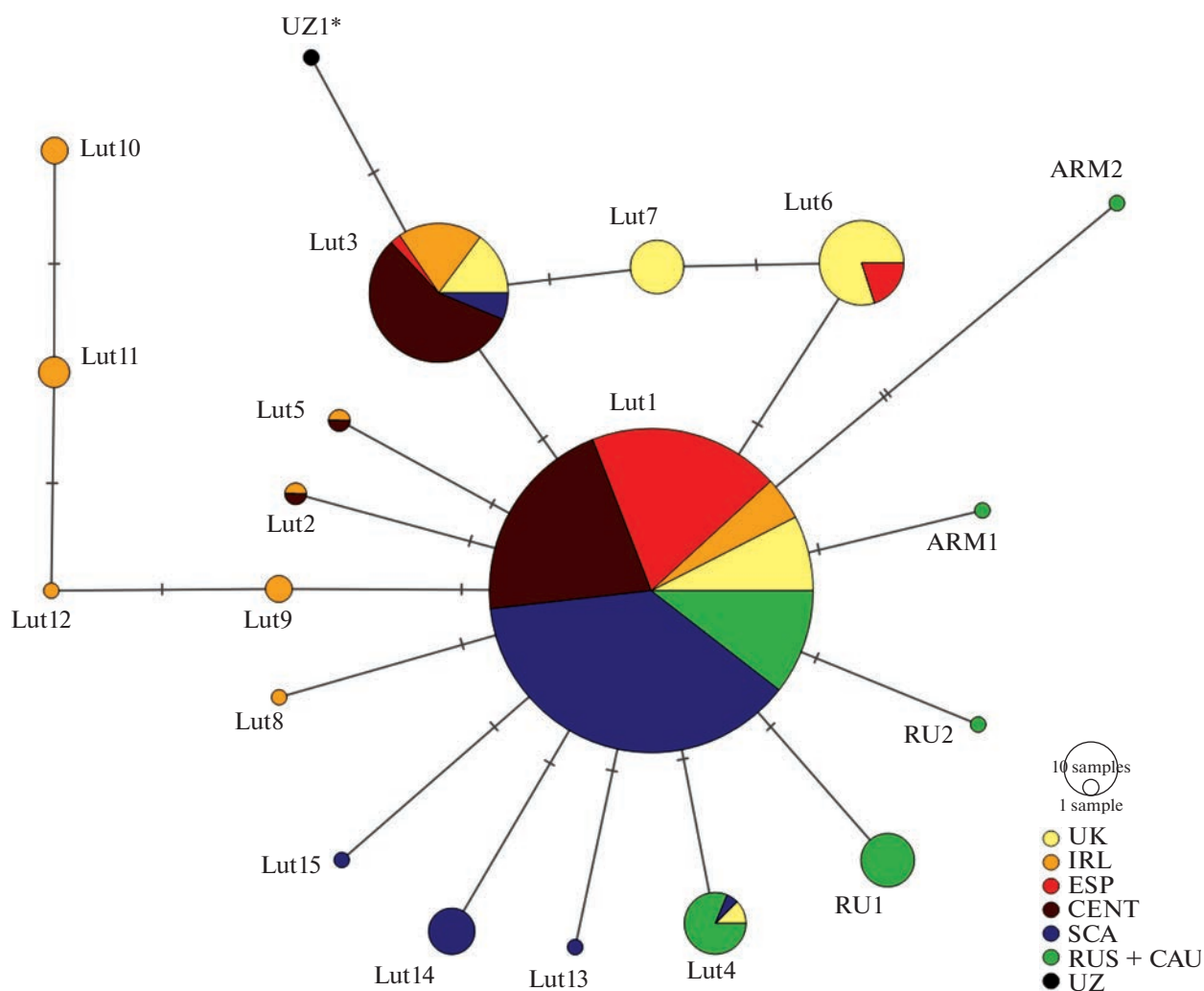


Рис. 1. Медианная сеть гаплотипов фрагмента в 255 пн контрольного региона мтДНК выдры. UK – Великобритания, IRL – Ирландия, ESP – Испания, CENT – Центральная Европа (Нидерланды, Германия, Австрия), SCA – Северная Европа (Швеция, Финляндия), RUS + CAU – ЕЧР и Закавказье, UZ – Узбекистан. Гаплотипы обозначены кругами, их размер пропорционален выборке. Вертикальные черточки отражают число мутаций между гаплотипами.

гаплотипа ранее не были описаны (RU1–4, NCBI № OQ059030–OQ059034). Гаплотип RU1 представлен в 12 образцах (16.2%), гаплотипы RU2, ARM1, ARM2 обнаружены в единичном экземпляре (по 1.3% соответственно). Обнаружено семь полиморфных сайтов: три транзиции, три трансверсии, один индель.

Гаплотипическое разнообразие для выборки по России и Закавказью (RUS + CAU) составило $h = 0.56 \pm 0.054$, нуклеотидное разнообразие $\pi = 0.0016 \pm 0.002$. Для объединенной с европейскими гаплотипами выборки гаплотипическое разнообразие $h = 0.48 \pm 0.024$, нуклеотидное разнообразие $\pi = 0.025 \pm 0.022$.

Значение генетической дистанции F_{st} варьирует в диапазоне 0.03–0.39 ($p < 0.05$). Наибольшие различия наблюдаются между исследуемой нами и британской выборками (0.30, $p < 0.05$), наименьшие –

между исследуемой нами и испанской (0.09, $p < 0.05$). Молекулярный дисперсионный анализ (AMOVA) показал, что различия между популяциями составили 21.67%, различия внутри популяций – 78.33% ($p < 0.05$).

Географическое распространение гаплотипов представлено на рис. 2. Несмотря на доминирование гаплотипа Lut1, в представленных группировках частоты остальных встречаемых гаплотипов различаются. Так, в группировке центральной Европы и Ирландии второй по встречаемости гаплотип это Lut3 (32.9 и 32.6% соответственно), а в Великобритании Lut6 (28.9%). М. Перес-Аро с соавт. [20] отметили, что особи с гаплотипами Lut3 и Lut6 в испанской группировке ведут свое происхождение из Франции и Великобритании соответственно. В скандинавской группировке доля гаплотипов Lut3 и Lut9 составляет 3 и 5% соответ-

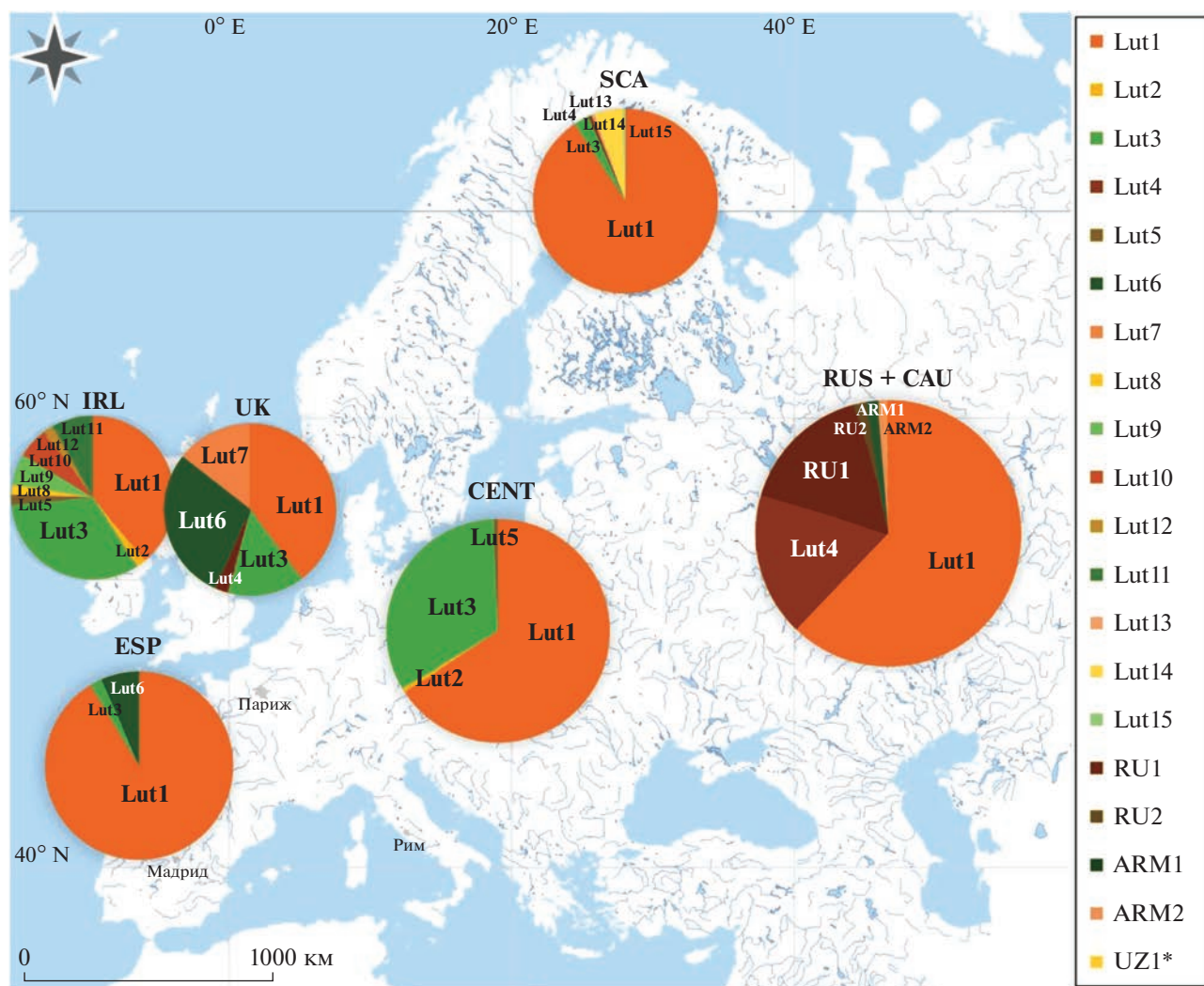


Рис. 2. Географическое распространение гаплотипов фрагмента контрольного региона (255 пн) мтДНК выдры.

ственно. В группировке ЕЧР гаплотипы Lut4 и RU1 встречаются в 19.6 и 16.6% образцов. При этом гаплотип Lut4 помимо России отмечен также в Великобритании и Финляндии [13].

Медианная сеть из шести гаплотипов фрагмента в 255 пн для 75 образцов из ЕЧР, стран Закавказья и Узбекистана представлена на рис. 3. Гаплотип Lut1 встречается в 9 из 12 представленных регионов (кроме Брянской, Пензенской и Воронежской областей, что, вероятно, связано с малым количеством образцов), гаплотип RU1 – в четырех регионах, гаплотип Lut4 – в двух. Для Калужской области отмечено три гаплотипа из шести. В Тверской области гаплотип RU1 встречается наравне с Lut1, практически в половине исследованных образцов (семь из 13). В Псковской области RU1 также присутствует (три из восьми). Два образца выдры из Армении образуют новые гаплотипы ARM1 и ARM2, отличающиеся от Lut1 на одну и две замены соответственно.

Единственный образец из Узбекистана (UZ1*) отличается от доминирующего Lut1 на две замены.

При увеличении длины анализируемого фрагмента до 820 пн медианная сеть разветвляется (рис. 4), в 60 образцах выделяется 14 гаплотипов (NCBI № OQ059035–OQ059049). Обнаружено 15 полиморфных сайтов: девять транзиций, три трансверсии, три инделя. Гаплотипическое разнообразие составило $h = 0.85 \pm 0.03$, нуклеотидное разнообразие $\pi = 0.002 \pm 0.001$. Так же, как и описано выше, выделяется доминирующий центральный гаплотип (820-4, 28.8% образцов), распространенный в семи регионах ЕЧР. Второстепенные гаплотипы объединяют меньшее количество регионов (820-2 и 820-13 по три региона, 820-5 – четыре региона). Десять гаплотипов уникальны и встречаются только в одном регионе. При этом географическое распределение данных гаплотипов не показывает зависимости ни от региона, ни от системы рек. Образцы из Армении представлены на

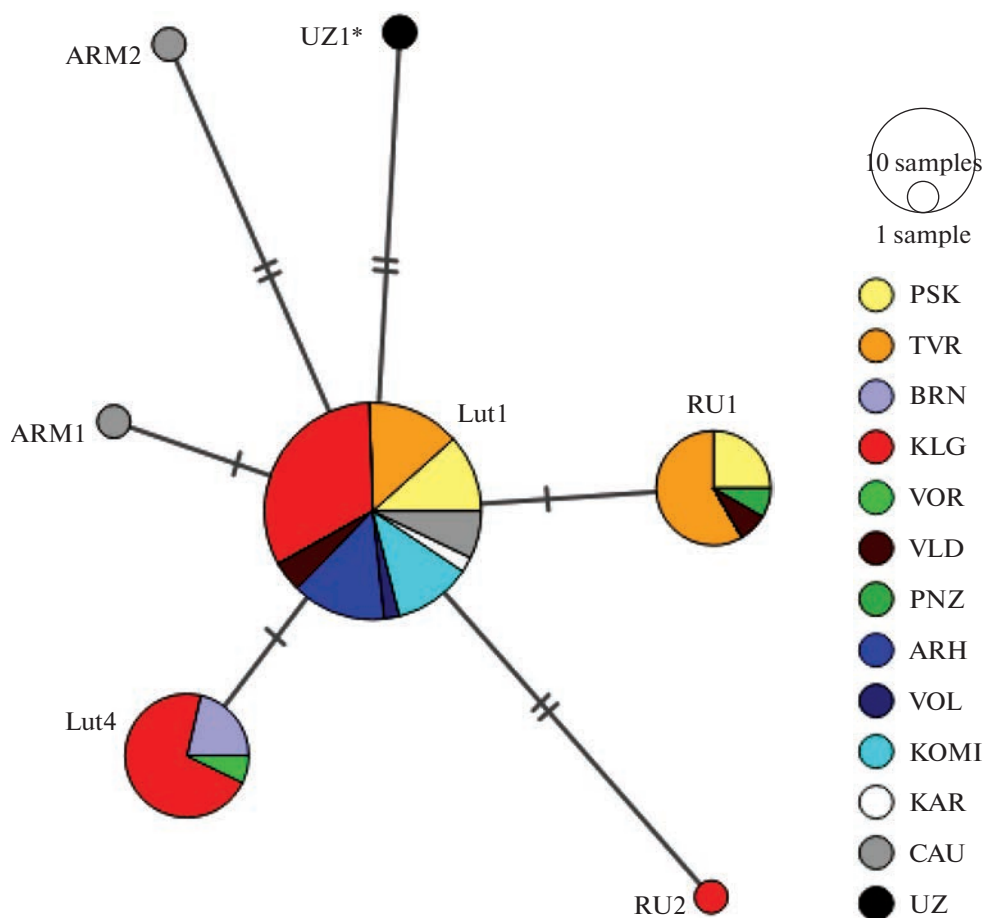


Рис. 3. Медианная сеть гаплотипов фрагмента в 255 пн контрольного региона мтДНК выдры в европейской части России, странах Закавказья, Узбекистане. Для рис. 3, 4: PSK — Псковская обл., TVR — Тверская обл., BRN — Брянская обл., KLG — Калужская обл., VOR — Воронежская обл., VLD — Владимирская обл., PNZ — Пензенская обл., ARH — Архангельская обл., VOL — Вологодская обл., KOMI — республика Коми, KAR — республика Карелия, CAU — Кавказ (респ. Северная Осетия, Азербайджан, Армения), UZ — Узбекистан. Гаплотипы обозначены кругами, их размер пропорционален выборке. Вертикальные черточки отражают число мутаций между гаплотипами.

медианной сети гаплотипами 820-11, 820-12, 820-13 и отличаются от 820-4 на 1–3 замены. Образец из Узбекистана (UZ1*) отличается от доминирующего на пять замен.

ОБСУЖДЕНИЕ

В соответствии с предыдущими исследованиями [6, 8, 10, 11, 13, 15, 20] для фрагмента контрольного региона в 255 пн гаплотип Lut1 является также доминирующим и для территории России. При этом он встречен также и у образцов из Армении и Азербайджана, что свидетельствует о его широком распространении и, как минимум, на территории Закавказья. Второстепенные гаплотипы схожим образом отличаются от основного на 1–2 замены. Таким образом, наблюдаемое звездообразное строение медианной сети не позволяет обозначить какие-либо четкие филогеографические паттерны, а указывает на прохождение вида на

данной территории через “бутылочное горлышко” [11] в позднеплейстоценовых рефугиумах [21] и, видимо, быстрое дальнейшее увеличение численности в раннем голоцене.

При этом следует отметить и наличие уникальных региональных гаплотипов. Так, гаплотип RU1 был встречен только для территории России, причем с большой долей от общей выборки (16.1%). Наравне с ним представлен и гаплотип Lut4, описанный прежде в Великобритании и Финляндии.

При увеличении длины фрагмента количество замен и разветвленность сети закономерно увеличиваются. Имеются как центральный гаплотип (820-4), распространенный по всей ЕЧР, так и второстепенные, объединяющие меньшее количество регионов (820-2, 820-4, 820-14). При этом не наблюдается территориальной зависимости в распространении гаплотипов от речных систем, как можно было бы предположить исходя из эко-

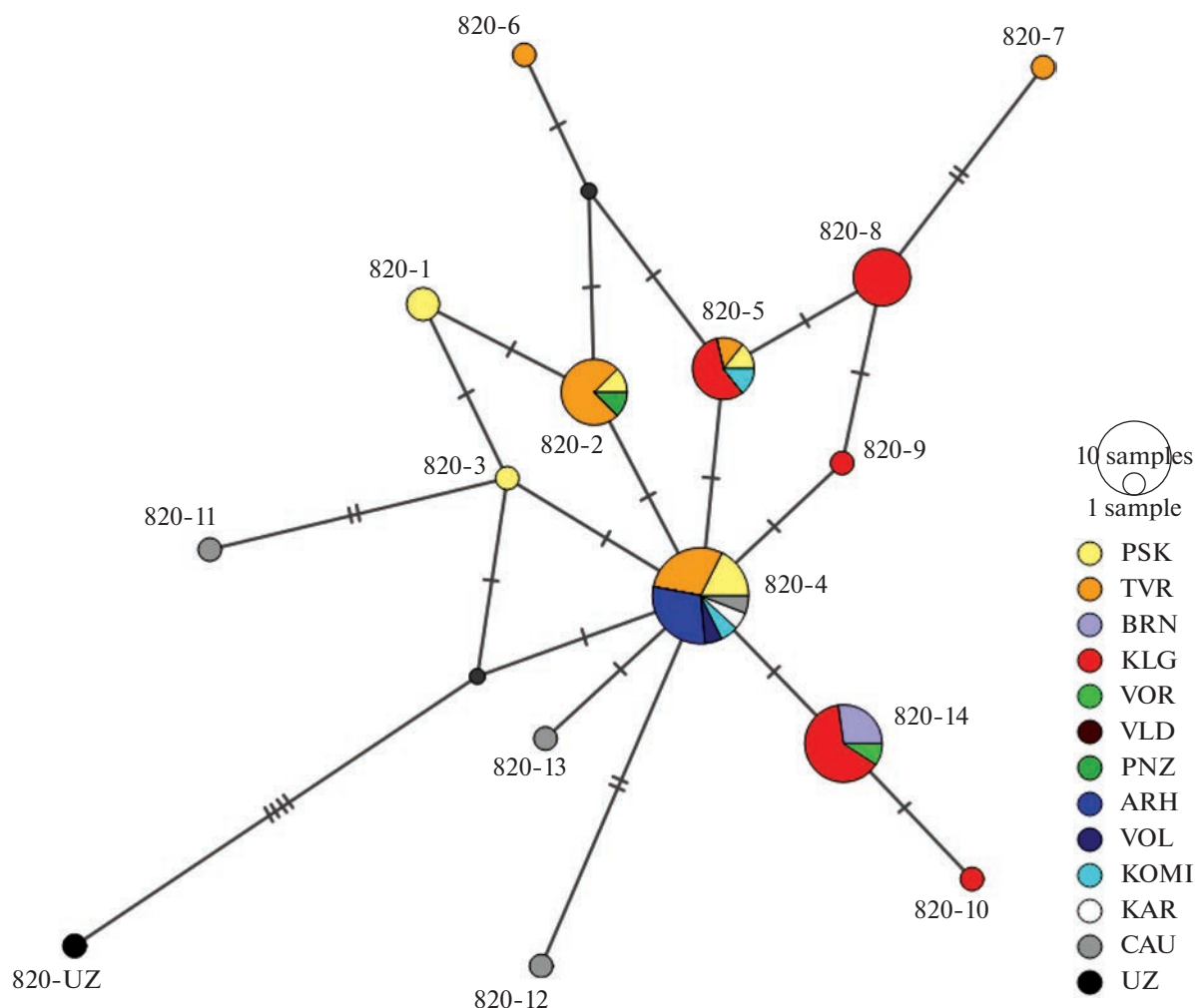


Рис. 4. Медианная сеть гаплотипов фрагмента в 820 пн контрольного региона мтДНК выдры в европейской части России, странах Закавказья, Узбекистане.

логии выдры, а именно наличия у них линейных индивидуальных участков. Так, гаплотип 820-2 представлен как в речной системе Волги, так и Дона, гаплотип 820-5 – в системах Волги, Северной Двины и Шелони, а гаплотип 820-14 – в системах Волги, Десны и Дона. Известно, что расселение молодых особей выдры может проходить на достаточно большие территории, при этом не обязательно вдоль водотоков [22]. К тому же отсутствие резкого снижения численности особей в восточной части Европы, как это было в середине XX в. в Западной Европе, позволило сохранить более высокое генетическое разнообразие особей.

Кавказские образцы, принадлежащие к подвиду *L. l. meridionalis* [23], включаются как в общий гаплотип Lut1 (а именно по одному из Северной Осетии, Азербайджана, Армении), так и образуют два новых гаплотипа из Армении. На более длинном фрагменте образец из Северной Осетии представлен доминирующим гаплотипом

820-4, а образцы из Армении отделяются. Таким образом, несмотря на то что некоторые различия от номинативного подвида присутствуют, они незначительны и полученные гаплотипы в отдельный кластер не выделяются. Схожие результаты получены и по морфологическим исследованиям [24]. Авторами отмечается низкое морфологическое разнообразие вида и слабые морфологические различия по краниометрическим и одонтологическим показателям между выдрами Европы и Кавказа (Северная Осетия, Грузия, Армения). Также авторами предполагается, что выдры с этих территорий относятся к номинативному подвиду *L. l. lutra*, и полученные нами результаты по изменчивости фрагмента контрольного региона мтДНК на данном этапе исследования такому предположению не противоречат.

Единственный образец из Узбекистана, принадлежащий к подвиду *L. l. seistanica*, по короткому фрагменту (255 пн) оказывается ближе всего

ко второму по распространенности в Европе гаплотипу Lut3, при этом на более длинном фрагменте (820 пн) занимает обособленное положение на медианной сети. Это может свидетельствовать о более сложной филогеографической структуре и, вероятно, большем генетическом разнообразии вида в Сибири и Средней Азии, чем это наблюдается для территории Европы, что не противоречит известным морфологическим и экстерьерным особенностям популяций *Lutra lutra*, населяющих территорию России [23].

Авторы благодарят за предоставленный материал для генетического анализа А.Д. Пояркова, В.В. Осипова, М.А. Грицыну, В.С. Лебедева, О.Г. Нанову, Е.Ф. Ситникову.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 23-24-00411).

Все применимые международные, национальные и/или институциональные принципы ухода и использования животных были соблюдены.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Гимранов Д.О., Косинцев П.А. Географическое распределение морфотипов зубов речной выдры (*Carnivora*, *Mustelidae*, *Lutra lutra* L., 1758) в Северной Евразии // ДАН. 2012. Т. 443. № 1. С. 130–139. <https://doi.org/10.1134/S0012496612020019>
2. <http://www.ohotcontrol.ru/resource/number/>
3. Красная книга Российской Федерации. Животные. 2-е изд. М.: ВНИИ Экологии, 2021. 1128 с.
4. Туманов И.Л. Редкие хищные млекопитающие России (мелкие и средние виды). СПб.: Бранко, 448 с.
5. Mucci N., Pertoldi C., Madsen A.B. et al. Extremely low mitochondrial DNA control region sequence variation in the otter *Lutra lutra* population of Denmark // Heredity. 1999. V. 130. № 3. P. 331–336.
6. Ferrando A., Ponsà M., Marmi J., Domingo-Roura X. Eurasian otters, *Lutra lutra*, have a dominant mtDNA haplotype from the Iberian Peninsula to Scandinavia // J. Heredity. 2004. V. 95. № 5. P. 430–435. <https://doi.org/10.1093/jhered/esh066>
7. Kalz B., Jewgenow K., Fickel J. Structure of an otter (*Lutra lutra*) population in Germany—results of DNA and hormone analyses from faecal samples // Mamm. Biol. 2006. V. 71. № 6. P. 321–335. <https://doi.org/10.1016/j.mambio.2006.02.010>
8. Finnegan L.A., Néill L.Ó. Mitochondrial DNA diversity of the Irish otter, *Lutra lutra*, population // Conserv. Gen. 2010. V. 11. № 4. P. 1573–1577. <https://doi.org/10.1007/s10592-009-9955-4>
9. Lanszki J., Hidas A., Szentes K. et al. Genetic structure of otter (*Lutra lutra*) populations from two fishpond systems in Hungary // Mamm. Biol. 2010. V. 75. № 5. P. 447–450. <https://doi.org/10.1016/j.mambio.2009.09.006>
10. Stanton D.W.G., Hobbs G.I., Chadwick E.A. et al. Mitochondrial genetic diversity and structure of the European otter (*Lutra lutra*) in Britain // Conserv. Gen. 2009. V. 10. № 3. P. 733–737. <https://doi.org/10.1007/s10592-008-9633-y>
11. Mucci N., Arrendal J., Ansorge H. et al. Genetic diversity and landscape genetic structure of otter (*Lutra lutra*) populations in Europe // Conserv. Gen. 2010. V. 11. № 2. P. 583–599. <https://doi.org/10.1007/s10592-010-0054-3>
12. Geboes A.L., Rosoux R., Lemarchand C. et al. Genetic diversity and population structure of the Eurasian otter (*Lutra lutra*) in France // Mamm. Res. 2016. V. 61. № 2. P. 121–129. <https://doi.org/10.1007/s13364-015-0258-5>
13. Honnen A.C., Roos A., Stjernberg T., Zachos F.E. Genetic analysis of Eurasian otters (*Lutra lutra*) reveals high admixture in Finland and pronounced differentiation in Sweden // Mamm. Biol. 2015. V. 80. № 1. P. 47–53. <https://doi.org/10.1016/j.mambio.2014.09.005>
14. Jo Y.S., Won C.M., Jung J. Testing microsatellite loci and preliminary genetic study for Eurasian otter in South Korea // J. Spec. Research. 2012. V. 1. № 2. P. 240–248. <https://doi.org/10.12651/JSR.2012.1.2.240>
15. Cassens I., Tiedeman R., Suchentrunk F., Hartle G.B. Brief communication. mitochondrial DNA variation in the European otter (*Lutra lutra*) and the use of spatial autocorrelation analysis in conservation // J. Hered. 2000. V. 91. № 1. P. 31–35. <https://doi.org/10.1093/jhered/91.1.31>
16. Рожнов В.В., Ячменникова А.А., Найдено С.В. и др. Мониторинг переднеазиатского леопарда и других крупных кошек. М.: Тов-во науч. изд. КМК, 2018. 121 с.
17. Bandelt H.J., Forster P., Röhl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies // Mol. Biol. Evol. 1999. V. 16. № 1. P. 37–48. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036>
18. Leigh J.W., Bryant D. PopART: Full-feature software for haplotype network construction // Methods Ecol. Evol. 2015. V. 6. № 9. P. 1110–1116. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12410>
19. Excoffier L., Lischer H.E.L. Arlequin suite ver. 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows // Mol. Ecol. Res. 2010. V. 10. P. 564–567.
20. Pérez-Haro M., Vinas J., Manas F. et al. Genetic variability in the complete mitochondrial control region of the Eurasian otter (*Lutra lutra*) in the Iberian Peninsula // Biol. J. Linnean Soc. 2005. V. 86. № 4. P. 397–403.
21. Sommer R., Benecke N. Late and post glacial history of the Mustelidae in Europe // Mamm. Rev. 2004. V. 34. № 4. P. 249–284.
22. Данилов П.И., Туманов И.Л. Куны Северо-Запада СССР. Л.: Наука, 1976. 256 с.
23. Гептнер В.Г., Наумов Н.П., Юргенсон П.Б. Млекопитающие СССР. Т. 2. Морские коровы и хищные. М.: Высш. шк., 1967. С. 553–584.
24. Барышников Г.Ф., Пузаченко А.Ю. Краниометрическая изменчивость речной выдры (*Lutra lutra*: *Carnivora*: *Mustelidae*) в Северной Евразии // Тр. ЗИН РАН. 2012. Т. 316. № 3. С. 203–222. <https://doi.org/10.31610/trudyzin/2012.316.3.203>

Mitochondrial Genetic Diversity of Eurasian Otter (*Lutra lutra*) from European Part of Russia and Transcaucasian Countries

N. A. Sokolova^{a, *}, N. P. Korablev^b, P. N. Korablev^c, J. A. Hernandez-Blanco^a, G. A. Kaloyan^d, A. A. Gyonjyan^d, A. H. Malkhasyan^e, and P. A. Sorokin^a

^aSevertsov Institute of Ecology and Evolution Russian Academy of Sciences, Moscow, 119071 Russia

^bPolistovsky National Nature Reserve, Pskov oblast, pos. Bezanitsy, 182840 Russia

^cCentral-Forest State Nature Biosphere Reserve, Tver oblast, pos. Zapovednyi, 172521 Russia

^dScientific Center of Zoology and Hydroecology of National Academy of Science of Republic Armenia, Yerevan, 0014 Armenia

^eWorld Wildlife Fund, Armenia Office, Yerevan, 0019 Armenia

*e-mail: nadezhdasklva@gmail.com

In this study we examined mitochondrial DNA diversity of Eurasian otter from European part of Russia and Transcaucasian countries and compared it with other European populations. We used a fragment of mtDNA control region (255 bp) and also included previously detected haplotypes from NCBI. Six haplotypes were found in 75 samples from European part of Russia and Transcaucasian countries. Lut1 was the most common haplotype (62.1% of samples), Lut4 was detected in 17.6% of samples, other 4 haplotypes were newly detected. Haplotype diversity for European part of Russia and Transcaucasian countries were $h = 0.56 \pm 0.054$, nucleotide diversity were $\pi = 0.0016 \pm 0.002$. When we elongated the fragment of mtDNA (820 bp), haplotype (0.85 ± 0.03) and nucleotide diversity ($\pi = 0.002 \pm 0.001$) were increased and 14 haplotypes were found. Geographic distribution of haplotypes depends neither on region, nor on river system. Central haplotype was detected throughout European part of Russia and Transcaucasian countries, as well as minor haplotypes, observed in lesser number of regions. Therefore, genetic diversity of Eurasian otters from European part of Russia and Transcaucasian countries is higher than in the rest of Europe. Besides, the population structure repeats European pattern with several regional features.

Keywords: *Lutra lutra*, mitochondrial DNA, control region, genetic diversity, European part of Russia.