

## Список использованных источников / References

- Lindqvist C., Bachmann L., Andersen L. W., Born E. W., Arnason U., Kovacs K. M., Lydersen C., Abramov A. V., Wiig Ø. 2008. The Laptev Sea walrus *Odobenus rosmarus laptevi*: an enigma revisited // *Zoologica Scripta* (38): 113–127.
- Sonsthagen S. A., Jay C. V., Fischbach A. S., Sage G. K., Talbot S. L. 2012. Spatial genetic structure and asymmetrical gene flow within the Pacific walrus // *Journal of Mammalogy* 93 (6): 1512–1524.
- Shaw CN, PJ Wilson, BN White. 2003. A reliable molecular method of gender determination for mammals//*J. Mammal.* 84: 123–128.

### Микросателлитная изменчивость атлантического моржа (*Odobenus rosmarus rosmarus*) с лежбищ архипелага Земля Франца Иосифа и северной оконечности Новой Земли

Шитова М.В.<sup>1</sup>, Гаврило М.В.<sup>2</sup>, Мизин И.А.<sup>2</sup>, Краснов Ю.В.<sup>3</sup>, И.И. Чупин<sup>4</sup>

1. ФГБУН Институт общей генетики им.Н.И.Вавилова РАН, Москва, Россия
2. ФГБУ «Национальный парк «Русская Арктика», Архангельск, Россия
3. Мурманский морской биологический институт КНЦ РАН, Мурманск, Россия
4. Институт систематики и экологии животных СО РАН, Новосибирск, Россия

### Microsatellite variability of Atlantic walruses (*Odobenus rosmarus rosmarus*) from Franz-Josef Land and northern tip of Novaya Zemlya haul-outs

Shitova M.V.<sup>1</sup>, Gavrilov M.V.<sup>2</sup>, Mizin I.A.<sup>2</sup>, Krasnov Yu.V.<sup>3</sup>, Chupin I.I.<sup>4</sup>

1. Vavilov Institute of General Genetics Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia
2. The National Park «Russian Arctic», Arkhangelsk, Russia
3. Murmansk Marine Biological Institute (Kola Science Center, Russian Academy of Sciences) Murmansk, Russia.
4. Institute of Systematics and Ecology of Animals, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia

Атлантический морж *Odobenus rosmarus rosmarus* — один из трех подвидов моржа, населяющих Арктику. В результате интенсивного промысла, проводившегося в течение нескольких столетий, численность моржа в Восточной Атлантике катастрофически сократилась, сузился и ареал в целом. В России атлантический морж охраняется с 1956 г., он занесен в Красную книгу РФ (категория 2). В 1993 г. Североатлантическая комиссия по морским млекопитающим (NAMMCO) включила атлантического моржа в свой список приоритетных видов и запросила у научного комитета информацию по состоянию отдельных стад моржа. В результате появился на свет обзор под редакцией Э. Борна с соавторами (Born et al., 1995). Для российской Арктики было выделено два стада: совместное с Норвегией шпицбргенское и Земли Франца-Иосифа и «внутреннее» — карское и южно-баренцевоморское. Отмечено, что оба они находятся в процессе восстановления численности и ареала после запрета на добычу. Вместе с тем, подчеркнут общий недостаток современной научной информации для восточной части ареала подвида, в т.ч. относительно разграничения отдельных стад, популяционной и территориальной структуры группировок. Существует мнение о существовании единого северного стада, объединяющего моржей северо-востока карско-баренцевоморско-

## INTRODUCTION

Atlantic walrus *Odobenus rosmarus rosmarus* is one of the three walrus subspecies dwelling in Arctic. Due to the intensive harvesting being conducted for the several centuries the abundance of walrus in the Eastern Atlantic dropped dramatically and the core area of the species generally grew smaller. Atlantic subspecies of the walrus has a respective record in the Red Book of RF (category 2) and is under protection from 1956. In 1993 Northern-Atlantic Marine Mammals Commission (NAMMCO) included Atlantic walrus to their list of the priority species and sent a request to the scientific committee for the information about the condition of the particular herds of walrus. The result of the request was represented as the survey under the editorship of E. Born et al. (Born et al., 1995). There were two herds assigned for Russian Arctic: the one shared with Norway — Spitsbergen and Franz Josef Land — and one belonging to the inner territories at the areas of Kara and South of the Barents Sea. Both of them are in the process of the abundance and area reconstruction after the prohibition of harvesting. Alongside with that there is a notice of the general deficiency of the current scientific information for the eastern part of the core area of the species including data about the distinctions between the separate herds, population- and



Рис. 1. Места сбора проб биопсии атлантического моржа на севере Баренцева моря

Fig. 1. Locations of the Atlantic walrus biopsy sample collection in the north of Barentsev Sea

го региона (NAMMCO/15/5 2006). Единство популяции, населяющей Шпицберген и Землю Франца-Иосифа, доказано современными методами с использованием спутникового мечения (Lydersen, Covacs, 2013, Freitas et al., 2009, Wiig et al., 1996) и молекулярной генетики (Andersen et al., 1998). Наблюдается половая сегрегация животных: на Шпицбергене летом сосредотачиваются преимущественно самцы, в то время как самки и молодые животные держатся восточнее, в незначительном количестве в крайних северо-восточных районах Шпицбергена, а основная масса — в районе о. Виктория и на Земле Франца-Иосифа (Gjertz, Wiig, 1994, Lydersen, Covacs, 2013, наши данные). Связь между группировками, населяющими ЗФИ, север Новой Земли и острова Карского моря, остается невыясненной (Беликов, 2010, Гаврило, 2010). Для формирования обоснованного представления о популяционной структуре атлантического подвида моржа в этом регионе необходимо использование комплекса методов, включая молекулярно-генетические исследования (NAMMCO/15/5 2006).

#### МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА

Образцы биопсии от атлантического моржа были получены с четырех береговых лежбищ в пределах особо-охраняемых природных территорий северо-востока Баренцева моря: государственного федерального заказника «Земля Франца-Иосифа» (острова Земли Франца-Иосифа) и национального парка «Русская Арктика» (о. Северный, архипелаг Новая Земля) в августе 2013 г. (рис. 1, таб. 1). Биопсию кожного покрова отбирали при помощи арбалета со стрелой, оснащенной специальным пробоотборником. Пробы помещали в пробирки с 96% этанолом, через сутки этанол заменяли, после чего пробы хранили при температуре окружающего воздуха.

territory-oriented herd structures. There is an opinion that there exist a joint northern herd of walrus which includes all the animals of the northern-east of Kara and Barentsev Sea region (NAMMCO/15/5 2006). The unity of this population of Spitsbergen and Franz Josef Land is confirmed by contemporary research methods via the use of the satellite tagging (Lydersen, Covacs, 2013, Freitas et al., 2009, Wiig et al., 1996) and molecular genetics (Andersen et al., 1998). There is also observed gender segregation of the animals: in the summer time its mostly male animals at Spitsbergen while female and young animals stay east, in smaller groups in the bordering north-eastern Spitsbergen areas, and their majority stays in the area of the Victoria Island of the Franz Josef Land (Gjertz, Wiig, 1994, Lydersen, Covacs, 2013, наши данные). The connection between the herds at FJL, north of the Novaya Zemlya and islands of Kara Sea is still unclear (Belikov, 2010, Gavrilo, 2010). To formulate the justified description of the population structure of the Atlantic subspecies of walrus in this region it is necessary to use a complex of the methods, including molecular-genetic research (NAMMCO/15/5 2006).

#### МАТЕРИАЛ И МЕТОДОЛОГИЯ

Biopsy samples of the Atlantic walrus were obtained from four shore rookeries on the territory of the natural reserve being under the particular protection at the north-east of the Barentsev Sea: state federal natural reserve "Franz Josef Land" (islands of the Franz Josef Land archipelago) and national park "Russian Arctic" (Severnyi island, Novaya Zemlya archipelago) Biopsy samples of the skin were collected with the use of a crossbow with the arrow, equipped with a special sampling tube. The samples were put into the test-tubes with 96% ethanol.

Табл. 1. Пробы биопсии атлантического моржа, собранные на севере Баренцева моря.

Tab. 1. Atlantic walrus biopsy samples, collected in the north of Barentsev Sea.

Дата/Date	Лежбище/Rookery	Архипелаг/Archipelago	Количество/Number
01.08.2013 г.	о. Мертвого тюленя/Mertvogo tiulenia island	ЗФИ/FJL	4 (3 самки, 1 самец) 4 (3 female, 1 male)
08.08.2013 г.	о. Аполлонова/Appolonova island	ЗФИ/FJL	3 (самцы)/3 (male)
14.08.2013 г.	о. Матильды/Matildy island	ЗФИ/FJL	2 (самцы)/2 (male)
2013 г.	Большие Оранские о-ва/ Bolshye Oranskije islands	Новая Земля	8 (самцы)/8 (male)

Исследования проводились в лаборатории генетических проблем идентификации Института общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН.

Методика выделения ДНК, постановки ПЦР, определения длин фрагментов и панель использованных локусов были аналогичными описанным в предыдущей работе (Шитова и др., 2015, наст. сборник)

#### Определение половой принадлежности.

Для определения половой принадлежности использовали две пары праймеров (для независимого контроля результатов) указанных в работах Shaw с соавторами (Shaw et al., 2003) и Fischbach с соавторами (Fischbach et al., 2008).

Праймеры отжигаются на гомологичных участках ДНК X- и Y-хромосом. Наличие двух полос свидетельствует о присутствии в образце как X-, так и Y-хромосом. Наличие одной полосы свидетельствует о присутствии в образце только X-хромосомы.

На рисунке 2 видно, что образец № 5 не получился, при повторном анализе удалось выяснить, что образец № 5 — самка.

Образцы с лежбищ Земли Франца-Иосифа принадлежали 3 самкам и 6 самцам, а все 8 образцов с Оранских островов (Новая Земля) принадлежали самцам (таб. 1).

#### Статистическая обработка результатов

В программе GDA (Lewis, Zaykin, 2001), был произведен расчет значений ожидаемой ( $H_E$ ) и наблюдаемой гетерозиготности ( $H_O$ ), среднего числа аллелей на локус, оценка межпопуляционной дифференциации  $\theta_{ST}$  бутстрэп-интервал для  $\theta_{ST}$  проведен статистический тест по каждому локусу генотипических распределений равновесию Харди-Вайнберга. Для оценки аллельного разнообразия использовали показатель  $\mu$  (Животовский, 1983)

В программе Structure 2.3.3 (Pritchard et al., 2000) проводили тест на гетерогенность выборок и выявляли оптимальное количество популяций, для микросателлитного анализа использовали модель смешения (admixture model), burnin — 20000, количество MCMC после burnin — 5000000, K от 1 до 4, с 10 повторами для каждой K.

#### РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Оценка частот аллелей, гетерозиготности и внутрипопуляционного разнообразия.

Ethanol was changed in 24 hours and the samples were stored at the temperature of the surrounding air.

The research was conducted in the laboratory of the genetic problem identification of the General Genetics Institute by the name of Vavilov N. I. of RAS.

Method of DNA purification, PCR design, definition of the fragment's lengths and panel of the loci used were the same as described in the previous work (Shytova et al., 2015, present compilation)

#### Gender identity definition.

To define the gender identity there were used two pairs of primers (for the independent result control), mentioned in the works of Shaw et al. (Shaw et al., 2003) and Fischbach et al. (Fischbach et al., 2008).

Primers were labeling the homogeneous parts of DNA X- and Y-chromosome. The presence of two stripes is an evidence of both X and Y-chromosomes being present in the given sample. The presence of only one stripe is an evidence of only X-chromosome being present.

Picture 2 shows that the sample № 5 didn't work out correctly and the repeat analysis revealed that № 5 was a female.

The sample from the rookeries at Franz Josef Land belonged to 3 female and 6 male animals while all 8 sample from the Oranskije islands (Novaya Zemlya) belonged to the male animals (tab. 1).

#### Statistic result processing

GDA (Lewis, Zaykin, 2001) software allows to make a calculation of the values of the expected ( $H_E$ ) and observed heterozygosity ( $H_O$ ), average number of the alleles per locus, estimation of the interpopulational differentiation  $\theta_{ST}$  and bootstrap-interval for  $\theta_{ST}$ . There was also conducted a statistical test for each locus on genotypic distribution balance by Hardy-Weinberg. Index  $\mu$  was used for the evaluation of the allele diversity (Zhyvotovskiy, 1983)

With the Structure 2.3.3 (Pritchard et al., 2000) software there was conducted test of sample hesitation and defined an optimum populations' number. Microsatellite analysis was based on the admixture model, where burning — 20000, number of MCMC after burning — 5000000, K ranging from 1 to 4, with 10 repetitions for each K.

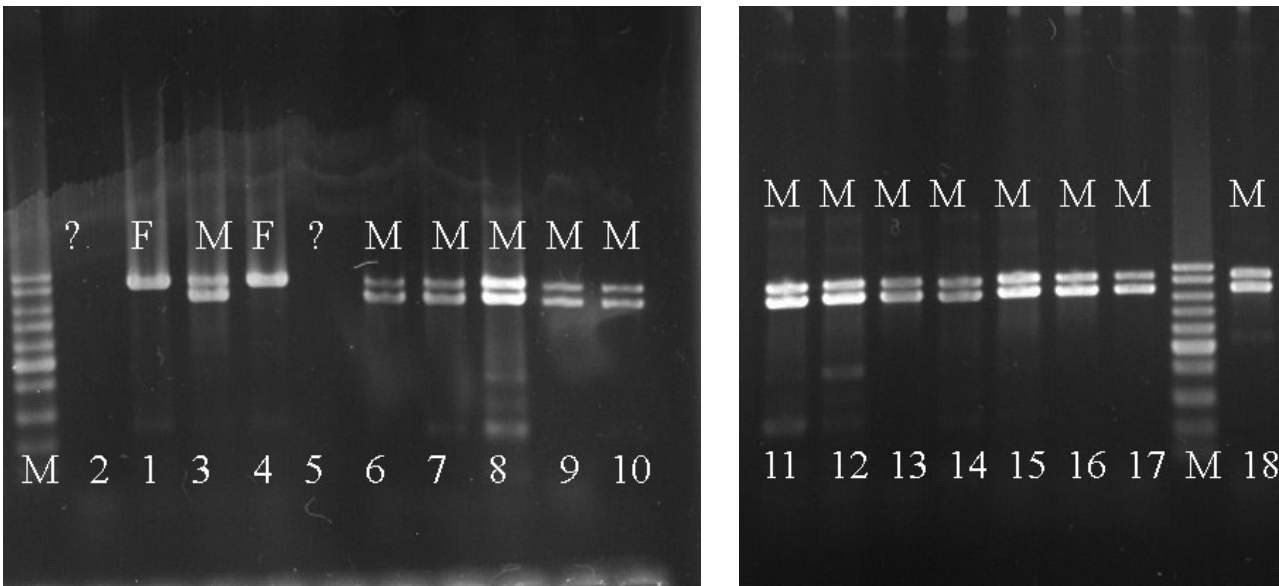


Рис. 2. Половая принадлежность исследованных образцов с праймерами из работы Shaw et al., 2003. Нижняя надпись: № 1–18 –номера образцов, М — маркер, верхняя надпись: F — самки, М — самцы, ? — не удалось определить пол.

Fig. 2. Gender identity of the samples with primers from the work by Shaw et al., 2003. Bottom inscription: № 1–18 –sample numbers, М — marker, top inscription: F — female animals, М — male animals, ? — failure to identify gender.

Число обнаруженных аллелей во всех локусах колебалось от 1 (*Hi-2* и *Orr4*) до 8 (*Hg4.2*).

Наблюдаемая гетерозиготность для полиморфных локусов изменялась в пределах от 0,200 (*Hi-8*) до 0,9412 (*Orr3*). Средняя гетерозиготность (*He*) составила  $0,543 \pm 0,033$  (табл. 2), что значительно ниже таковой у тихоокеанского подвида моржа (мыс Ванкарем, о. Колючин, мыс Сердце-Камень —  $0,655 \pm 0,024$ ) исследованного на той же панели микросателлитных локусов (Шитова и др., 2015, наст. сборник). Отмеченное значение гетерозиготности так же ниже, чем указано в работе Andersen и Born (Andersen and Born, 2000) для западной и северо-западной группировок Гренландии атлантического подвида моржа (0,634 и 0,597 соответственно) и в работе Andersen с соавторами (Andersen et al., 1998) для выборок атлантического моржа со Шпицбергена (Svalbard), северо-западной Гренландии (Thule), восточной Гренландии (Dove bay, Scoresby Sound) и Земли Франца-Иосифа на 1992 г., когда значения гетерозиготности по всем выборкам варьировали от 0,607 до 0,652.

Пониженное значение гетерозиготности для образцов, исследованных нами, свидетельствует о периоде депрессивной численности в демографической истории популяции. Сниженное генетическое разнообразие у данной группировки моржей с ЗФИ за 2013 г. по сравнению с образцами с ЗФИ за 1992 г. (Andersen et al., 1998) может быть связано как со статистической ошибкой из-за небольшого объемом выборки (9 — особей.), так и с тем, что в цитируемой работе использовалась дру-

## RESULTS AND DISCUSSION

Alleles' frequency, heterozygosity and intrapopulation diversity evaluation.

The number of the alleles discovered in all loci was hesitating between 1 (*Hi-2* and *Orr4*) and 8 (*Hg4.2*).

The observed heterozygosity of the polymorph loci was hesitating between 0,200 (*Hi-8*) and 0,9412 (*Orr3*). An average heterozygosity (*He*) value was  $0,543 \pm 0,033$  (Table 2), which is significantly lower than the one of the pacific walrus specie что значительно ниже таковой у тихоокеанского подвида моржа (Vancarem cape, Koliuchin Island, Serdse-Kamen cape —  $0,655 \pm 0,024$ ) which was researched with the same panel of the microsatellite loci (Shytova et alias, 2015, present compilation). The defined heterozygosity value is also lower than it is reported in the work by Andersen and Born (Andersen and Born, 2000) for the western and north-western herds of Greenland Atlantic walrus subspecie (0,634 and 0,597 respectively) and in the work by Andersen et alias (Andersen et al., 1998) for the selections of the Atlantic walrus from Spitsbergen (Svalbard), north-western Greenland (Thule), eastern Greenland (Dove bay, Scoresby Sound) and Franz Josef Land for 1992 when the heterozygosity values according to all the selections were hesitating between 0,607 and 0,652.

The decreased heterozygosity values for the samples we studied are an evidence for the period of the depressive abundance in the demographic history of the population. The decreased genetic diversity of the

Табл. 2. Показатели генетического разнообразия  
Tab. 2. Indexes of the genetic diversity

Выборка/Selection	Количество образцов Number of samples	В среднем по 20 локусам/In average by 20loci			
		Показатель $\mu$ , шт. Index $\mu$ , psc.	He	Ho	p
ЗФИ/FJL	9	3,237±0,023	0.553±0,033	0.544	0,058
Новая Земля/ Novaya Zemlya	8	3,097±0,027	0.521±0,034	0.544	0,059
При совместном рассмотрении/In total	17	3,167±0,025	0.544±0,33	0.544	0,045

Примечание: показатель  $\mu$  — отражает аллельное разнообразие и зависит от частот аллелей (Животовский, 1983),  $H_o$  — средняя наблюдаемая гетерозиготность,  $H_e$  — средняя ожидаемая гетерозиготность,  $p$  — вероятность соответствия наблюдаемых генотипических распределений равновесию Харди-Вайнберга (по 20-ти локусам)

Note: index  $\mu$  stands for the allele diversity and depends of the frequency of allele- (Zhyvotovskiy, 1983),  $H_o$  is an average observed heterozygosity,  $H_e$  is an average expected heterozygosity,  $p$  — probability of the correspondence of the observed genotype distributions with the balance of Hardy-Weinberg (by 20 loci).

гая панель микросателлитных локусов. Данный вопрос прояснится после увеличения объема исследованного материала.

Популяционная иерархия и структура популяции

Величина генетических различий между популяциями (уровень межпопуляционных различий по частотам генов, степень дифференциации) обычно оценивается через величину  $F_{st}$ . В данной работе мы оценивали степень дифференциации ( $\theta_{st}$ ) по руководству Вейра (Вейр, 1995)

Степень генетической дифференциации оценивает долю генетической изменчивости (во всей той изменчивости которую мы наблюдаем между образцами) обуславливающую различия между исследованными группировками.

При сравнении 9 образцов с ЗФИ и 8 образцов с Новой Земли достоверных различий между выборками не выявлено.

Тест на генетическую гетерогенность выборок показал, что средняя степень дифференциации выборок 2% [бутстреп-интервал от — 0,4% до 4,3%], величина не значима, т.к. нижняя граница бутстрэпп-интервала — отрицательная величина. Согласно данному методу анализа, исследованные выборки генетически не различаются между собой.

Тест на гетерогенность выборки в программе Structure 2.3.3 (Pritchard et al., 2000) подтверждает отсутствие различий между животными с лежбищ ЗФИ и Севера Новой Земли (рис.3) .

Полученные результаты могут быть следствием недостаточности объема выборок, для выявления существующих различий (9 и 8 образцов). Вопрос проясниться при увеличении объема выборок.

#### ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Среди 17 исследованных животных выявилось 14 самцов и только 3 самки.

given walrus herd from FJL for 2013 compared to the samples from FJL for 1992 (Andersen et al., 1998) can be explained by the statistical mistake because of the limited selection (9 animals) as well as by the fact that the work being quoted had another panel of the microsatellite loci as a basis. This question can be clarified after the increase of the volume of the material researched.

Hierarchy and structure of the population

The value of the genetic differences between the populations (level of the intrapopulation differences by the gene frequency, differentiation rate) is usually calculated via the value of  $F_{st}$ . In the present work we were estimating differentiation rate ( $\theta_{st}$ ) according to the Weir instructions (Weir, 1995)

Genetic differentiation rate evaluated the proportion of the genetic hesitation (in all the genetic hesitations that we can see between the samples) which produces differences between the herds subject to research.

When comparing 9 samples from FJL and 8 samples from Novaya Zemlya there were no significant differences between the selections.

Test for the genetic sample hesitation demonstrated that the average rate of the sample hesitation was 2% [bootstrap interval from — 0, 4% to 4, 3%], the value which is not significant as the lower margin of the bootstrap interval is a negative value. According to the present analysis method the subject sample selections have no genetic differences.

Test of the sample hesitation run by the Structure 2.3.3 (Pritchard et al., 2000) confirms absence of the differences between the animals from the rookeries FJL and north of Novaya Zemlya (Pic. 3) .

The results obtained can be a consequence of the sample selection insufficiency which did not allow revealing the existing differences (9 and 8 sample). This question

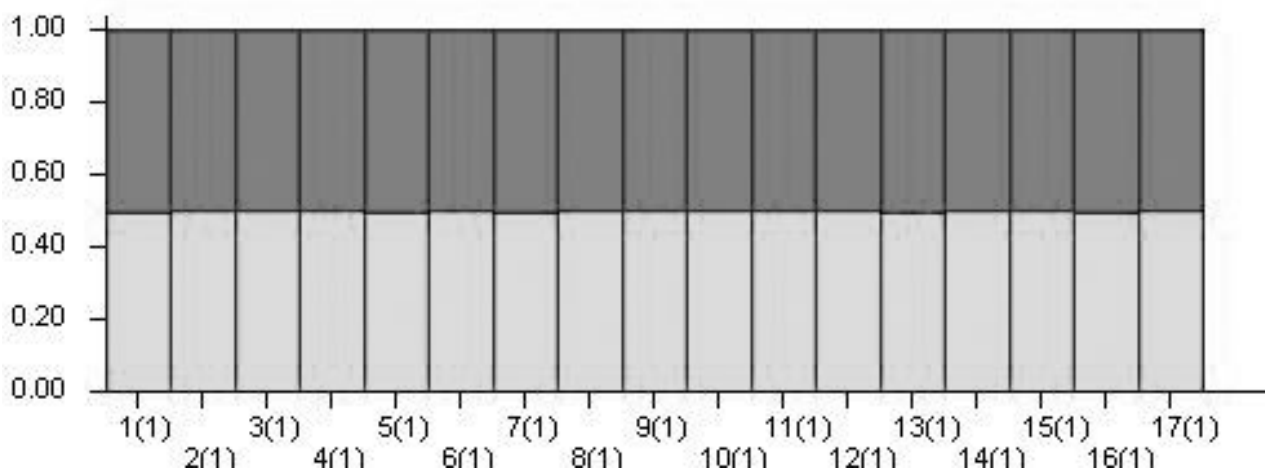


Рис. 3. Результаты кластерного анализа с использованием программы Structure 2.3.3 для K=2.

Примечание: каждый столбец — отдельное животное. Видно, что при попытке разделить имеющихся особей на две группы вероятность каждой особи принадлежать к той или иной группировке одинаковая. Большая вероятность, что исследованные особи принадлежат к одной группировке чем к двум.

Fig. 3. Results of the cluster analysis with the help of the software Structure 2.3.3 for K=2.

Note: each column stand for a particular animal. It is visible that an attempt to divide all the animals into two groups shows the result that any of the animals can belong to one group as well as to another. The probably that all animals subject to research belong to one herd than to two is higher.

В данной работе было показано пониженное генетическое разнообразие моржей с лежбищ Земли Франца-Иосифа и Оранских островов (северная оконечность Новой Земли) по сравнению тихоокеанским моржом (мыс Ванкарем, о.Колючин, мыс Сердце-Камень).

Очевидно, пониженное генетическое разнообразие является следствием прохождения популяции через «бутылочное горлышко» в недавнем прошлом. Существенное снижение численности популяции атлантических моржей на севере Баренцева моря, как следствие чрезмерного промысла в XVII — начале XX вв., хорошо задокументировано (Gjertz et al., 1992, 1998, Gjertz, Wiig, 1994). Наибольший урон был нанесен шпицбергенской группировке моржей (Gjertz, Wiig, 1994). Численность моржей на Земле Франца-Иосифа была также серьезно подорвана на рубеже XIX–XX вв., вплоть до 1930-х гг. Минимальная численность моржей на архипелаге по состоянию на середину XX в. оценивалась в 11–17% от предпромысловый и составляла около 1000 особей (Gjertz et al., 1998). В период снижения численности, очевидно, произошла и фрагментация ареала. Вероятно, на минимуме численности именно в районе Земли Франца-Иосифа сохранилось ядро репродуктивного стада атлантического моржа северо-востока карско-баренцевоморского региона, которое и стало основателем восстанавливающегося северного стада. Ограниченное число особей-основателей повлекло снижение

can be clarified after the increase of the volume of the material researched.

#### CONCLUSION

There were 14 males and only 3 female animals which were found among 17 animals under the research.

The present work demonstrates a decrease of the genetic diversity of walrus from the rookeries at Franz Josef Land and Oranskie islands (northern extremity of Novaya Zemlya) in comparison to the Pacific walrus (Vanca-rem cape, Koliuchin Island, Serdse-Kamen cape) .

Obviously the decrease of the genetic diversity is a result of the significant population drop in the nearest past. A significant drop in the population abundance of the Atlantic walrus in the north of the Barentsev Sea was a result of the excessive harvesting in XVII — at the beginning of XX century which is well-documented (Gjertz et al., 1992, 1998, Gjertz, Wiig, 1994). The heaviest damage was done to the Spitsbergen herd of walruses (Gjertz, Wiig, 1994). The abundance of the walruses at Franz Josef Land also decreased significantly between XIX–XX centuries, up to 1930. The minimal number of walruses on the archipelago in the middle of XX was estimated at 11–17% of the pre-industrial and suggested about 1000 animals (Gjertz et al., 1998). During the period of the abundance decrease the core area fragmentation obviously took place. Most likely the reproductive core of the Atlantic walrus herd of north-east of Kara and Barentsev Sea was preserved in their minimal numbers in the

генетического разнообразия и возникновению эффекта «бутылочного горлышка». В настоящее время наблюдается активное восстановление численности и демографической структуры населения моржей на Шпицбергене (Lydersen et al., 2008, Lyderse, Kovacs, 2013), численность моржей на Земле Франца-Иосифа приближается к исходной (Гаврило, Мизин, 2014 в печати). Вместе с тем, сохранившееся после прохождения «бутылочного горлышка» пониженное генетическое разнообразие группировки, может быть причиной уменьшения приспособляемости популяции к условиям быстро меняющейся окружающей среды и растущего антропогенного пресса. Таким образом, популяции атлантического моржа могут быть более уязвимы к различным стрессам, чем популяции моржа тихоокеанского, что необходимо учитывать при разработке мер по охране и поддержанию устойчивых популяций подвидов, занесенного в Красную книгу РФ.

По результатам нашего исследования, моржи с лежбищ Земли Франца-Иосифа и с лежбища Больших Оранских островов, генетически не различаются между собой. Однако для окончательного прояснения этого вопроса необходимо увеличение объема выборок.

Работа поддержана грантом Русского географического общества «Исследование роли заказника «Земля Франца-Иосифа» в сохранении популяций редких видов морских млекопитающих и белого медведя», полевые работы на Земле Франца-Иосифа выполнялись в рамках комплексной международной экспедиции совместно с Национальным географическим обществом США «Pristine Seas Expedition FJL 2013» / «Первозданные моря: экспедиция ЗФИ-2013») под эгидой РГО.

area around Franz Josef Land and became the center of reconstruction of the north herd. The limited number of the reproducing animals resulted into the decrease of genetic diversity and created a chokepoints effect. At the present time an active reconstruction of abundance and demographical structure of walrus population is being observed at Spitsbergen (Lydersen et al., 2008, Lyderse, Kovacs, 2013), the abundance of walrus at Franz Josef Land is approaching its initial value (Gavrilo, Mizin, 2014 in print). However, the continuing state of genetic diversity decrease after the chokepoints effect can result into the decrease of the population's ability to respond to the fast changes of the environment and growing anthropogenic pressure. Thus the populations of the Atlantic walrus can be more vulnerable to various kinds of stress than the Pacific populations. This should be taken into account during the development of measures for protection and support of the substantial populations of the subspecies, which is represented in the Red Book of RF.

According to the results of our research there is no genetic difference between the walrus from the rookeries at Franz Josef Land and those from the rookeries at Bolshyje Oranskije islands. However, this question can be clarified after the increase of the volume of the material researched.

This work was conducted with support of the grant of the Russian Geographical Society «Research on the role of the nature reserve «Franz Josef Land» as a means of preservation of populations of rare marine mammals' species and white bear». The field works on the Franz Josef Land were a part of the complex international expedition conducted in collaboration with the National Geographical Society of USA «Pristine Seas Expedition FJL 2013» under the auspices of RGS.

## Список использованных источников / References

Беликов С.Е. 2010. Морские млекопитающие Российской Арктики: изменения численности и среды обитания под воздействием антропогенных и природных факторов, Матишов Г.Г., Тишков А.А. (Ред.) Наземные и морские экосистемы. Вклад России в Международный полярный год 2007/08, Издательство — Европейские издания (ООО «Паулсен», С. 130–201.

Вейр Б. 1995. Анализ генетических данных. М., Мир. 400 с.

Гаврило М. В. 2010. О распределении атлантического моржа на севере Карско-Баренцевоморского региона // Морские млекопитающие Голарктики: сборник научных трудов по материалам шестой международной конференции (Калининград, 11–15 октября 2010 г.). Калининград: Капрос, С. 125–129.

Гаврило М. В., Мизин И. А. 2014. Состояние популяции атлантического моржа в федеральном заказнике «Земля Франца-Иосифа». Труды Кольского научного центра РАН. Апатиты. (в печати)

Животовский Л. А. 1983. Статистические методы анализа частот генов в природных популяциях // Итоги науки и техники. Общая генетика. М.: ВИНТИ, с. 76–104.

Шитова М. В., Кочнев А. А., Стишов М. С. 2015. Генетическое разнообразие моржей российской Арктики: лаптевский (*Odobenus rosmarus laptevi*) и тихоокеанский (*Odobenus rosmarus divergens*) подвиды // Настоящий сборник

## Список использованных источников / References

- Andersen L. W., Born E. W., Gjertz I., Wiig Ø., Holm L. E., Bendixen C. 1998. Population structure and gene flow of the Atlantic walrus (*Odobenus rosmarus rosmarus*) in the eastern Atlantic Arctic based on mitochondrial DNA and microsatellite variation. *Molec. Ecol.* 7 (10):1323–1336. DOI: 10.1046/j.1365-294x.1998.00455.x
- Andersen L. W., Born E. W. 2000. Indications of two genetically different subpopulations of Atlantic walruses (*Odobenus rosmarus rosmarus*) in west and northwest Greenland // *Can. J. Zool.* (78): 1999–2009.
- Born E. W., Gjertz I., Reeves R. R. 1995. Population assessment of the Atlantic walrus (*Odobenus rosmarus rosmarus* L.) // *Norsk Polarinstitutt Meddelelser.* № 138. 100 p.
- Fischbach A. S., Jay C. V., Jackson J. V., Andersen L. W., Sage G. K., Talbot S. L. 2008. Molecular method for determining sex of walruses // *J. Wildlife Manage.* (72): 1808–1812.
- Freitas C., Kovacs K. M., Ims R. A., Fedak M. A., Lydersen C. 2009. Deep into the ice. Over-wintering and habitat selection in male Atlantic walruses // *Mar. Ecol. Progr. Ser.* V. 375. P. 247–261.
- Gjertz I., Hansson R., Wiig Ø. 1992. The historical distribution and catch of walrus on Franz Josef Land // *Environmental studies from Franz Josef Land, with emphasis on Tikhaia Bay, Hooker Island.* Norsk Polarinstitutt Meddelelser. № 120. P. 66–81.
- Gjertz I., Wiig Ø. 1994. Past and present distribution of walruses in Svalbard // *Arctic.* V. 42. N 1. P. 34–42.
- Gjertz I., Wiig Ø., Øritsland N. A. 1998. Backcalculation of original population size for walruses *Odobenus rosmarus* in Franz Josef Land // *Wildlife Biology.* Iss. 4. P. 223–230.
- Lewis P. O., Zaykin D. 2001. Genetic Data Analysis: Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0 (d16c). Free program distributed by the authors over the internet from <http://lewis.eeb.uconn.edu/lewishome/software.html>
- Lydersen C., Aars J., Kovacs K. M. 2008. Estimating the number of walruses in Svalbard based on aerial surveys and behavioural data from satellite telemetry. *Arctic.* 61 (2):119–128. Stable URL: <http://www.jstor.org/stable/40513198>
- Lydersen C., Kovacs K. M. 2013. Walrus *Odobenus rosmarus* research in Svalbard, Norway, 2000–2010. NAMMCO Scientific Publications. doi: <http://dx.doi.org/10.7557/3.2613>
- NAMMCO/15/5 2006. Report of the NAMMCO Scientific Committee Working Group on the Stock Status of Walruses in the North Atlantic and Adjacent Seas, Pp. 96–123
- Pritchard, J. K., Stephens, M., and Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155:945–959.
- Shaw CN, PJ Wilson, BN White. 2003. A reliable molecular method of gender determination for mammals // *J. Mammal.* 84: 123–128.
- Wiig, O., Gjertz J., Griffiths D. 1996. Migration of Walruses (*Odobenus rosmarus*) in the Svalbard and Franz Josef Land area // *Journal of Zoology.* V. 238. № 4. P. 769–784.