

© О.Н. Жигилева,
И.М. Усламина

Тюменский государственный
университет

При симпатрическом обитании в Западной Сибири соболь и лесная куница имеют сходную гельминтофауну. Лесная куница заражена нематодами *Filaroides martis* и *Strongyloides martis* больше, чем соболь. Гибриды соболя и лесной куницы имели промежуточные показатели инвазии. Методом рестриционного анализа митохондриального гена цитохрома *b* было выявлено 9 комплексных гаплотипов куных. Животные из разных линий мтДНК статистически значимо различались по суммарной зараженности гельминтами. Животные с гаплотипом Z31, типичным для восточных подвидов соболя, были заражены гельминтами в 2 раза больше по сравнению с животными линий Z30 и Z5, характерных для местных популяций соболя и куницы соответственно. Животные с гаплотипом АК23, чаще встречающимся у гибридов, имели наименьшие показатели зараженности.

✿ **Ключевые слова:** соболь; *Martes zibellina*; лесная куница; *Martes martes*; гибриды; интрогрессивная гибридизация; митохондриальные линии; зараженность; гельминты; восприимчивость к инвазии.

ЗАРАЖЕННОСТЬ ГЕЛЬМИНТАМИ РАЗНЫХ МИТОХОНДРИАЛЬНЫХ ЛИНИЙ СОБОЛЯ *MARTES ZIBELLINA* И ЛЕСНОЙ КУНИЦЫ *M. MARTES*

В настоящее время анализ изменчивости митохондриальной ДНК (мтДНК) широко используется в области эволюционной и популяционной генетики животных. Использование этого подхода к анализу филетических связей куных позволило установить, что у соболя *Martes zibellina* (Linnaeus, 1758) существует три древние линии гаплотипов, которые обособились в плейстоцене [11]. В последующем они быстро распространились на большую территорию от Дальнего Востока до Фенноскандии [9]. На Северном Урале и в Западной Сибири на протяжении длительного исторического периода имела и имеет место гибридизация соболя с сестринским видом — лесной куницей *Martes martes* (Linnaeus, 1758), сопровождающаяся взаимной интрогрессией мтДНК [14, 18]. При гибридизации митохондриальный геном, наследующийся без рекомбинации, сохраняется из поколения в поколение как маркер гибридизации, имевшей место в прошлом.

В Западной Сибири в последние годы наблюдается рост численности соболя и расширение его ареала в более южные районы, где он был истреблен еще в XVIII в. Этот процесс сопровождается сокращением доли типичных и увеличением числа гибридных животных. Причины и последствия гибридизации не изучены и вызывают большой интерес исследователей. С одной стороны, гибридизация, особенно межвидовая, ведет к разрушению коадаптированных генных комплексов, в результате чего гибридные комбинации генов могут оказаться инадаптивными. С другой стороны, гибридные особи, имеющие гаплотип другого вида, могут иметь селективное преимущество на границе ареала своего вида [7]. Это преимущество может быть обусловлено в том числе и устойчивостью к паразитарной инвазии, поскольку паразиты, так же как и хозяева, могут быть представлены несколькими филетическими линиями, которые нередко коэволюционируют совместно с хозяевами [13].

Известно, что в Западной Сибири существует мощный очаг филяроидоза куных. В этом очаге у зараженных соболей в 2,5 раза сокращается средняя продолжительность жизни, в 1,5–2,8 раза возрастает уровень общей смертности, снижается плодовитость самок [12]. У инвазированных животных в бронхах развивается катаральный процесс, возникает очаговая эмфизема [4]. Филяроидоз может оказывать существенное влияние на выживаемость куных [2]. Устойчивость к паразитарной инвазии может служить фактором естественного отбора и обеспечивать селективное преимущество особей с определенными генотипами. В связи с этим интерес представляет сравнение зараженности гибридных особей с родительскими видами.

Цель исследования — изучение зараженности гельминтами разных митохондриальных линий соболя и лесной куницы в Западной Сибири.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Материалом для исследования служили тушки соболя и лесной куницы, добытые охотниками в ходе лицензионного промысла в зимний период 2009–2014 гг. в ряде районов Западной Сибири (рис. 1).

Всего было исследовано 166 особей, в том числе 100 соболей, 20 лесных куниц, а также 46 атипичных соболей и лесных куниц, которые представляют собой результат древней и современной интрогрессивной гибридизации.

Поступила в редакцию 01.03.2016
Принята к публикации 02.06.2016

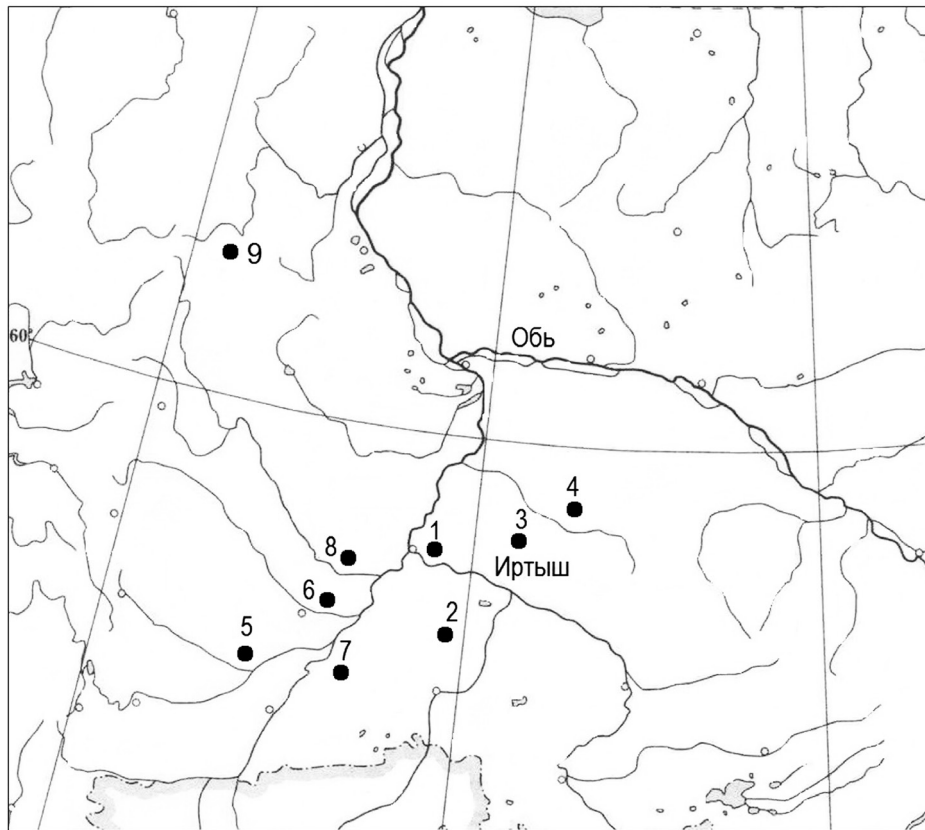


Рис. 1. Места сбора материала: 1 — Тобольский, 2 — Вагайский, 3 — Уватский, 4 — Нефтеюганский, 5 — Исетский, 6 — Тюменский, 7 — Ялуторовский, 8 — Нижнетавдинский, 9 — Советский районы Тюменской области

Fig. 1. Places of sample collection: 1 — Tobolsky, 2 — Vagaysky, 3 — Uvatsky, 4 — Nefteyugansky, 5 — Isetsky, 6 — Tyumensky, 7 — Yalutorovsky, 8 — Nizhnetavdinsky, 9 — Sovetsky areas of Tyumen Region

Идентификацию гибридов производили на основе дискриминантного анализа краниометрических признаков [1], а также генетическими методами [18, 19]. Все животные были половозрелые, от 2 лет и старше. Поскольку в исследованиях, проведенных ранее [6], не было выявлено статистически значимых различий в зараженности самок и самцов гельминтами, в данной работе при расчете показателей зараженности животных не дифференцировали по полу.

ДНК экстрагировали из сердечной мышечной ткани, фиксированной в 70 % этаноле, с использованием набора для выделения ДНК Diatom® DNA Prep100 (ООО «Лаборатория Изоген», г. Москва). Полиморфизм митохондриального гена цитохрома *b* изучали методом RFLP (от англ. Restriction Fragment Length Polymorphism), который основан на мутационных заменах в сайтах узнавания рестриктаз. Для рестрикционного анализа гена цитохрома *b* мтДНК использовали последовательности праймеров из работы [8] и эндонуклеазы *Hae*III, *Bst*NI, *Taq*I, *Rsa*I, имеющие сайты рестрикции в анализируемом участке митохондриального генома как соболя, так и лесной куницы [10]. ПЦР фрагмента гена цитохрома *b* мтДНК длиной 1300 п. н.

проводили в 20 мкл реакционной смеси, содержащей IQ supermix (Bio-Rad), 3 мкл тотальной ДНК и 2,5 мкл каждого из праймеров, на амплификаторе DNA Engine Dyad® и Chromo-4 (Bio-Rad) в следующем режиме: 94 °C — 5 мин; затем 33 цикла 94 °C — 1 мин, 51 °C — 1 мин, 72 °C — 1 мин 45 с; 72 °C — 2 мин. Электрофоретическое разделение рестрикционных фрагментов проводили в 2,5 % агарозном геле. Длины фрагментов определяли с помощью маркера молекулярных масс ДНК GeneRuler™ DNA Ladder mix (Fermentas, Литва).

Для определения зараженности гельминтами проводили вскрытие желудочно-кишечного тракта и легких с применением методик последовательного промывания и компрессирования. Видовая идентификация гельминтов осуществлялась с использованием определителя [3]. Рассчитывали показатели зараженности: экстенсивность инвазии (ЭИ) — доля зараженных животных по отношению к числу исследованных, %; интенсивность инвазии (ИИ) — количество гельминтов в одной зараженной особи; индекс обилия (ИО) — среднее количество паразитов на одну исследованную особь хозяина.

Для сравнения зараженности разных групп животных использовали статистические сравнения по *t*-критерию Стьюдента, а также *F*-критерий Фишера в рамках дисперсионного анализа (ANOVA) и регрессионный анализ. Валидность использования *t*-критерия и дисперсионного анализа подтверждена оценкой нормальности распределения и равенством дисперсий в сравниваемых группах. Дисперсионный анализ проводили как по отдельным видам гельминтов, так по суммарной зараженности нематодами в зависимости от гаплотипа, а также от принадлежности к виду (соболь, лесная куница) или группе гибридов. Регрессионный анализ проводили с использованием скорректированного коэффициента детерминации (*adjusted R*²) и бета-коэффициентов, показывающих вклад каждой из независимых переменных в предикцию, для факторов «гаплотип» и «вид/гибриды». Для статистической обработки данных использовали компьютерную программу Statistica 6.0 (1998).

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

В результате рестрикционного анализа мтДНК куных было выделено 9 комплексных гаплотипов (табл. 1). Гаплотипы Z28, Z30 и Z31 соответствуют линиям А, В и С в популяциях соболя Дальнего Востока [8]. В Западной Сибири помимо трех вышеописанных обнаружены также новые гаплотипы. Гаплотип Z5 соответствует комплексному гаплотипу СВAB, АК23 — комплексному гаплотипу ААСА, АК29 — ВВAB, АС27 — СВBB, UC1 — ААВА для последовательности рестриктаз *Hae*III, *Bst*NI, *Taq*I, *Rsa*I. Гаплотипы Z5, Z30 и АК23 являются общими для западносибирского подвида соболя и лесной куницы, хотя встреча-

ются у них с разной частотой. У соболя преобладают гаплотипы Z30 и Z31, у лесной куницы — АК29 и Z5, у кидуса — Z30 и АК23. Остальные гаплотипы встречались у единичных особей. Комплексный гаплотип UC1 характерен для соболя Северного Урала и не встречается ни в Западной, ни в Восточной Сибири. Гаплотип Z28 (А), широко распространенный в популяциях соболя Дальнего Востока и Восточной Сибири, в западносибирских популяциях куных встречается редко.

Сами по себе мутационные замены в гене митохондриального цитохрома *b* могут быть и нейтральны, но они маркируют разные линии гаплотипов и, следовательно, разные по происхождению группировки куных. У животных, длительное время обитающих на территории природных очагов, вырабатывается толерантность к местным паразитам. У пришлых животных такой толерантности нет. Учитывая разные ареалы становления видов соболя и лесной куницы, они должны быть приспособлены к разным видам гельминтов.

В результате гельминтологического исследования желудочно-кишечного тракта и легких соболя и лесной куницы было обнаружено 4 вида нематод. В кишечнике были обнаружены *Capillaria putorii* (Rudolphi, 1819) и *Strongyloides martis* (Petrov, 1940), в легких — *Crenosoma petrovi* (Morosov, 1939) и *Filaroides martis* (Werner, 1782). В зависимости от района исследования показатели зараженности животных нематодами варьировали в широких пределах: экстенсивность инвазии — от 14 до 95 %, интенсивность инвазии — от 9 до 306 на одно животное (табл. 2).

Как правило, у симпатрически обитающих видов куных гельминтофауна различается из-за особенностей их экологии и различий в спектре питания [15]. Видовой

Таблица 1

Частоты комплексных гаплотипов гена цитохрома *b* мтДНК у представителей рода *Martes* Frequencies of complex haplotypes of mtDNA cytochrome *b* gene in *Martes*

Линия	Комплексный гаплотип	Западная Сибирь			
		Урал соболь	лесная куница	кидус	соболь
Z28	AAAA	0	0	0	0,030
Z30	BBBB	0	0,1	0,326	0,619
Z31	BAVB	0	0	0,087	0,227
Z5	CVAB	0	0,35	0,196	0,031
AK23	AACA	0	0,1	0,326	0,052
AK29	VBAB	0	0,45	0,022	0
AK55	CVCB	0	0	0,043	0
UC1	AAVA	1,0	0	0	0
AC27	CVBB	0	0	0	0,041
Объем выборки		3	20	46	97

Таблица 2

Показатели зараженности нематодами куных из разных районов
Indices of nematode infestation of mustelids from different areas

Район	Исучено животных	Экстенсивность инвазии, %	Интенсивность инвазии (min – max)
Нефтеюганский	7	14,29	1–9
Уватский	67	70,15	3–276
Тобольский	21	85,71	11–248
Вагайский	6	33,33	1–26
Нижнетавдинский	13	84,62	3–205
Тюменский	19	94,74	2–306
Ялуторовский	12	83,33	4–56
Исетский	2	0	0

Таблица 3

Показатели зараженности гельминтами ($x_{cp} \pm SE$)
Indices of helminths infestation ($x_{cp} \pm SE$)

Вид гельминта	Локализация	Соболь		Лесная куница		Гибриды	
		ЭИ, %	ИО*	ЭИ, %	ИО*	ЭИ, %	ИО*
<i>C. putorii</i>	Кишечник	25,6 ± 4,36	1,59	30,8 ± 10,32	1,69	23,7 ± 6,26	2,37
<i>S. martis</i>		9,1 ± 2,87	1,18	42,8 ± 11,06**	8,29	25,0 ± 6,38	6,19
<i>C. petrovi</i>	Легкие	23,1 ± 4,21	4,08	38,5 ± 10,88	6,23	28,8 ± 6,67	5,66
<i>F. martis</i>		26,5 ± 4,41	2,36	53,3 ± 11,15***	2,41	34,8 ± 7,02	3,20

* — индекс обилия (ИО) легочных гельминтов указан в пересчете на 1 г легочной ткани, ** — статистически значимо по сравнению с соболем (p-value = 0,0002), *** — статистически значимо по сравнению с соболем (p-value = 0,0196)

состав гельминтов был одинаков у соболя и лесной куницы, что свидетельствует о значительном перекрытии их экологических ниш. Но лесная куница была заражена нематодами *F. martis* и *S. martis* статистически значимо больше, чем соболь (табл. 3). Более высокая зараженность нематодами куницы по сравнению с соболем может быть обусловлена различиями в биологии сравниваемых видов [5], а также ее преимущественным обитанием в более южных (подтаежных) районах, где зараженность нематодами выше [17]. Гибриды соболя и лесной куницы имели промежуточный уровень инвазии по сравнению с родительскими видами (табл. 3).

Мы сравнили зараженность нематодами животных с разными гаплотипами мтДНК. Редко встречающиеся гаплотипы (обнаруженные у единичных особей) были исключены из анализа. Однофакторный дисперсионный анализ показал статистически значимую зависимость суммарной зараженности нематодами от гаплотипа ($F = 2,90$, $p = 0,048$). По зараженности нематодами более инвазированными были куньи с гаплотипом Z31 (рис. 2). Суммарная зараженность гельминтами особей этой линии превышала зараженность особей линий Z30 и Z5 в 2 раза, а животных линии АК23 — в 4 раза (табл. 4).

Гаплотип Z31, обладатели которого характеризуются наибольшей восприимчивостью к нематодной инвазии, характерен для соболя, не встречается у лесной куницы, но с небольшой частотой обнаруживается у их гибридов.

Помимо западносибирского соболя этот гаплотип обнаружен также у баргузинского соболя [18]. Известно, что в XX в. восстановление численности западносибирских популяций соболя происходило за счет реинтродукции баргузинского подвида, наиболее ценного в пушном отношении. Возможно, гаплотип Z31 маркирует митохондриальные линии этих восточных соболей, а также

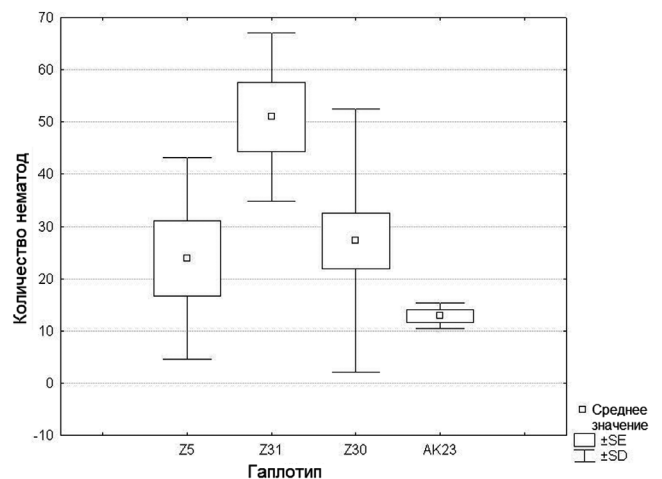


Рис. 2. Количество гельминтов у представителей р. *Martes* с разными гаплотипами митохондриального гена *Cyt b*

Fig. 2. The number of helminths in *Martes* sp. with different mitochondrial gene *Cyt b* haplotypes

Таблица 4

Среднее количество гельминтов у куных с разными гаплотипами мтДНК ($\bar{x} \pm SE$)
Average number of helminths in mustelids with different mtDNA haplotypes ($\bar{x}_{cp} \pm SE$)

Линия	<i>C. putorii</i>	<i>C. petrovi</i>	<i>F. martis</i>	Всего
Z5	6,43 ± 3,58	10,89 ± 2,80	6,36 ± 2,80	23,89 ± 7,27*
Z30	10,55 ± 3,54	20,12 ± 3,10	6,29 ± 1,22**	27,26 ± 5,37***
Z31	17,14 ± 5,13	19,73 ± 3,57	11,53 ± 2,03	51,0 ± 6,59
AK23	4,33 ± 1,15****	22,18 ± 12,80	2,95 ± 1,85*****	12,85 ± 1,22*****

Статистически значимо по сравнению с гаплотипом Z31 * ($p = 0,0198$), ** ($p = 0,033$), *** ($p = 0,039$), **** ($p = 0,045$), ***** ($p = 0,011$), ***** ($p = 0,001$)

линии, сформировавшиеся как результат их недавней интрогрессивной гибридизации с местным соболем. Высокая восприимчивость к инвазии животных этой линии могла бы объяснить небольшую частоту встречаемости этого гаплотипа в современных популяциях соболя Западной Сибири, а также тот факт, что, несмотря на завоз большого числа особей баргузинского подвида, не удалось сформировать местные популяции соболя с темной окраской меха.

Наименьшей восприимчивостью к нематодной инвазии обладают особи с гаплотипом AK23. Этот гаплотип встречается с небольшой частотой у лесной куницы (10 %) и соболя (5,2 %), но наиболее характерен для кидусов (32,6 %). Гаплотип AK23 (AACA) является производным от гаплотипа UC1 (AABA), характерного для соболя Урала, и Z28 (AAAA) — древней «соболиной» линии, наиболее распространенной в Восточной Сибири. Большое распространение этого гаплотипа среди куных, а также связь с древними гаплотипами указывают на древность этой митохондриальной линии и давность самого факта интрогрессивной гибридизации.

Множественный регрессионный анализ зараженности гельминтами от гаплотипа и видовой принадлежности показал большой вклад второго фактора — принадлежности к виду или гибридной группе. Бета-коэффициент для фактора «гаплотип» составил 0,15, для фактора «вид/гибрид» — 0,36. Статистически значимые значения получены только для суммарной зараженности нематодами ($\text{adjusted } R^2 = 0,109$, $p = 0,047$).

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Различия в зараженности нематодами животных с разными гаплотипами мтДНК свидетельствуют о том, что разные филоэтические линии куных обладают разной степенью восприимчивости к нематодной инвазии. Лесная куница заражена нематодами сильнее, чем соболь, а гибриды имеют промежуточные показатели инвазии.

БЛАГОДАРНОСТИ

Работа выполнена при поддержке ФЦП «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» на 2009–2013 гг. (Госконтракт № П712). Выражаем признательность С.В. Петровицовой (Отдел регулирования использования объектов животного мира Управления по охране, контролю и регулированию использования объектов животного мира и среды их обитания Тюменской области), Д.В. Андриенко и И.Б. Чебоксаровой (Тюменский госуниверситет) за содействие в сборе и обработке материала. Конфликт интересов отсутствует.

ЛИТЕРАТУРА

1. Гашев С.Н., Агешин Н.Н. К вопросу о дифференциации представителей рода *Martes* Тюменской области // Вестник Тюменского государственного университета. — 2003. — № 2. — С. 15–21. [Gashev SN, Ageshin NN. K voprosu o differentsiatsii predstaviteley roda *Martes* Tyumenskoy oblasti. *Vestnik Tyumenskogo gosudarstvennogo universiteta*. 2003;2:15-21. (In Russ).]
2. Граков Н.Н. Филяридоз и скрябингилез лесной куницы и их влияние на состояние популяции этого вида // Труды ВНИИ животного сырья и пушнины. — 1962. — Т. 19. — С. 298–314. [Grakov NN. Filaroidos i skryabingilos lesnoy kunitsi i ikh vliyanie na sostoyanie populatsii etogo vida. *Trudy VNII zhivotnogo syrja i pushniny*. 1962;19:298-314. (In Russ).]
3. Козлов Д.П. Определитель гельминтов хищных млекопитающих СССР. — М.: Наука, 1977. — 274 с. [Kozlov DP. *Opredelitel' gel'mintov hishkhnyh mlekopitajushhih SSSR*. M.: Nauka; 1977. (In Russ).]
4. Контримавичус В.Л. Гельминтофауна куных и пути ее формирования. — М.: Наука, 1969. — 386 с. [Kontrimavichus VL. *Gel'mintofauna kun'ih i puti ee formirovaniya*. M.: Nauka; 1969. (In Russ).]
5. Павлинин В.Н. Отношения между близкими видами млекопитающих в районах соприкосновения их ареа-

- лов (на примере отношений куницы и соболя на Урале): Автореф. дис. ... д-ра биол. наук. — Свердловск, 1964. — 42 с. [Pavlinin VN. Otnoshenia mezhdublizkimi vidami mlekoripitajushih v raionah soprikosnovenia ih arealov (na primere otnoshenij kunitsy i sobolja na Urale [dissertation]. Sverdlovsk; 1964. (In Russ).]
6. Усламина И.М., Жигилева О.Н. Морфология и экологические особенности соболя *Martes zibellina*, обитающего на территории Тюменской области // Фундаментальные и прикладные аспекты современной биологии: материалы II Всероссийской молодежной научной конференции, Томск, 24–26 ноября 2015 г. — Томск: Издательский дом Томского государственного университета, 2015. — С. 120–122. [Uslamina IM, Zhigileva ON. Morphologia and ekologicheskie osobennosti sobolja *Martes zibellina*, obitajusthego na territorii Tyumenskoy oblasti. In: D.S. Vorob'ev, editor. Fundamentalnye i prikladnye aspekty sovremennoi biologii [conference proceeding]. Tomsk; 2015:120-122. (In Russ).]
 7. Abramson NI, Rodchenkova EN, Kostygov AY. Genetic variation and phylogeography of the bank vole (*Clethrionomys glareolus*, Arvicolinae, Rodentia) in Russia with special reference to the introgression of the mtDNA of a closely related species, red-backed vole (*Cl. rutilus*). *Rus J Genet.* 2009;45(5):533-545. doi: 10.1134/S1022795409050044.
 8. Balmysheva NP, Solovenchuk LL. Genetic variation of the mitochondrial DNA gene encoding cytochrome *b* in the Magadan population of sable *Martes zibellina* L. *Rus J Genet.* 1999;35(9):1077-1081.
 9. Davison A, Birks JDS, Brookes RC, et al. Mitochondrial phylogeography and population history of pine martens *Martes martes* compared with polecats *Mustela putorius*. *Mol Ecol.* 2001;10(10):2479-2488. doi: 10.1046/j.1365-294X.2001.01381.x.
 10. Koeplli KP, Deere KA, Slater GJ, et al. Multigene phylogeny of the Mustelidae: resolving relationships, tempo and biogeographic history of a mammalian adaptive radiation. *BMC Biol.* 2008;6(10):1-22. doi: 10.1186/1741-7007-6-10.
 11. Malyarchuk B, Derenko M, Denisova G. A mitogenomic phylogeny and genetic history of sable (*Martes zibellina*). *Gene.* 2014;550(1):56-67. doi: 10.1016/j.gene.2014.08.015.
 12. Monakhov VG. The ecological structure of sable populations in the nidus of filaroides invasion. *Rus J Ecol.* 1999;30(6):420-427.
 13. Nieberding CM, Olivieri I. Parasites: proxies for host genealogy and ecology. *Trends in Ecology and Evolution.* 2007;22(3):156-165. doi: 10.1016/j.tree.2006.11.012.
 14. Rozhnov VV, Meschersky IG, Pishchulina SL, Simakin LV. Genetic analysis of sable (*Martes zibellina*) and pine marten (*M. martes*) populations in sympatric part of distribution area in the Northern Urals. *Rus J Genet.* 2010;46(4):488-492. doi: 10.1134/S1022795410040150.
 15. Sidorovich V, Anisimova EIE. Comparative analysis of the helminthocenoses of the native semiaquatic mustelids (*Lutra lutra*, *Mustela lutreola*) in connection with the width of food spectra. *IUCN Otter Spec Group Bull.* 1999;16(2):76-78.
 16. Statistica for Windows (Computer program manual). Tulsa, OK: StatSoft, Inc., 1998.
 17. Zhigileva ON, Cheboksarova IB. Nematode infestation of sable and pine marten in Western Siberia. In: Seryodkin IV, Miquelle DG, editors. Diseases and parasites of wildlife in Siberia and the Russian Far East. Vladivostok: Dalnauka; 2012. P. 194-198.
 18. Zhigileva ON, Kashtanov SN, Golovacheva IM. Genetic markers for studying current distribution area and population structure of the sable *Martes zibellina* L. *Achievements in the Life Sciences.* 2014 a;8(1):10-15. doi: 10.1016/j.als.2014.06.004.
 19. Zhigileva ON, Politov DV, Golovacheva IM, Petrovicheva SV. Genetic variability of sable *Martes zibellina* L., pine marten *M. martes* L. and their hybrids in West Siberia: polymorphism of proteins and DNA. *Rus J Genet.* 2014b;50(5):508-517. doi: 10.1134/S1022795414050135.

HELMINTHS INFESTATION OF VARIOUS MITOCHONDRIAL LINES OF THE SABLE *MARTES ZIBELLINA* AND THE PINE MARTEN *M. MARTES*

O.N. Zhigileva, I.M. Uslamina

For citation: Ecological genetics. 2016;14(2):43-49

✿ **SUMMARY: Background.** There is an extensive area of introgressive hybridization of the sable and the pine marten in Western Siberia. MtDNA haplotypes mark different phyletic lines of mustelids and can be used to identify their hybrids. Natural focus of filaroidosis, nematodes pathogenic to martens, is situated in Western Siberia. We hypothesized that groups of mustelids different in origin have different susceptibility to nematode infestation. **Materials and methods.** Animals were caught according to the hunting license in 2009-2014, in 9 localities of Western Siberia. A total of 166 individuals, including 100 sables, 20 pine martens and 46 their hybrids (kidus) were investigated using the method of dissection of the gastrointestinal tract and lungs. Polymorphism of the mitochondrial cytochrome *b* gene was studied by the method of RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism). **Results.** Four species of parasitic nematodes *Crenosoma petrovi*, *Filaroides martis*, *Capillaria putorii*, *Strongyloides martis* were found in martens in Western Siberia. The pine marten was infected by *F. martes* and *S. martis* more than the sable ($p < 0.05$). Hybrids had intermediate levels of nematode infestation. 9 complex haplotypes of mtDNA were identified. Haplotype Z30 prevailed in the sable, AK29 and Z5 – in the pine marten, Z30 and AK23 – in hybrids. Animals

from different lines of mtDNA differed significantly by helminths infestation. Animals with a haplotype Z31, typical of the eastern subspecies of sable, were infected with helminths in 2 times more than the animals from Z5 and Z30 lines, typical of the local populations. Animals with a haplotype AK23 have the lowest rate of infections by helminths.

Conclusion. Differences in nematode infestation of animals with dif-

ferent mtDNA haplotypes indicates that different phyletic lines of the sable, the pine marten, and their hybrids have varying degrees of susceptibility to nematode infestations.

✿ **KEYWORDS:** sable; *Martes zibellina*; pine marten; *Martes martes*; hybrids; introgressive hybridization; mitochondrial lines; infestation; nematodes; genetic susceptibility.

✿ Информация об авторах

Оксана Николаевна Жигилева — канд. биол. наук, кафедра экологии и генетики. ФГБОУ ВПО «Тюменский государственный университет». E-mail: zhigileva@mail.ru.

Инна Михайловна Усламина — аспирант, кафедра экологии и генетики. ФГБОУ ВПО «Тюменский государственный университет». E-mail: inna_golovacheva@mail.ru.

✿ Information about the authors

Oxana N. Zhigileva — associate professor, Ph.D, Department of Ecology and Genetics. Tyumen State University. E-mail: zhigileva@mail.ru.

Inna M. Uslamina — postgraduate, Department of Ecology and Genetics. Tyumen State University. E-mail: inna_golovacheva@mail.ru.