

Аллозимная изменчивость обыкновенной бурозубки *Sorex araneus* Западной Сибири

О. Н. ЖИГИЛЕВА, З. В. ШЕЙКИНА, Н. А. МАЛКОВА

Тюменский государственный университет
625003, Тюмень, ул. Семакова, 10
E-mail: zhigileva@mail.ru

Статья поступила 6.08.2012

АННОТАЦИЯ

Исследована аллозимная изменчивость обыкновенной бурозубки *Sorex araneus* Западной Сибири. Выявлен невысокий уровень генетической изменчивости и отсутствие достоверных различий по показателям полиморфизма популяций таежных, подтаежных и лесостепных районов. Показан значительный уровень генетической дифференциации популяций, принадлежащих к смежным хромосомным расам – Новосибирск и Серов ($F_{ST} = 0,3$).

Ключевые слова: *Sorex araneus*, генетическая изменчивость, аллозимы, Западная Сибирь, хромосомные расы.

Обыкновенная бурозубка *Sorex araneus* Linnaeus, 1758 является одним из наиболее изученных с точки зрения генетики видов мелких млекопитающих [Fumagalli et al., 1996]. Сложная внутривидовая структура этого вида определяется не только географическими факторами, историей колонизации территорий, современными различиями типов местообитаний [Wójcik et al., 2007], но и наличием хромосомной изменчивости [Орлов и др., 2004]. Дифференциация вида на хромосомные расы делает ее прекрасной моделью для исследования хромосомной эволюции и механизмов репродуктивной изоляции [Andersson et al., 2005; Bannikova et al., 2006; Щипанов и др., 2009].

Наряду с микросателлитами, нуклеотидными последовательностями митохондриальных генов, RAPD-маркерами аллозимы широко используются для изучения внутриви-

довой генетической структуры бурозубок. Несмотря на некоторые сложности в интерпретации изоферментных спектров [Vilas et al., 2002], аллозимные маркеры обладают рядом преимуществ: кодоминантный характер наследования, позволяющий идентифицировать гетерозиготные генотипы; известная функциональная нагрузка, что позволяет охарактеризовать приспособленность организмов с разными вариантами белков к определенным условиям среды. Использование в молекулярной экологии и популяционной генетике нейтральных маркеров эффективно для понимания пространственно-временных закономерностей популяционной структуры, потока генов и анализа филогений, но не позволяет решать задачи, связанные с анализом функционального генетического разнообразия [Piertney, Webster, 2010]. Результаты, полученные разными авторами с ис-

пользованием молекулярных маркеров, противоречивы и показывают разные уровни генетической дифференциации между хромосомными расами обыкновенной бурозубки [Wójcik et al., 2002]. Есть свидетельства как в пользу сниженного генного потока между смежными расами [Lugon-Moulin et al., 1999] и высокого уровня их генетической дифференциации [Илларионова и др., 2007; Polyakov et al., 2009], так и в пользу интрогрессии генов между расами *S. araneus* [Basset et al., 2006] и даже разными видами в пределах рода *Sorex* [Банникова, Лебедев, 2010].

В то время как в европейской части ареала аллозимная изменчивость обыкновенной бурозубки описана достаточно хорошо [Wójcik et al., 2002], на обширных пространствах Сибири этот вид остается практически не изученным. Цель данного исследования –

изучение генетической изменчивости и дифференциации популяций обыкновенной бурозубки, обитающей в таежных и лесостепных районах Западной Сибири.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Отлов бурозубок производился в период 1998–2007 гг. в 11 районах, относящихся к подзонам средней тайги, подтайги и северной лесостепи Западной Сибири (рис. 1). Бурозубок вместе с другими мелкими млекопитающими отлавливали стандартными методами канавок и ловушколиний. Всего исследована 481 особь обыкновенной бурозубки. Бурозубки *S. araneus*, обитающие в районах исследования, относятся к хромосомным расам Новосибирск и Серов [Polyakov et al., 2001; Поляков, 2008]. Отнесение выборок к

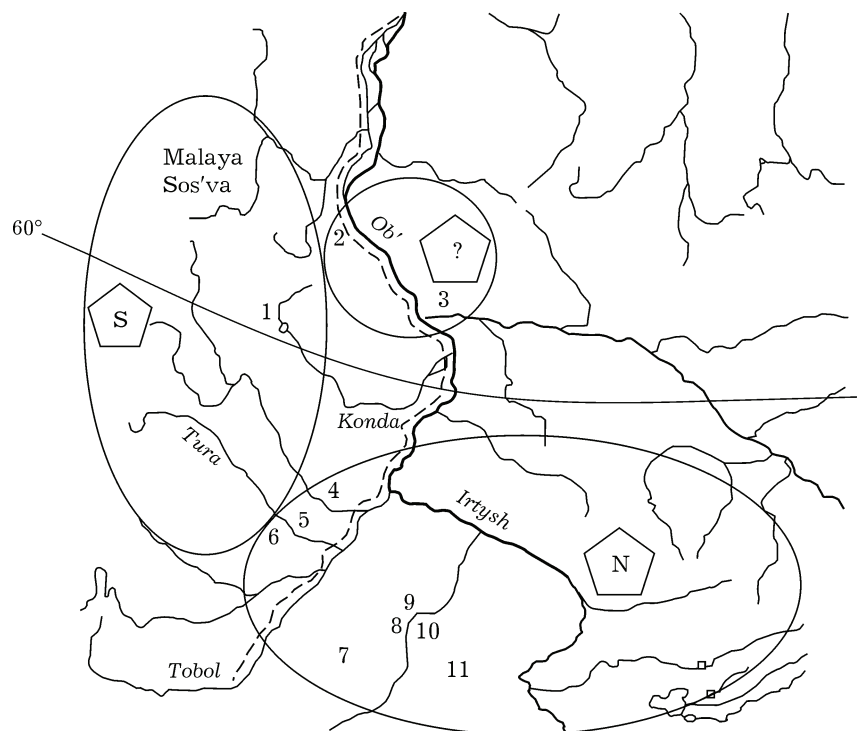


Рис. 1. Места проведения исследований: 1 – Конда (г. Урай, $60^{\circ}7'28,98''$, $64^{\circ}44'52,7''$), 2 – Малая Сосьва (окрестности заповедника, $61^{\circ}30'48,80''$, $63^{\circ}14'33,26''$), 3 – Ханты-Мансийск ($60^{\circ}59'49,48''$, $69^{\circ}2'48,7''$), 4 – оз. Кучак (Нижнетавдинский район Тюменской области, $57^{\circ}20'49,33''$, $66^{\circ}3'15,01''$), 5 – Тюмень ($57^{\circ}14'30,6''$, $65^{\circ}26'25,11''$), 6 – Шатрово (Шатровский район Курганской области $56^{\circ}31'16,49''$, $64^{\circ}37'38,32''$), 7 – Омутинка (с. Журавлевское Омутинского района Тюменской области, $56^{\circ}16'6,49''$, $67^{\circ}40'47,63''$), 8 – Ишим (Ишимский район Тюменской области, $56^{\circ}6'5,71''$, $69^{\circ}27'0,98''$), 9 – Синицыно (Ишимский район Тюменской области $56^{\circ}0'48,97''$, $69^{\circ}33'21,65''$), 10 – Ишимский (д. Тоболова Ишимский район Тюменской области, $56^{\circ}12'6,79''$, $69^{\circ}9'27,94''$), 11 – Сладково (Сладковский район Тюменской области, $55^{\circ}34'42,54''$, $70^{\circ}10'41,07''$).

Пунктирной линией показана граница хромосомных рас Серов (S) и Новосибирск (N) по А. В. Полякову с соавт. [2001]

Исследованные белковые системы бурозубок

Белковая система	Локус	Количество и характеристика* локусов
Малатдегидрогеназа (1.1.1.40)	<i>MDH-1,2</i>	П (2), М
Лактатдегидрогеназа (1.1.1.27)	<i>LDH-1,2</i>	2 М
Супероксидсмутаза (1.15.1.1)	<i>SOD-1</i>	П (2), М
Аспаратаминотрансфераза (2.6.1.1)	<i>AAT-1</i>	П (3)
Неспецифические эстеразы (3.1.1.n)	<i>EST-1-3</i>	2 П (3), М
Миогены	<i>MY-1-7</i>	2 П(2), 5 М
Гемоглобин	<i>HB</i>	М
Количество исследованных локусов	18	

* М – мономорфный локус, П – полиморфный, в скобках указано количество аллелей.

соответствующим расам производилось по их географической принадлежности. Большинство исследованных выборок относится к расе Новосибирск, и только одна (окрестности г. Урай, бассейн р. Конды) – к расе Серов.

Для аллозимного анализа использовали образцы мышечной ткани и кровь, которые хранились в замороженном состоянии при -20°C . Белки экстрагировали с использованием *трис*-НСI буфера (рН 8,0). Для разделения белков использовали метод вертикального электрофореза в 7,5 % полиакриламидном геле [Маурер, 1971] и *трис*-ЭДТА-боратную буферную систему (рН 8,0) [Peacock, Dingman, 1967]. Электрофорез проводили в камере “Helicon” при силе тока 80 мА, напряжении 200 В в течение 2,5 ч. Гистохимическое выявление белков проводили в соответствии с рекомендациями [Корочкин и др., 1977; Richardson, 1986]. Генетическая изменчивость бурозубок проанализирована по 18 локусам, кодирующим пять ферментных систем, белки мышц и крови (табл. 1).

По результатам электрофоретических исследований с использованием программы PopGen32 [Yeh et al., 1999] рассчитывали частоты аллелей, долю полиморфных локусов (P), наблюдаемую (H_O) и ожидаемую (H_E) гетерозиготность, индексы генетического сходства Нея (I_N) и генетические дистанции Нея (D_N) [Nei, 1972], меру генетической дифференциации между субпопуляциями (F_{ST}), величину потока генов (Nm) [McDermott, McDonald, 1993]. Сравнение частот аллелей, показателей изменчивости и оценку соответствия генотипических частот равновесию Хар-

ди – Вайнберга проводили с использованием критерия хи-квадрат (χ^2). Дендрограммы строили на основании генетических дистанций Нея [Nei, 1978] методом UPGMA по частотам аллелей всех изученных локусов, включая мономорфные. При построении дендрограммы в качестве внешней группы использовали кутору обыкновенную *Neomys fodiens* Pennant, 1771.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Полиморфными на внутри- и межпопуляционном уровне оказались локусы неспецифических эстераз, *MDH-2*, *SOD-1*, *AAT-1* и миогенов. По большинству локусов наблюдается относительное единообразие аллельных частот на исследованной части ареала обыкновенной бурозубки (табл. 2). Полиморфизм по локусу *EST-2* обусловлен наличием черыпех аллелей, два из которых встречаются во всех исследованных популяциях со сходными частотами, два аллеля – относительно редкие, встречаются только в популяциях междуречья Оби и Иртыша с низкой частотой. По локусу *EST-2* во всех популяциях, за исключением краевых (Сосьва и Сладково), преобладает “быстрый аллель”. Полиморфизм по локусам *AAT-1* и *SOD-1* обусловлен наличием редких электрофоретических вариантов. Редкие аллели по локусу *SOD-1* обнаружены в выборке Ханты-Мансийск. Полиморфизм по локусу *MDH-2* наблюдается в двух выборках из лесостепных районов. По локусу *MY-1* повсеместно преобладает “быстрый аллель”, в направлении с севера на юг

Частоты аллелей и показатели аллозимной изменчивости в популяциях обыкновенной бурозубки

Лocus	Аллель	Подтайга										
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
	Конда, 2007 (n = 7)	Сосьва, 2009 (n = 25)	Хангы-Манейск, 2009 (n = 39)	Кучак, 2001-2007 (n = 123)	Тюмень, 2001-2002 (n = 19)	Шарово, 2011 (n = 6)	Омутинка, 1998-2007 (n = 68)	Ишим, 1998-2007 (n = 113)	Синдцано, 1998-1999 (n = 41)	Ишимский, 2001-2007 (n = 35)	Сладково, 2001-2011 (n = 5)	
		Средняя тайга										
<i>EST-2</i>	A	0,286	0,480	0,590	0,657	0,237	0,500	0,507	0,540	0,500	0,586	0,400
	B	0,714	0,520	0,295	0,313	0,684	0,500	0,456	0,460	0,500	0,414	0,600
	C			0,103	0,008	0		0,029				
	D			0,012	0,022	0,079		0,007				
<i>EST-3</i>	A	1,000	0,540	0,808	0,963	1,000	0,917	0,971	1,000	1,000	1,000	0,400
	B		0,460	0,192	0,037		0,083	0,029				0,600
<i>MDH-2</i>	A	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,833	1,000	1,000	1,000	1,000	0,800
	B						0,167					0,200
<i>SOD-1</i>	A			0,064								
	B	1,000	1,000	0,910	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
	C			0,026								
<i>AAT-1</i>	A	0,214	1,000	0,923	0,963	1,000	1,000	0,956	0,805	1,000	0,929	1,000
	B	0,786		0,077	0,037			0,044	0,195		0,071	
<i>MY-1</i>	A	1,000	1,000	1,000	0,903	0,974	1,000	0,706	0,735	0,537	0,629	1,000
	B				0,097	0,026		0,294	0,265	0,463	0,371	
<i>MY-2</i>	A		0,020	0,308	0,813	0,684	1,000	0,779	0,757	0,768	0,700	1,000
	B	1,000	0,980	0,692	0,187	0,316		0,221	0,243	0,232	0,300	
<i>P</i>		12,50	25,00	31,25	43,75	18,75	18,75	31,25	31,25	25,00	31,25	25,00
<i>Ho</i>		0,009	0,042	0,048	0,034	0,049	0,052	0,053	0,045	0,069	0,048	0,025
<i>H_F</i>		0,050	0,069	0,101	0,080	0,061	0,063	0,090	0,108	0,087	0,102	0,111

нарастает частота “медленного аллеля”. По локусу *MY-2* в лесостепных и таежных популяциях преобладают разные аллели. Генетическое своеобразие выборки Конда, принадлежащей к расе Серов, выражается в преобладании “медленных” аллелей по локусам *AAT-1* и *MY-2*, в то время как во всех остальных исследованных популяциях, за исключением ханты-мансийской и сосвинской, преобладает альтернативный, “быстрый” аллель.

В целом уровень аллозимной изменчивости у обыкновенной бурозубки не высок. Доля полиморфных локусов составляет в среднем $0,27 \pm 0,02$, средняя наблюдаемая гетерозиготность – $0,043 \pm 0,004$, ожидаемая – $0,083 \pm 0,006$. Сопоставимые уровни генетической изменчивости по аллозимным маркерам выявлены также в других популяциях вида *S. araneus* и у других представителей рода *Sorex*. Так, у пяти видов американских бурозубок эти показатели варьируют в пределах: $P - 0,07-0,21$, $H_O - 0,026-0,046$, $H_E - 0,034-0,083$ [Driskell, Feldhamer, 2003]. У обыкновенной бурозубки в Европе H_E составляет $0,03-0,07$ [Wójcik et al., 2002].

Более низкие показатели изменчивости наблюдаются в выборках бурозубок, находящихся на западной границе ареала хромосомной расы Новосибирск – правобережье рек Тобол (Тюмень, Шатрово) и Обь (Сосьва) (см. табл. 2). Показатели аллозимной изменчивости в популяциях средней тайги, подтайги и лесостепи достоверно не различаются ($\chi^2 = 1,18; 0,19; 0,94$ для показателей P, H_O, H_E соответственно, $df = 2, P > 0,05$).

Уровень генетической дифференциации популяций бурозубок довольно высокий ($F_{ST} = 0,3$), поток генов незначительный ($Nm = 0,58$). Значения генетических дистанций Нея варьируют от 0,002 до 0,07 в пределах расы Новосибирск и увеличиваются до 0,06–0,13 между расами, в то время как межродовые дистанции *Sorex* – *Neotmys* составляют 0,09–0,16 (табл. 3). Дистанции по аллозимным маркерам между новосибирской и серовской хромосомными расами достаточно большие, в два раза превышают уровень межпопуляционных различий.

Бурозубки *S. araneus*, обитающие в подтаежных и лесостепных районах юга Тюменской области, образуют общий кластер с низ-

Т а б л и ц а 3
Индексы генетического сходства (над диагональю) и генетические дистанции Нея (под диагональю) обыкновенной бурозубки

Выборка	Конда	Сосьва	Ханты-Мансийск	Кучак	Тюмень	Шатрово	Омутинка	Ишим	Синицыно	Ишимский	Сладково	<i>Neotmys</i>
Конда	–	0,9426	0,9478	0,9075	0,9280	0,8880	0,9128	0,9286	0,9019	0,9173	0,8742	0,8826
Сосьва	0,0591	–	0,9863	0,9418	0,9533	0,9246	0,9422	0,9405	0,9332	0,9434	0,9285	0,9047
Ханты-Мансийск	0,0536	0,0138	–	0,9787	0,9773	0,9621	0,9750	0,9753	0,9651	0,9756	0,9525	0,9058
Кучак	0,0971	0,0599	0,0215	–	0,9873	0,9925	0,9953	0,9941	0,9880	0,9926	0,9791	0,8656
Тюмень	0,0747	0,0478	0,0229	0,0128	–	0,9874	0,9901	0,9881	0,9830	0,9847	0,9758	0,8926
Шатрово	0,1188	0,0784	0,0386	0,0075	0,0127	–	0,9887	0,9861	0,9797	0,9814	0,9900	0,8506
Омутинка	0,0912	0,0596	0,0253	0,0047	0,0100	0,0113	–	0,9979	0,9977	0,9985	0,9744	0,8716
Ишим	0,0741	0,0613	0,0250	0,0059	0,0120	0,0140	0,0021	–	0,9944	0,9976	0,9699	0,8693
Синицыно	0,1032	0,0691	0,0355	0,0121	0,0171	0,0205	0,0023	0,0056	–	0,9981	0,9643	0,8639
Ишимский	0,0863	0,0583	0,0247	0,0074	0,0154	0,0188	0,0015	0,0024	0,0019	–	0,9645	0,8710
Сладково	0,1344	0,0742	0,0487	0,0211	0,0245	0,0101	0,0259	0,0306	0,0364	0,0361	–	0,8367
<i>Neotmys</i>	0,1249	0,1002	0,0990	0,1443	0,1136	0,1618	0,1375	0,1401	0,1463	0,1381	0,1783	–

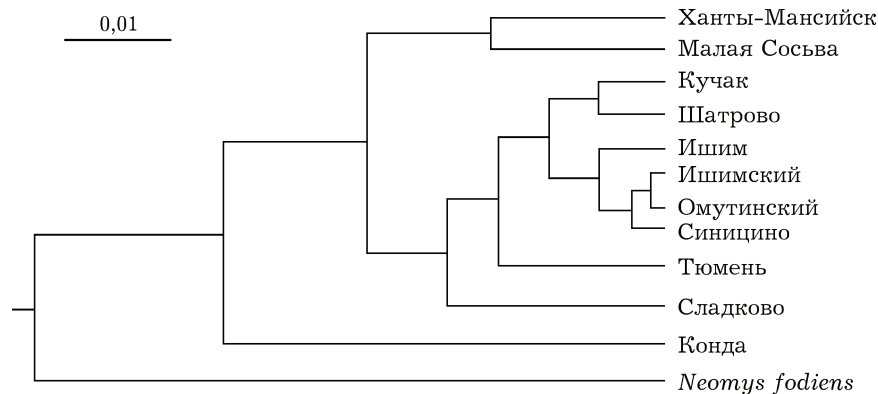


Рис. 2. UPGMA-дендрограмма генетических дистанций Нея по алозимным данным разных выборок обыкновенной бурозубки

кими значениями генетических дистанций. Все они относятся к одной хромосомной расе – Новосибирск. Бурозубки северных, таежных районов распадаются на две группы (рис. 2). Первая выборка *S. araneus* из поймы р. Конды относится к расе Серов и располагается на дендрограмме обособленно. Вторая группа, включающая популяции Ханты-Мансийска и Малой Сосьвы, примыкает к южным популяциям. Поскольку ханты-мансийская популяция *S. araneus* относится к расе Новосибирск [Polyakov et al., 2001], можно предположить, что и популяция из бассейна р. Малая Сосьва, где кариологические исследования бурозубок не проводились, также относится к этой расе.

По-видимому, раса Новосибирск имеет более широкое распространение в Западной Сибири и встречается также на левом берегу р. Тобол (Нижне-Тавдинский, Тюменский, Шатровский районы), а также на левобережье р. Обь, выше ее слияния с Иртышом (в бассейне р. Малая Сосьва). Последнее противоречит находке бурозубок с кариотипом серовской расы в пос. Кедровый, правобережье Оби [Polyakov et al., 2001]. Это может быть связано с недостаточной исследованностью северных регионов Западной Сибири. Возможно, в этом районе проходит граница (гибридная зона) уральской и новосибирской хромосомных рас. Поэтому требуется уточнить границы хромосомных рас *S. araneus* в Тюменской области, проведенные авторами [Polyakov et al., 2001] на основании четырех исследованных выборок. Данные о более сложном и беспорядочном расположении границ хромосомных рас и гибридных зон обык-

новенной бурозубки в европейской части ареала [Орлов, 2010] позволяют предположить, что и в Сибири по мере накопления цитогенетических данных граница хромосомных рас Новосибирск и Серов приобретет более сложные очертания.

Автор выражает благодарность за помощь в отлове млекопитающих А. Ю. Левых, Н. А. Сазоновой, Е. В. Сергеевой. Работа выполнена при поддержке КЦФЕ (PD02-1.4-8), ФЦП “Научные и научно-педагогические кадры инновационной России” на 2009–2013 гг. (госконтракт № П712).

ЛИТЕРАТУРА

- Банникова А. А., Лебедев В. С. Молекулярно-генетическая неоднородность кавказской землеройки-бурозубки *Sorex satununi* (Mammalia, Lipotyphla, Soricidae) по маркерам мтДНК как вероятное последствие древней гибридизации // Молекуляр. биология. 2010. Т. 44, № 4. С. 746–750.
- Илларионова Н. А., Потапов С. Г., Орлов В. Н. RAPD у представителей рода *Sorex*, включая хромосомные расы *Sorex araneus* // Рус. териологический журн. 2007. Т. 6, № 1. С. 27–33.
- Корочкин Л. И., Серов О. А., Пудовкин А. И. и др. Генетика изоферментов. М.: Наука, 1977. 278 с.
- Маурер Г. Диск-электрофорез. Теория и практика электрофореза в ПААГ. М.: Мир, 1971. 243 с.
- Орлов В. Н., Булатова Н. Ш., Козловский А. И., Балакирев А. Е. Иерархия внутривидовых таксонов обыкновенной бурозубки, *Sorex araneus* (Insectivora), и таксономическая структура вида млекопитающих // Зоол. журн. 2004. Т. 83, № 2. С. 199–212.
- Орлов В. Н. Хромосомные маркеры метапопуляционной структуры обыкновенной бурозубки, *Sorex araneus* L. (Mammalia) // Теория ареалов: виды, сообщества, экосистемы (V Любичевские чтения). Тольятти: Кассандра, 2010. С. 131–136.
- Поляков А. В. Гибридные зоны хромосомных рас обыкновенной бурозубки Западной Сибири // Сиб. экол. журн. 2008. Т. 15, № 5. С. 773–777. [Polyakov A. V.

- Hybrid zones between the chromosome races of the common shrew in West Siberia // *Sib. J. Ecol.* 2008. Vol. 15, N 5. P. 773–777.]
- Щипанов Н. А., Булатова Н. Ш., Павлова С. В., Щипанов А. Н. Обыкновенная бурозубка (*Sorex araneus* L.) – модельный вид эколого-эволюционных исследований // *Зоол. журн.* 2009. Т. 88, № 8. С. 975–989.
- Andersson A.-C., Alstrom-Rapaport C., Fredga K. Lack of mitochondrial DNA divergence between chromosome races of the common shrew, *Sorex araneus*, in Sweden. Implications for interpreting chromosomal evolution and colonization history // *Mol. Ecol.* 2005. Vol. 14, N 9. P. 2703–2716.
- Bannikova A. A., Bulatova N. Sh., Kramerov D. A. Molecular variability in the common shrew *Sorex araneus* L. from European Russia and Siberia inferred from the length polymorphism of DNA regions flanked by short interspersed elements (Inter-SINE PCR) and the relationships between the Moscow and Seliger chromosome races // *Genetika.* 2006. Vol. 42, N 6. P. 737–747.
- Basset P., Yannic G., Hausser J. Genetic and karyotypic structure in the shrews of the *Sorex araneus* group: are they independent? // *Mol. Ecol.* 2006. Vol. 15, N 6. P. 1577–1587.
- Driskell A. C., Feldhamer G. A. Allozyme differentiation in five species of North American shrews (Soricidae: Mammalia) // *Biochem. Syst. Ecol.* 2003. Vol. 31, N 7. P. 739–750.
- Fumagalli L., Hausser J., Taberlet P., Gielly L., Stewart D. T. Phylogenetic structures of the Holarctic *Sorex araneus* group and its relationships with *S. samniticus*, as inferred from mtDNA sequences // *Hereditas.* 1996. Vol. 125, N 2/3. P. 191–199.
- Lugon-Moulin N., Brunner H., Wytenbach A., Hausser J., Goudet J. Hierarchical analyses of genetic differentiation in a hybrid zone of *Sorex araneus* (Insectivora: Soricidae) // *Mol. Ecol.* 1999. Vol. 8, N 3. P. 419–431.
- McDermott J. M., McDonald B. A. Gene flow in plant pathosystems // *An. Rev. Phytopathol.* 1993. Vol. 31. P. 353–373.
- Nei M. The genetic distance between populations // *The American Naturalist.* 1972. Vol. 106. P. 283–291.
- Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals // *Genetics.* 1978. Vol. 89. P. 583–590.
- Peacock A. C., Dingman C. W. Resolution of multiple ribonucleic acid species by polyacrylamide gel electrophoresis // *Biochemistry.* 1967. Vol. 6. P. 1818–1827.
- Piertney S. B., Webster L. M. I. Characterising functionally important and ecologically meaningful genetic diversity using a candidate gene approach // *Genetica.* 2010. Vol. 138, N 4. P. 419–432.
- Polyakov A., Ilyashenko V., Onischenko S., Panov V., Borodin P. AFLP diversity between the Novosibirsk and Tomsk chromosome races of the common shrew (*Sorex araneus*) // *Comparative Cytogenetics.* 2009. Vol. 3, N 2. P. 85–89.
- Polyakov A. V., Ladygina T. Yu., Bochkarev M. N., Rodionova M. I., Borodin P. M., Panov V. V. Chromosomal evolution of the common shrew *Sorex araneus* L. from the Southern Urals and Siberia in the postglacial period // *Rus. J. Genetics.* 2001. Vol. 37, N 4. P. 351–357.
- Richardson B. J. Allozyme electrophoresis. A handbook for animal systematics and Population Studies. London: Academic Press, 1986. 410 p.
- Vilas R., Paniagua E., Sanmartín M. L. Difficulties in the genetic interpretation of isozyme patterns of *Lecithochirium* spp. (Trematoda: Digenea) // *Parasitology Research,* 2002. Vol. 88, N 4. P. 311–314.
- Wójcik J. M., Polly P. D., Wójcik A. M., Sikorski M. D. Epigenetic variation of the common shrew, *Sorex araneus*, in different habitats // *Rus. J. Theriology.* 2007. Vol. 6, N 1. P. 43–49.
- Wójcik J., Ratkiewicz M., Searle J. Evolution of the common shrew *Sorex araneus*: chromosomal and molecular aspects // *Acta Theriologica.* 2002. Vol. 47, N 1. P. 139–167.
- Yeh F. C., Yang R., Boyle T. 1999. POPGENE. Version 1.31. Univ. Alberta and Centre Int. Forestry Res. <http://www.ualberta.ca/~fyeh/download.htm>

Allozyme Variability of the Common Shrew *Sorex araneus* in Western Siberia

O. N. ZHIGILEVA, Z. V. SHEIKINA, N. A. MALKOVA

Tyumen State University
625003, Tyumen, Semakov str., 10
E-mail: zhigileva@mail.ru

Allozyme variability of the common shrew *Sorex araneus* in Western Siberia was studied. The low level of genetic variability and the lack of significant differences in performance polymorphism of populations living in the taiga, subtaiga and forest-steppe regions were revealed. The high level of genetic differentiation of populations belonging to the adjacent chromosomal races – Novosibirsk and Serov ($F_{ST} = 0.3$) was shown.

Key words: *Sorex araneus*, genetic variability, allozymes, Western Siberia, chromosome races.