

The Imperial Eagle Population Genetic Structure Across the Ex-USSR: Preliminary Data

ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ОРЛА МОГИЛЬНИКА НА ТЕРРИТОРИИ БЫВШЕГО СССР: ПРЕДВАРИТЕЛЬНЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ

Zinevich L.S. (Koltzov Institute of Developmental Biology of Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia)

Bekmansurov R.H. (National Park "Nizhnyaya Kama"; Kazan Federal University, Elabuga Institute; Elabuga, Republic of Tatarstan, Russia)

Nikolenko E.G. (Sibecocenter LLC, Novosibirsk, Russia)

Viter S.G. (National Nature Park "Gomilshansky lissy" (NNP), Kharkov region, Ukraine)

Kovalenko A.V. (Institute of Zoology, Ministry of Education and Sciences, Almaty, Kazakhstan)

Tambovceva V.G. (Koltzov Institute of Developmental Biology of Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia)

Karyakin I.V. (Sibecocenter LLC, Novosibirsk, Russia)

Зиневич Л.С. (ФГБУН ИБР РАН, Москва, Россия)

Бекмансуров Р.Х. (ФГБУ «Национальный парк «Нижняя Кама», Казанский федеральный университет, Елабужский институт, Елабуга, Россия)

Николенко Э.Г. (ООО «Сибэкоцентр», Новосибирск, Россия)

Витер С.Г. (Национальный природный парк «Гомольшанские леса», Харьковская обл., Украина)

Коваленко А.В. (Институт зоологии Министерства образования и науки, Алматы, Казахстан)

Тамбовцева В.Г. (ФГБУН ИБР РАН, Москва, Россия)

Карякин И.В. (ООО «Сибэкоцентр», Новосибирск, Россия)

Контакт:

Людмила С. Зиневич
lzinevich@gmail.com

Ринур Х. Бекмансуров
rinur@yandex.ru

Эльвира Г. Николенко
elnik2007@ya.ru

Станислав Г. Витер
viter_stanislav@ukr.net

Андрей В. Коваленко
akoval69@mail.ru

Валентина Г. Тамбовцева
lunx1994@gmail.com

Игорь В. Карякин
ikar_research@mail.ru

Орёл-могильник (солнечный орёл, *Aquila heliaca*) сравнительно хорошо исследован в пределах западноевропейской части ареала и Карпатского бассейна. Выявлены генетические маркеры, описаны популяционные группировки, их генетическое разнообразие и обмен особями между ними, проведён сравнительный анализ популяционной структуры сестринских видов (Helbig et al., 2005; Lerner, Mindell, 2005; Martínez-Cruz, Godoy, 2007; Vili et al., 2009, etc.). Тем не менее, в настоящее время остаются практически не исследованными многочисленные группировки орла-могильника, обитающие в пределах бывшего СССР: на территориях Украины, Российской Федерации, Республики Казахстан, за исключением отдельных ограниченных участков ареала (Rudnick et al., 2005; Корепов и др., 2017). Даже сведения о численности группировок поступают фрагментарно в зависимости от региона, что сильно затрудняет возможности организации охраны орла-могильника и

The Imperial Eagle (*Aquila heliaca*) is rather well studied in the Western European part of its area and the Carpathian basin. Detected genetic markers, defined population groups with their genetic diversity and gene flow, sister species comparison could be found for the Western part of the species range (Helbig et al., 2005; Lerner, Mindell, 2005; Martínez-Cruz, Godoy, 2007; Vili et al., 2009, etc.). To the contrary, many other imperial eagle nesting groups are less well investigated, first of all, in the territories of the ex-USSR: Ukrainian, Russian and Kazakhstani ones. Data from these regions exist only for small scattered parts of the area (Rudnick et al., 2005; Korepov et al., 2017). Even the information on population numbers is sporadic and depends on the region. This problem is critical to the organisation of imperial eagle conservation activities and estimation of global population numbers. We conducted the analysis of the imperial eagle nesting area based on monitoring records from 1998 to 2017 at the ex-USSR territories. During

Contact:Ludmila S. Zinevich
lzinevich@gmail.comRinur H. Bekmansurov
rinur@yandex.ruElvira G. Nikolenko
elnik2007@ya.ruStanislav G. Viter
viter_stanislav@ukr.netAndrey V. Kovalenko
akoval69@mail.ruValentina G. Tambovceva
lynx1994@gmail.comIgor V. Karyakin
ikar_research@mail.ru

оценки его состояния в мировом масштабе. На основе учётных данных, полученных в 1998–2017 гг., нами был проведён анализ структуры гнездового ареала орла-могильника на территории бывшего СССР. За 20 лет исследований локализовано 2300 гнездовых участков орла-могильника (600 – в Казахстане и 1700 – в России). На основе учётных и литературных данных в среде ГИС построили систему популяционных группировок орла-могильника методом пространственного анализа сети гексагонов, соответствующих реальным и потенциальным гнездовым участкам (шаг кластеризации – 30 км, минимум 3 участка в кластере). Выделяли группировки, включающие минимум 3 реальных и 10 потенциальных гнездовых участков. Для молекулярно-генетического анализа ДНК экстрагировали из мезенхимной пульпы линных перьев и пуха (Horvath et al., 2005), собранных на гнездах или в пределах гнездовых участков в сезон размножения, коммерческим набором Diatome DNA Prep 100 (Россия). Для постановки ПЦР использовали праймеры AID1F и FboxR (Martínez-Cruz et al., 2004) на полиморфный участок последовательности D-петли митохондриального гено-

20 years of monitoring, about 2300 breeding territories were discovered in Kazakhstan (600) and the Russian Federation (1700). We used the GIS-method of spatial analysis of hexagon networks based on our own and some literature data about real and potential breeding territories (clustering step 30 km, minimum of 3 breeding territories per cluster). Population groupings were highlighted, if the gaps between agglomerated of hexagons exceeded the clustering step. Such groups were mapped out, if including at least 3 real and 10 potential breeding territories. All samples for genetic analysis were collected from nests and across nesting sites during breeding seasons. DNA extraction was performed from the mesenchymal pulp of molted feathers and fuzz (Horvath et al., 2005) using commercial Diatome DNA Prep 100 kit (Russia) according to the manufacturer's protocol. Polymerase chain reaction (PCR) was performed using ScreenMix HS kit (Evrogen, Russia) and VeritiFast amplifier (Applied Biosystems, USA) with AID1F and FboxR primers for the polymorphic fragment of the mitochondrial control region D-loop (Martínez-Cruz et al., 2004). Sanger sequencing was performed using BigDye 3.1 reagents and the ABI 3500 device (Applied Biosystems, USA). On the basis of the GIS

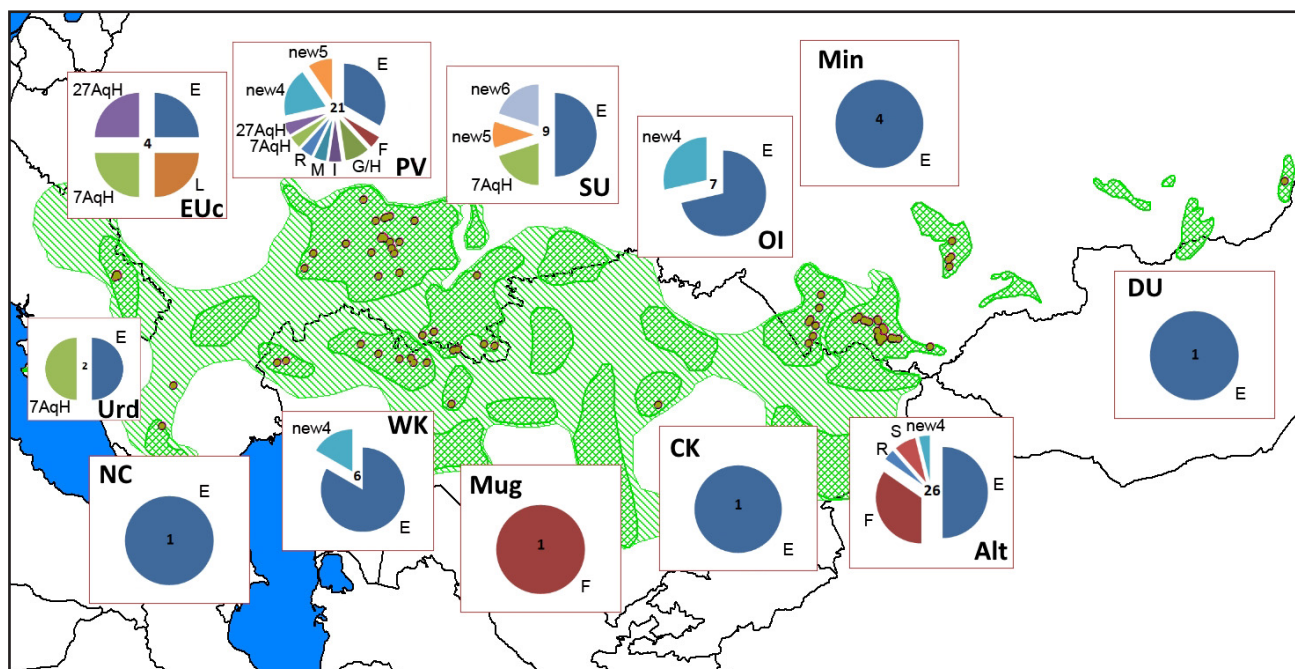


Рис. 1. Популяционно-генетическое разнообразие орла могильника на исследованной территории. Группировки: **EUc** – Восточноукраинская; **Urd** – Урдинская; **NC** – Северокавказская; **PV** – Поволжская; **WK** – Западноказахстанская; **SU** – Южно-Уральская; **Mug** – Мугоджарская; **OI** – Обь-Иртышская боровая; **CK** – Центральноказахстанская; **Min** – Минусинская; **Alt** – Алтайская; **DU** – Даурская. **E-S, 7AqH, 27AqH** – ранее описанные, **new4-6** – новые гаплотипы полиморфного региона D-петли мт-генома.

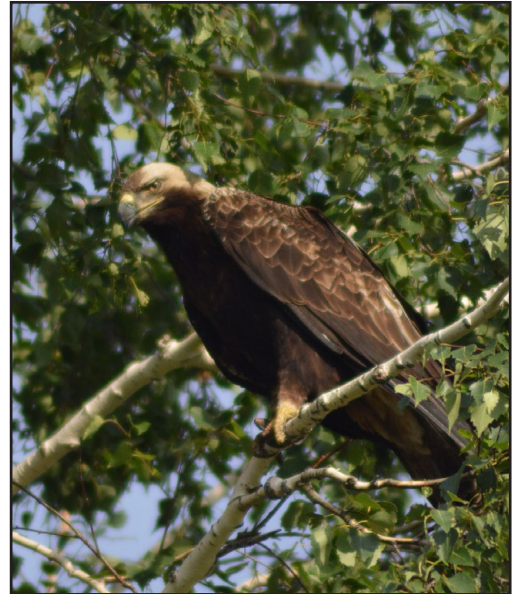
Fig. 1. The imperial eagle population genetic diversity across the examined area. Population groups: **EUc** – Eastern Ukrainian; **Urd** – Urdinian; **NC** – Northern Caucasian; **PV** – the Volga region; **WK** – Western Kazakh; **SU** – South Ural; **Mug** – Mugodzharian; **OI** – the Ob-Irtysh region; **CK** – Central Kazakh; **Min** – Minusian; **Alt** – Altaic; **DU** – Daurian. **E-S, 7AqH, 27AqH** – previously described, **new4-6** – newly found mitochondrial D-loop haplotypes.

Самка орла-могильника (*Aquila heliaca*) около гнезда. Фото И. Карякина.

Female of the Eastern Imperial Eagle (*Aquila heliaca*) near the nest. Photo by I. Karyakin.

ма, коммерческий набор ScreenMix-HS (Евроген, Россия) и амплификатор VeritiFast (Applied Biosystems, США). Секвенирование по Сэнгеру проводили с помощью набора BigDye 3.1 на приборе ABI 3500 (Applied Biosystems, США). В результате ГИС-анализа на пространстве от Восточной Украины до Дальнего Востока было выделено 27 популяционных группировок. Анализ гаплотипов полиморфного участка D-петли митохондриального генома в 83 образцах ДНК могильников из 12 гнездовых группировок позволил выявить 10 ранее описанных гаплотипов (E, F, G/H, I, L, M, R, S, 7AqH, 27AqH) и 3 новых (new4-6). Построение дендрограммы гаплотипов методами максимального правдоподобия и максимальной парсимонии не выявило достоверных отличий между ранее известными и вновь выявленными гаплотипами (данные не приведены). Распределение образцов и гаплотипов между популяционными группировками представлено на рис. 1.

Полученные нами предварительные данные показывают, что отдельные часто встречающиеся гаплотипы (E) распространены повсеместно от Восточной Украины до Даурии, в то же время, не существует гаплотипов, специфичных для какой-либо популяционной группировки. Кроме того, при исследовании особей восточной части ареала не было выявлено новых обособленных гаплогрупп, как и ранее в западноевропейской части. Таким образом, по данным анализа мт-ДНК популяция орла могильника является неструктурированной и не несёт характерных для других видов хищных птиц следов изоляции группировок в эпоху плейстоценовых оледенений.



analysis, we highlighted 27 Imperial Eagle population groups from Eastern Ukraine to the Russian Far East. The D-loop haplotypic data for 83 Imperial Eagles from 12 nesting groups showed 10 previously defined haplotypes (E, F, G/H, I, L, M, R, S, 7AqH, 27AqH) and 3 new ones (new4-6 respectively). Maximum Likelihood and Maximum Parsimony haplotypes dendrograms showed no significant haplogroups among previously defined and newly described haplotypes (data not shown). Population groups haplotypic diversity is shown in fig. 1.

Our preliminary results show that some widespread haplotypes (E) are prevalent across the entire area from Eastern Ukraine to Dauria. There are no haplotypes specific for any population group. An additional point is that, in the Eastern part of the imperial eagle area, no new haplotypes were found which can be separated as a new haplogroup from the haplotypes of Western European populations. Consequently, the mitochondrial DNA data show that the Imperial Eagle (eastern) populations are unstructured and show no traces of divergence during Pleistocene glaciations, unlike some populations of other raptors.