

УДК 598.279.23:575.2(470.4)

DOI: 10.21685/2307-9150-2017-3-1

М. В. Корепов, С. А. Стрюков, Д. А. Корепова, М. Д. Симаков,
Д. К. Макаров, А. В. Мищенко, С. В. Титов

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ И ПОЛИМОРФИЗМ ПОВОЛЖСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ ОРЛА-МОГИЛЬНИКА (*AQUILA HELIACA*, FALCONIFORMES, ACCIPITRIDAE) ПО ДАННЫМ АНАЛИЗА МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК¹

Аннотация.

Актуальность и цели. Орел-могильник (*Aquila heliaca*) – редкий вид, занесенный в Красную книгу России (вид с сокращающейся численностью) (2001) и Красный список МСОП (уязвимый вид). В XXI в. произошло значительное увеличение доли гнездовых участков орлов-могильников с ранее нехарактерным для поволжской популяции способом гнездования. Цель проведенных исследований – анализ генетической дифференциации и полиморфизма поволжской популяции орлов-могильников.

Материалы и методы. Исследованы 25 образцов фрагмента митохондриальной ДНК (D-loop, 345 пн) орлов-могильников (*Aquila heliaca*) с территории семи районов Ульяновской области. Для выделения ДНК использовали перья взрослых птиц. Секвенирование фрагментов Д-петли проводили с использованием набора реактивов для секвенирования ДНК BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit в генетическом анализаторе ABI PRISM 3500 (Applied Biosystems). Анализ гаплотипического и нуклеотидного разнообразия фрагментов мтДНК проведен в программе DnaSP 4.10. С целью выявления мутационной связи и истории происхождения гаплотипов были построены медианные сети с использованием пакета программ NetWork 5.0.0.0.

Результаты. Выявлено восемь гаплотипов, в том числе четыре ранее неизвестных для данного вида. Отмечена низкая генетическая дифференциация как между географическими (0,4–0,7 %), так и битопическими гнездовыми группировками (0,5 %). Максимальное генетическое разнообразие выявлено в Засызранской лесостепи (Богдановский заказник), где сосредоточена крупнейшая в Поволжье гнездовая группировка орлов-могильников. В целом орлы, населяющие Ульяновскую область, относятся к одной полиморфной популяции, особи которой характеризуются высокой экологической пластичностью в выборе мест гнездования.

Выводы. Результаты проведенных исследований показывают, что использование митохондриальных маркеров при изучении генетической структуры

¹ Исследования проведены при поддержке Министерства образования и науки РФ в рамках базовой части государственного задания ФГБОУ ВО «Ульяновский государственный педагогический университет им. И. Н. Ульянова» на 2014–2015 годы (проект № 2607) и в рамках базовой части государственного задания ФГБОУ ВО «Пензенский государственный университет» на 2017–2019 годы (проект № 6.7174.2017/8.9).

ареалов птиц вполне эффективно. Поволжская популяция орла-могильника имеет ряд специфических генетических признаков. Увеличение численности орлов-могильников в регионе происходит в результате адаптации аборигенной поволжской популяции к разнообразным условиям обитания и нетипичным условиям гнездования. Поволжская популяция орла-могильника характеризуется высоким уровнем генетического разнообразия и низкой степенью генетической дифференциации.

Ключевые слова: орел-могильник, *Aquila heliaca*, поволжская популяция, генетическая дифференциация и полиморфизм, митохондриальная ДНК.

M. V. Korepov, S. A. Stryukov, D. A. Korepova, M. D. Simakov,
D. K. Makarov, A. V. Mishchenko, S. V. Titov

GENETIC DIFFERENTIATION AND POLYMORPHISM OF THE VOLGA POPULATION OF THE IMPERIAL EAGLE (*AQUILA HELIACA*, FALCONIFORMES, ACCIPITRIDAE) ACCORDING TO A MITOCHONDRIAL DNA ANALYSIS

Abstract.

Background. The imperial eagle (*Aquila heliaca*) is a rare species listed in the Red book of Russia (the species with decreasing population) (2001) and the IUCN Red list (vulnerable). In the twenty-first century there has been a significant increase in the proportion of breeding territories of imperial eagles with a previously indistinctive way of nesting for the Volga Region population. The goal of the study is to analyze genetic differentiation and polymorphism of the Volga Region population of imperial eagles.

Materials and methods. Collected from 7 areas of Ulyanovsk region, 25 samples of the imperial eagle's (*Aquila heliaca*) mitochondrial DNA fragment (D-loop, 345 bp) were investigated. The DNA was extracted from the adult birds' feathers. The D-loop fragments were sequenced using a set of reagents for DNA sequencing BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit in a genetic analyzer ABI PRISM 3500 (Applied Biosystems). The haplotype and nucleotide diversity of the mtDNA fragments was analyzed in the program DnaSP 4.10. Pursuing the goal of identifying the haplotypes' origin and mutational bonds the researchers constructed median networks using the software package NetWork 5.0.0.0.

Results. 8 haplotypes were identified, including four unknown for this species. There is a low degree of genetic differentiation between the geographic nesting groups (0,4–0,7 %) and between the biotopic groups (0,5 %). The maximum genetic diversity was found in Syzran steppe (Bogdanovsky Reserve) – the location of the largest nesting group of imperial eagles in Volga region. Imperial eagles of Ulyanovsk region belong to the same polymorphic population, with its high ecological flexibility regarding selection of nesting sites.

Conclusions. The research results show that the application of mitochondrial markers in studying of genetic structures of birds' habitats is quite efficient. The Volga Region population of the Eastern Imperial eagle has a number of specific genetic traits. Increased numbers of imperial eagles in the region is the result of adaptation of the indigenous Volga region population to a variety of habitats and unusual nesting conditions. The Volga Region population of imperial eagles is characterized by a high level of genetic diversity and a low degree of genetic differentiation.

Key words: Imperial eagle, *Aquila heliaca*, Volga Region population, genetic differentiation and polymorphism, mtDNA.

Орел-могильник (*Aquila heliaca* (Savigny 1809)) – редкий вид, занесенный в Красную книгу России (категория 2 – вид с сокращающейся численностью) (2001) и Красный список МСОП (уязвимый вид). Имеет палеарктическое распространение в пустынных, степных и лесостепных ландшафтах от Словакии на западе до Забайкалья на востоке. В пределах Европейской России выделяют несколько географических популяций, которые отличаются географическим распространением, численностью и ее динамикой, а также особенностями биотопической приуроченности: днепро-донская, прикаспийская, поволжская и южноуральская [1]. Птицы, населяющие Ульяновскую область, относятся к поволжской популяции вида, локализованной в бассейне Средней Волги у северной границы ареала вида и характеризующейся рядом экологических особенностей: предпочтением типичных лесостепных ландшафтов и гнездованием по возвышенным элементам рельефа, как правило, в предвершинных развилках старовозрастных сосен [2, 3]. В настоящее время в пределах Ульяновской области численность вида оценивается в 110–120 пар, отмечается тенденция постепенного ее увеличения. В ходе многолетних исследований (2010–2015) по созданию кадастра гнездовых участков орлов-могильников в регионе выявлено 106 гнездовых территорий, на которых обнаружены гнездовые постройки птиц. Данные исследования показали, что в XXI в. произошло значительное увеличение доли гнездовых участков орлов-могильников с ранее нехарактерным для поволжской популяции способом гнездования – в пониженных элементах рельефа и агроландшафтах, как правило, в развилке ствола в средней части кроны лиственных деревьев. Такой стереотип гнездования характерен для расположенной южнее прикаспийской популяции вида и в конце XX в. в Ульяновской области отмечался очень редко [4]. В настоящее время 34 % всех гнездящихся в Ульяновской области орлов-могильников имеют «прикаспийский» тип гнездования. В Правобережье значения этого показателя ниже среднего по региону – 23 %, а в Поволжье выше – 56 % [5]. Являются ли изменения биотопической приуроченности орлов, населяющих Среднее Поволжье, результатом адаптации птиц поволжской популяции или следствием заселения региона птицами южных популяций, для которых такой стереотип гнездования характерен, остается невыясненным. Внешние морфологические отличия птиц, использующих «поволжский» и «прикаспийский» типы гнездования, отсутствуют.

Цель проведенных исследований – анализ генетической дифференциации и полиморфизма поволжской популяции орлов-могильников, а также выявление наличия или отсутствия связи уровня генетической изменчивости птиц с их распространением и биотопической приуроченностью.

В ходе исследований генетической структуры поволжской популяции орлов-могильников особое внимание было уделено крупнейшей в Среднем Поволжье гнездовой группировке вида, населяющей Засызранскую лесостепь в междуречье Сызранки и Терешки (Богдановский заказник). Данная группировка орлов является наиболее типичной и многочисленной в изучаемом регионе, что позволяет считать ее «ядром» поволжской популяции вида.

Материалы и методы

Материал для генетических исследований собран в 2014 г. в гнездовой период неинвазивными методами с территории семи районов Ульяновской

области (Старомайский, Чердаклинский, Мелекесский, Новомалыклинский, Барышский, Кузоватовский и Радищевский). Для выделения ДНК использовали длинные перья взрослых птиц, преимущественно маховые и рулевые, собранные под жилыми гнездами орлов, а также пульпу перьев птенцов и кровь птиц, содержащихся в неволе. Всего собрано 60 образцов (54 длинных пера, 4 пульпы пера с птенцов и 2 образца крови вольерных птиц), из которых удалось выделить ДНК. В дальнейшем для анализа были отобраны 25 образцов ДНК из трех основных гнездовых группировок вида, населяющих Засызранскую лесостепь ($n = 12$), Заволжье ($n = 8$) и центральную часть Правобережья Ульяновской области ($n = 4$). Из них 17 образцов принадлежит птицам с типичным для поволжской популяции стереотипом гнездования и 8 – птицам с нехарактерным для региона способом гнездования (рис. 1).

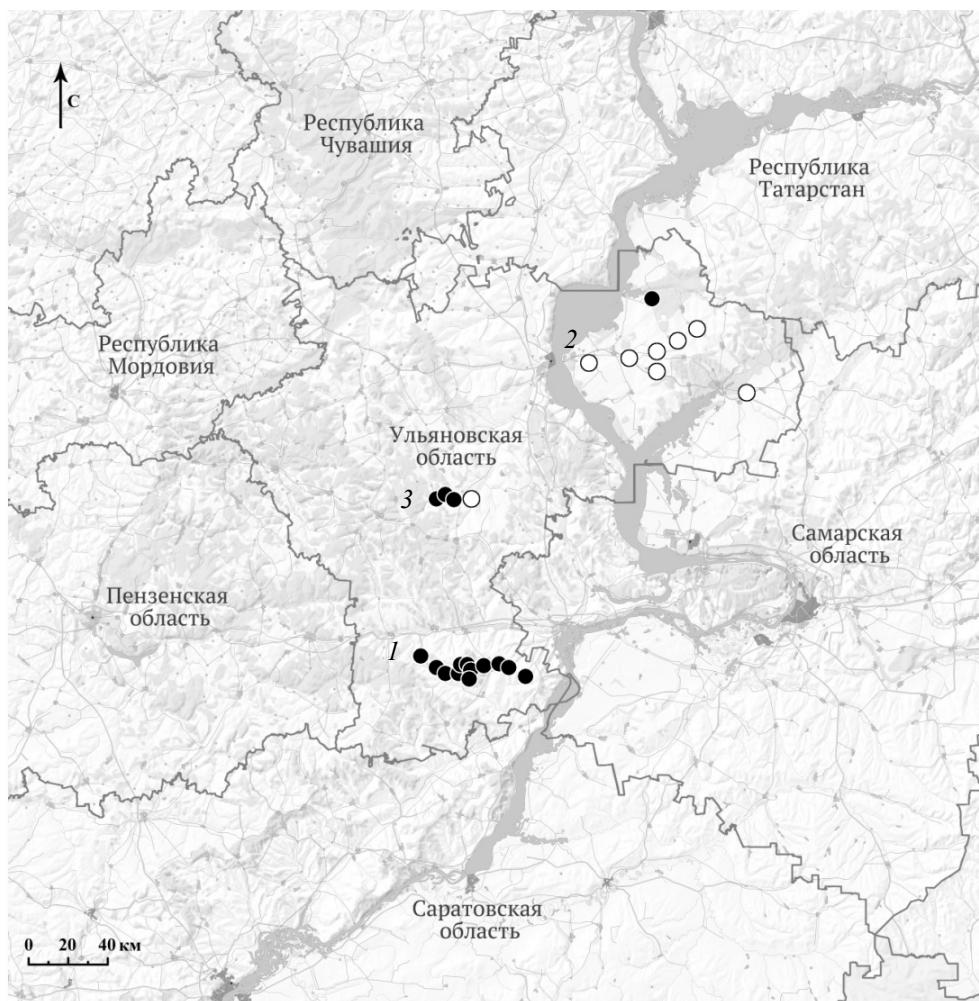


Рис. 1. Места сбора проб для генетического анализа поволжской популяции орла-могильника. Условные обозначения: черные пунсоны – места сбора проб с «поволжским» типом гнездования, белые пунсоны – места сбора проб с «прикаспийским» типом гнездования; 1 – Засызранская гнездовая группировка, 2 – Заволжская гнездовая группировка, 3 – Центральная гнездовая группировка

ДНК выделяли из пульпы, взятой в стержне пера у основания опахала (пульпа пера, взятая с птенцов, использовалась полностью). Материал гомогенизировали с помощью аппарата SpeedMill (AnalytikJena) в лизирующем растворе (содержащем додецилсульфат натрия) с использованием металлических шариков в течение 10 мин, после чего добавляли протеазу К и проводили инкубацию при температуре 56 °С в течение 6 ч. Далее гомогенизат центрифугировали и из полученного супернатанта проводили выделение ДНК на силиконовых колонках с помощью набора GeneJET Genomic DNA Purification Kit (ThermoScientific).

Для генетического анализа образцов ДНК использовали фрагмент (345 пн) гипервариабельного домена I контрольного региона (D-loop) мтДНК при использовании праймеров: AID1 (5'-AAGGGCCATTATTGCCAAA-3') [5] и Fbox (5'-GGGTTGCTGRTTTCACGTGAG-3') [6]. Полимеразную цепную реакцию (PCR) проводили в реакционной смеси, содержащей 50 мМ Трис-НСl (рН 8,9), 20 мМ сульфата аммония, 20 мкМ ЭДТА, 170 мкг/мл бычьего сывороточного альбумина, смесь дезоксинуклеозидтрифосфатов (200 мкМ каждого из них), 2 мМ хлористого магния, 0,6 мкМ каждого из праймеров, 0,1–0,2 мкг ДНК и 2 ед. акт. Taq-полимеразы. Амплификацию проводили в следующем режиме: начальная денатурация при 94 °С – 2 мин; 35 циклов – денатурация при 94 °С – 2 мин; отжиг праймеров при 64 °С – 30 с; элонгация при 72 °С – 1 мин; конечная пролонгация при 72 °С – 5 мин [7]. PCR-фрагменты для секвенирования выделяли после их фракционирования в 6 %-м ПААГ элюцией высокосолевым раствором. Секвенирование проводили с использованием набора реактивов для секвенирования ДНК BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit в генетическом анализаторе ABI PRISM 3500 (Applied Biosystems).

С целью выявления особенностей генетической структуры повожской популяции орла-могильника в Ульяновской области был проведен анализ последовательностей мтДНК (D-loop, 345 пн) с использованием пакета программ MEGA 6.06 [8]. Помимо проб, полученных с территории Ульяновской области, было проанализировано 15 последовательностей уже известных гаплотипов мтДНК (GenBank NCBI – AJ574880 – AJ574885 [9]; EU433560, EU433561; KC555570 – KC555575 [10]), характеризующих орлов западной (паннонской) популяции, населяющих территорию Словакии и Венгрии, и зауральской популяции, населяющей Северный Казахстан (Наурзумский заповедник) (табл. 1). При этом за гаплотип D был принят секвенированный образец AJ567367 [9], для которого в GenBank отсутствует указание принадлежности к какому-либо из известных гаплотипов.

Полученные в ходе исследования нуклеотидные последовательности вновь выявленных гаплотипов мтДНК орла-могильника были депонированы в GenBank NCBI под номерами KU999948 (гаплотип RA), KU999949 (RA), KU999950 (RA), KU999951 (RB), KU999952 (RC), KU999953 (RD).

Анализ гаплотипического и нуклеотидного разнообразия фрагментов мтДНК проведен в программе DnaSP 4.10 [11]. С целью выявления мутационной связи и истории происхождения гаплотипов были построены медианные сети с использованием пакета программ NetWork 5.0.0.0 (<http://www.fluxus-engineering.com>).

Известные и обнаруженные в Ульяновской области гаплотипы мтДНК (D-loop, 345 пн) орла-могильника

Гаплотип	Нуклеотидные замены и номера их позиций в последовательности										Номера депонированных последовательностей (GenBank)	
	1	1	1	1	2	2	2	3	3			
	4	9	0	1	3	8	1	2	3	2		2
Нап D*	A	A	C	C	G	G	T	A	T	A	C	AJ567367
Нап E*	C	AJ574880
Нап F*	A	AJ574881
Нап G, H	.	G	.	T	.	.	C	.	C	.	.	AJ574882, AJ574883
Нап I	.	G	.	T	.	.	C	AJ574884
Нап J	G	A	AJ574885
Нап K	G	G	.	T	.	.	C	G	.	.	.	EU433560
Нап L	C	G	.	.	.	EU433561
Нап M, N	.	G	.	T	.	.	C	G	C	.	.	KC555570, KC555571
Нап P	G	G	.	T	.	.	C	KC555572
Нап Q	.	G	.	T	A	.	C	G	.	.	.	KC555573
Нап R*	C	.	C	.	.	KC555574
Нап S	A	.	C	KC555575
Нап RA*	.	G	.	T	.	.	C	G	.	.	.	KU999948, KU999949, KU999950
Нап RB*	.	G	.	T	KU999951
Нап RC*	.	.	T	.	A	KU999952
Нап RD*	C	KU999953

Примечание. Нап D–S – известные гаплотипы (GenBank, NCBI), обнаруженные в Карпатском бассейне (Словакия и Венгрия) и Наурзумском заповеднике (Северный Казахстан); Нап RA–RD – гаплотипы, впервые обнаруженные в Среднем Поволжье. Звездочкой (*) обозначены гаплотипы, обнаруженные на территории Ульяновской области.

Результаты

Уровень изменчивости фрагментов контрольного региона мтДНК орла-могильника (число нуклеотидных замен) оказался низким, что соответствует внутривидовому, и изменяется в пределах от 2,1 до 0,0 % (в среднем около 0,7 %). При этом соотношение транзиций и трансверсий (Ts/Tv) составило 8,0286 (R), а нуклеотидные частоты составили для A = 28,9 %, T = 28,2 %, C = 24,2 % и G = 18,7 %.

Для выявления особенностей генетической структуры поволжской популяции орла-могильника был проведен UPGMA-анализ последовательностей фрагментов мтДНК с использованием эволюционной модели K2 (2-параметрический метод Кимуры, SBL – 0,02278, максимальный логарифм правдоподобия: –540,906). Выбор эволюционной модели в анализе определяется результатами модель-теста, по которому по использованному митохондриальному

маркеру для модели K2 были получены минимальные значения Байесового информационного критерия (BIC) – 1516,81.

Проведенный анализ нуклеотидных последовательностей методом UPGMA позволил построить кладограмму и объединить гаплотипы из отдельных гнездовых участков в несколько кластеров (рис. 2). Сопоставление выделенных групп не выявило связи между генетической изменчивостью орлов и их биотопической приуроченностью, связанной с типичным («поволжским») и нетипичным («прикаспийским») способами гнездования. Степень дивергенции внутри рассматриваемых групп составила 0,6 и 0,4 % соответственно, а между группами – лишь 0,5 %. Уровень генетического разнообразия внутри групп и для всей выборки в целом оказался равным и составил 0,5 %, а среднее значение межгруппового генетического разнообразия – 0,02 %. Также незначительным оказался уровень дифференциации между основными гнездовыми группировками орлов-могильников, населяющими Засызранскую лесостепь, центральную часть Правобережья и Заволжье Ульяновской области. Дивергенция внутри рассматриваемых групп составила 0,5, 0,8 и 0,4 % соответственно. Максимальная степень дивергенции отмечена между гнездовыми группировками, населяющими Засызранскую лесостепь и центральную часть Правобережья (0,7 %), минимальная между группировками, населяющими Засызранскую лесостепь и Заволжье (0,4 %). Генетическое разнообразие внутри гнездовых группировок составило 0,6 %, для всей выборки – 0,5 %, а среднее значение межгруппового генетического разнообразия – лишь 0,05 %. Таким образом, проведенный анализ последовательностей фрагментов мтДНК показал, что орлы-могильники, населяющие Ульяновскую область, по изученному молекулярному маркеру генетически сходны и относятся к одной полиморфной популяции.

Анализ гаплотипического и нуклеотидного разнообразия поволжской популяции орла-могильника (DnaSP 4.10) по 25 секвенсам фрагментов контрольного региона мтДНК (345 пн) показал следующие результаты. Число сегрегирующих сайтов составило 8, число мутаций – 8. Было выделено 8 гаплотипов (h), гаплотипическое разнообразие (Hd) составило 0,797, нуклеотидное разнообразие (Pi) – 0,00512, среднее число нуклеотидных различий (k) – 1,77. Проведенный Таджима-тест описанных выше гнездовых группировок выявил почти достоверное ($p > 0,1$) значение показателя T's D (–0,527). Близость этого показателя к нулю свидетельствует о соответствии числа выявленных гаплотипов числу сегрегирующих сайтов и указывает на генетическое равновесие между гнездовыми группировками и на отсутствие каких-либо действий отбора. В то же время отрицательное значение T's D-показателя свидетельствует о незначительном по скорости увеличении общей численности гнездовых группировок орлов. На такую же особенность генетической структуры поволжской популяции орлов-могильников указывает и низкая степень фиксации гаплотипов мтДНК в гнездовых группировках ($F_{ST} = 0,0294$, $Nm = 16,45$).

Из 8 гаплотипов мтДНК орлов-могильников, выявленных на территории Ульяновской области, четыре (RA, RB, RC, RD) не были ранее описаны для исследуемого вида. Первые два гаплотипа отличаются от уже известных отсутствием 1-2 гаплотипических замен (позиция 239 и позиции 219, 227, соответственно). Два других характеризуются специфическими заменами

В анализируемой выборке образцов мтДНК орлов-могильников из Ульяновской области максимальное гаплотипическое разнообразие отмечено для гнездовой группировки, населяющей Засызранскую лесостепь (Богдановский заказник) и характеризующейся наиболее типичными условиями гнездования поволжской популяции вида (рис. 3).

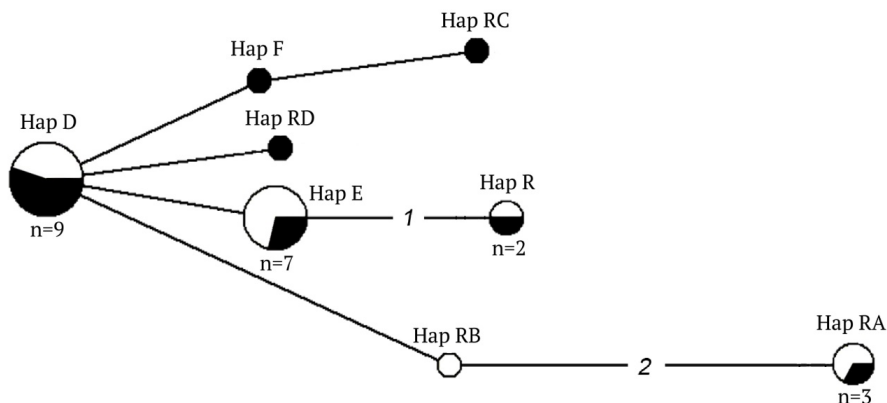


Рис. 3. Медианная сеть гаплотипов нуклеотидных последовательностей ($n = 25$) фрагмента контрольного региона (D-loop) мтДНК (345 пн) орлов-могильников из Ульяновской области. Длина ветвей, соединяющих отдельные гаплотипы, пропорциональна количеству мутационных шагов (указаны цифрой по линии связи). Размер круга указывает на относительную частоту соответствующих гаплотипов в поволжской популяции. Белым цветом показаны гаплотипы орлов из Заволжской и Центральной гнездовых группировок, черным – из Засызранской гнездовой группировки (Богдановский заказник)

В ходе исследований было обнаружено семь из восьми выявленных на территории региона гаплотипов мтДНК, что подтверждает оправданность организации Богдановского заказника в качестве особо охраняемой природной территории для сохранения «ядра» поволжской популяции орла-могильника, имеющей максимальную плотность населения и высокое генетическое разнообразие. Результаты медианного теста указывают на преобладание анцестрального для Среднего Поволжья гаплотипа D, а также нескольких линий генетически связанных с ним гаплотипов. При этом отметим, что наибольшая часть выборки (67 %) с гаплотипом D была сформирована с территории Засызранской лесостепи, тогда как доля этого гаплотипа в общем генетическом разнообразии данной гнездовой группировки оказалась ниже (46 %).

Медианный тест гаплотипов по трем евразийским популяциям орлов-могильников (паннонской, зауральской и поволжской) указывает на отсутствие четкой географической группировки гаплотипов из различных локалитетов Северной Евразии. Все гаплотипы рассматриваемых популяций тесно связаны между собой густой сетью (рис. 4), при этом наблюдается преобладание гаплотипов D и E. Значительную долю как паннонской (46 %, $n = 24$) [10], так и поволжской (28 %, $n = 25$) популяций составляют орлы с гаплотипом E. В последней популяции еще более значительная часть выборки (36 %, $n = 25$) приходится на гаплотип D. Орлы зауральской популяции также представлены преимущественно гаплотипами D (53 %) и E (42 %)

($n = 20$) [9]. При этом наблюдается некоторое увеличение генетического разнообразия популяций орла-могильника при продвижении с востока на запад, что, однако, может быть связано с их неравномерной изученностью.

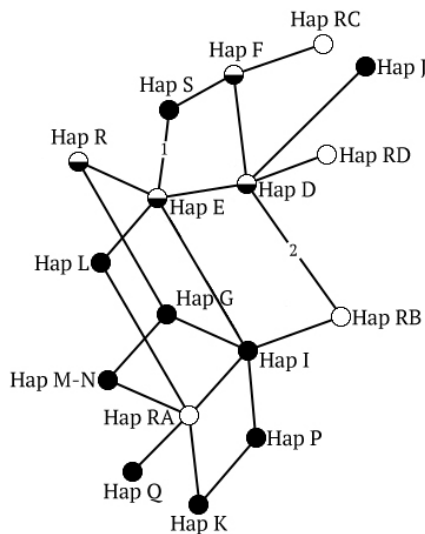


Рис. 4. Медианная сеть гаплотипов нуклеотидных последовательностей фрагмента контрольного региона (D-loop) мтДНК (345 пн) орлов-могильников с территории Северной Евразии. Длина ветвей, соединяющих отдельные гаплотипы, пропорциональна количеству мутационных шагов (указаны цифрой по линии связи). Белые пунсоны – гаплотипы из поволжской популяции, черные пунсоны – гаплотипы из паннонской и (или) зауральской популяций, черно-белые пунсоны – общие гаплотипы для всех поволжской и паннонской и (или) зауральской популяций

Обсуждение

Результаты проведенных исследований показывают, что использование митохондриальных маркеров при изучении генетической структуры ареалов столь подвижных фаунистических элементов, какими являются птицы, вполне эффективно и позволяет выявить различия или сходства в уровне генетической дифференциации и степени дивергенции отдельных популяций и пространственно-временных группировок, а также изучить генетические особенности отдельных географических популяций.

Из результатов проведенных исследований видно, что поволжская популяция орла-могильника имеет ряд специфических генетических признаков, прежде всего, связанных с наличием присущих только ей гаплотипов мтДНК (половина от обнаруженных), обнаруженных у птиц как с типичным, так и с нетипичным стереотипом гнездования. Этот факт свидетельствует о том, что увеличение численности поволжской популяции орлов, вероятно, не связано с экспансией Среднего Поволжья птицами прикаспийской популяции. Более вероятна ситуация, при которой увеличение численности орлов-могильников в рассматриваемом регионе происходит в результате адаптации коренной, поволжской, популяции вида к разнообразным условиям обитания в малоблесенных ландшафтах и нетипичным условиям гнездования. Для подтверждения этой гипотезы, а также для расширения данных о гаплотипическом разнообразии вида в Поволжье необходимо увеличить изученную

выборку орлов-могильников. При этом даже на имеющихся данных можно с уверенностью констатировать высокий уровень генетического разнообразия и низкий уровень генетической дифференциации поволжской популяции орла-могильника.

Библиографический список

1. **Белик, В. П.** Популяционная структура ареала орла-могильника в Северной Евразии / В. П. Белик, В. М. Галушин // Королевский орел: распространение, состояние популяций и перспективы охраны орла-могильника (*Aquila heliaca*) в России : сб. науч. тр. – М. : Союз охраны птиц России, 1999. – С. 129–139.
2. **Корепов, М. В.** Распространение и численность могильника (*Aquila heliaca*, *Falconiformes*, *Accipitridae*) в центральной части Приволжской возвышенности / М. В. Корепов // Зоологический журнал. – 2012. – Т. 91, № 2. – С. 190–201.
3. **Корепов, М. В.** Солнечный орел (*Aquila heliaca*) – природный символ Ульяновской области / М. В. Корепов, О. В. Бородин. – Ульяновск : НИЦ «Поволжье», 2013. – 120 с.
4. Современное состояние орла-могильника в Ульяновской области / О. В. Бородин, С. Л. Смирнова, Т. В. Свиридова, М. А. Корольков, Т. О. Барабашин [и др.] // Королевский орел: распространение, состояние популяций и перспективы охраны орла-могильника (*Aquila heliaca*) в России : сб. науч. тр. – М. : Союз охраны птиц России, 1999. – С. 68–73.
5. **Корепов, М. В.** Толерантность к человеку – важнейший фактор адаптации орла-могильника к современным условиям хозяйствования в лесостепи Среднего Поволжья / М. В. Корепов, С. А. Стрюков // XIV Международная орнитологическая конференция Северной Евразии. I. Тезисы. – Алматы, 2015. – С. 255, 256.
6. Красная книга Российской Федерации (животные). – Балашиха : Астрель, 2001. – 862 с.
7. **Godoy, J. A.** Phylogeography, genetic structure and diversity in the bearded vulture (*Gypaetus barbatus* L.), as revealed by mitochondrial DNA / J. A. Godoy, J. J. Negro, F. Hiraldo, J. A. Donazar // Molecular Ecology. – 2004. – № 13. – P. 371–390.
8. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0 / K. Tamura, G. Stecher, D. Peterson, A. Filipski, S. Kumar // Molecular Biology and Evolution. – 2013. – № 13. – P. 2725–2729.
9. **Martinez-Cruz, B.** Population genetics after fragmentation: the case of the endangered Spanish imperial eagle (*Aquila adalberti*) / B. Martinez-Cruz, J. A. Godoy, J. J. Negro // Molecular Ecology. – 2004. – № 13. – P. 2243–2255.
10. Genetic structure of the Imperial Eagle (*Aquila heliaca*) population in Slovakia / N. Vili, M. Horvath, K. Szabo, E. Hornung, L. Kalmar, M. Horvath // Slovak Raptor Journal. – 2009. – № 3. – P. 21–28.
11. **Rozas, J.** DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods / J. Rozas, C. Sanchez-BelBarrio, X. Messeguer, R. Rozas // Bioinformatics. – 2003. – № 19. – P. 2496, 2497.

References

1. Belik V. P., Galushin V. M. *Korolevskiy orel: rasprostranenie, sostoyanie populyatsiy i perspektivy okhrany orla-mogil'nika (Aquila heliaca) v Rossii: sb. nauch. tr.* [The imperial eagle: dissemination, condition of population and preservation prospects of *Aquila heliaca* in Russia: collected papers]. Moscow: Soyuz okhrany ptits Rossii, 1999, pp. 129–139.
2. Korepov M. V. *Zoologicheskiy zhurnal* [Zoological journal]. 2012, vol. 91, no. 2, pp. 190–201.
3. Korepov M. V., Borodin O. V. *Solnechnyy orel (Aquila heliaca) – prirodnyy simvol Ul'yanovskoy oblasti* [The imperial eagle (*Aquila heliaca*) – the nature symbol of Ulyanovsk region]. Ulyanovsk: NITs «Povolzh'e», 2013, 120 p.

4. Borodin O. V., Smirnova S. L., Sviridova T. V., Korol'kov M. A., Barabashin T. O. et al. *Korolevskiy orel: rasprostranenie, sostoyanie populyatsiy i perspektivy okhrany orla-mogil'nika (Aquila heliaca) v Rossii: sb. nauch. tr.* [The imperial eagle: dissemination, condition of population and preservation prospects of *Aquila heliaca* in Russia: collected papers]. Moscow: Soyuz okhrany ptits Rossii, 1999, pp. 68–73.
5. Korepov M. V., Stryukov S. A. *XIV Mezhdunarodnaya ornitologicheskaya konferentsiya Severnoy Evrazii. I. Tezisy* [XIV International ornithological conference of Northern Eurasia. I. Theses]. Almaty, 2015, pp. 255, 256.
6. *Krasnaya kniga Rossiyskoy Federatsii (zhivotnye)* [The Red Book of the Russian Federation (animals)]. Balashikha: Astrel', 2001, 862 p.
7. Godoy J. A., Negro J. J., Hiraldo F., Donazar J. A. *Molecular Ecology*. 2004, no. 13, pp. 371–390.
8. Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A., Kumar S. *Molecular Biology and Evolution*. 2013, no. 13, pp. 2725–2729.
9. Martinez-Cruz B., Godoy J. A., Negro J. J. *Molecular Ecology*. 2004, no. 13, pp. 2243–2255.
10. Vili N., Horvath M., Szabo K., Hornung E., Kalmar L., Horvath M. *Slovak Raptor Journal*. 2009, no. 3, pp. 21–28.
11. Rozas J., Sanchez-BelBarrio C., Messegnier X., Rozas R. *Bioinformatics*. 2003, no. 19, pp. 2496, 2497.

Корепов Михаил Владимирович

кандидат биологических наук, доцент,
кафедра биологии и химии, Ульяновский
государственный педагогический
университет им. И. Н. Ульянова (Россия,
г. Ульяновск, площадь 100-летия со дня
рождения В. И. Ленина, 4)

E-mail: korepov@list.ru

Korepov Mikhail Vladimirovich

Candidate of biological sciences, associate
professor, sub-department of biology and
chemistry, Ulyanovsk State Pedagogical
University named after I. N. Ulyanov
(4 100-letiya so dnya rozhdeniya
V. I. Lenina square, Ulyanovsk, Russia)

Стрюков Станислав Андреевич

аспирант, Ульяновский государственный
педагогический университет
им. И. Н. Ульянова (Россия,
г. Ульяновск, площадь 100-летия
со дня рождения В. И. Ленина, 4)

E-mail: Stanislav_str@mail.ru

Stryukov Stanislav Andreevich

Postgraduate student, Ulyanovsk State
Pedagogical University named after
I. N. Ulyanov (4 100-letiya so dnya
rozhdeniya V. I. Lenina square,
Ulyanovsk, Russia)

Корепова Дарья Александровна

заведующий отделом природы,
Ульяновский областной краеведческий
музей им. И. А. Гончарова (Россия,
г. Ульяновск, бульвар Новый Венец, 3/4)

E-mail: dahafomina@list.ru

Korepova Daria Aleksandrovna

Head of the Department of Nature,
Ulyanovsk Regional Museum of Nature
and History (3/4 Noviy Venets boulevard,
Ulyanovsk, Russia)

Симаков Максим Дмитриевич

аспирант, Пензенский государственный
университет (Россия, г. Пенза,
ул. Красная, 40)

E-mail: maksimakov@bk.ru

Simakov Maxim Dmitrievich

Postgraduate student, Penza State
University (40 Krasnaya street, Penza,
Russia)

Макаров Денис Константинович

младший научный сотрудник,
Научно-исследовательский центр
фундаментальных и прикладных
проблем биоэкологии и биотехнологии,
Ульяновский государственный
педагогический университет
им. И. Н. Ульянова (Россия,
г. Ульяновск, площадь 100-летия
со дня рождения В. И. Ленина, 4)

E-mail: dk.makarov@mail.ru

Мищенко Андрей Владимирович

кандидат биологических наук, доцент,
кафедра географии и экологии,
Ульяновский государственный
педагогический университет
им. И. Н. Ульянова (Россия,
г. Ульяновск, площадь 100-летия
со дня рождения В. И. Ленина, 4)

E-mail: a.misch@mail.ru

Титов Сергей Витальевич

доктор биологических наук, профессор,
заведующий кафедрой зоологии
и экологии, декан факультета физико-
математических и естественных наук,
Пензенский государственный
университет (Россия, г. Пенза,
ул. Красная, 40)

E-mail: svtitov@yandex.ru

Makarov Denis Konstantinovich

Junior researcher, Research Center
of Fundamental and Applied Problems
of Bioecology and Biotechnology,
Ulyanovsk State Pedagogical University
named after I. N. Ulyanov (4 100-letiya
so dnya rozhdeniya V. I. Lenina square,
Ulyanovsk, Russia)

Mishchenko Andrey Vladimirovich

Candidate of biological sciences, associate
professor, sub-department of geography
and ecology, Ulyanovsk State Pedagogical
University named after I. N. Ulyanov
(4 100-letiya so dnya rozhdeniya
V. I. Lenina square, Ulyanovsk, Russia)

Titov Sergey Vital'evich

Doctor of biological sciences, professor,
head of sub-department of zoology and
ecology, dean of the Faculty of Physics,
Mathematics and Natural Sciences, Penza
State University (40 Krasnaya street,
Penza, Russia)

УДК 598.279.23:575.2(470.4)

Корепов, М. В.

Генетическая дифференциация и полиморфизм поволжской популяции орла-могильника (*Aquila heliaca*, Falconiformes, Accipitridae) по данным анализа митохондриальной ДНК / М. В. Корепов, С. А. Стрюков, Д. А. Корепова, М. Д. Симаков, Д. К. Макаров, А. В. Мищенко, С. В. Титов // Известия высших учебных заведений. Поволжский регион. Естественные науки. – 2017. – № 3 (19). – С. 3–15. DOI: 10.21685/2307-9150-2017-3-1