

Таким образом, применив расчетную формулу 2, получаем возможную численность беломорской популяции гренландских тюленей в 2013 г.:

$$S = (0,5+2) * 163000 / 0,5 + 163000 * 0,8 + 163000 * 0,728 + 163000 * 0,6843 + 157000 * 0,6501$$

Просуммировав и округлив, получим, что численность популяции в 2013 г. при заданном возрасте половозрелости (5 лет) и коэффициенте беременности (0,5) составляет S=1108 тысяч особей.

По литературным данным (обзор см. Яковенко, 1967), возраст наступления половозрелости самок гренландского тюленя составляет 5–6 лет, и доля ежегодно размножающихся самок составляет 50–70%. Исходя из этого, можно определить возможную общую численность беломорской популяции гренландского тюленя в 2013 г. в пределах 1034–1249 тысяч особей.

the possible White Sea Greenland seal population abundance in 2013:

$$S = (0,5+2) * 163000 / 0,5 + 163000 * 0,8 + 163000 * 0,728 + 163000 * 0,6843 + 157000 * 0,6501$$

The summarized and expressed in the round numbers figure for the population abundance in 2013 for the definite reproductive maturity age (5 years) and pregnancy index (0,5) is S=1108 thousands members.

According to the information obtained from the other literature sources (review by Jakovenko, 1967) the reproductive maturity age for the Greenland seal females comes when they are 5–6 years old and the share of the annually productive females is 50–70%. Thus it is possible to estimate the total White Sea Greenland seal population abundance for 2013 around 1034–1249 thousands members.

### Список использованных источников / References

Шафиков И. Н. Беломорская популяция гренландского тюленя (*Phoca groenlandica*). Куда пропали один миллион тюленей? Морские млекопитающие Голарктики 2012: сб. науч. тр. по материалам седьмой Междунар. конф. (Суздаль, 24–28 сентября 2012 г.).— М., 2012.— Т. 2.— С. 378–381.

Яковенко М. Я. Беломорская популяция гренландского тюленя и перспективы ее эксплуатации. Тр. ПИНРО. 1967. Вып. 21.

### Генетическое разнообразие моржей российской Арктики: лаптевский (*Odobenus rosmarus laptevi*) и тихоокеанский (*Odobenus rosmarus divergens*) подвиды

Шитова М.В.<sup>1</sup>, Кочнев А.А.<sup>2</sup>, Стишов М.С.<sup>3</sup>

1. ФГБУН Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия

2. ФГУП «ТИНРО-центр», Чукотский филиал; Национальный парк «Берингия», Анадырь, Россия

3. Всемирный фонд природы (WWF-Россия), Москва, Россия

### Genetic diversity of walruses in the Russian Arctic: Laptev (*Odobenus rosmarus laptevi*) and Pacific (*Odobenus rosmarus divergens*) subspecies

Shitova M.V.<sup>1</sup>, Kochnev A.A.<sup>2</sup>, Stishov M.S.<sup>3</sup>

1. Vavilov Institute of General Genetics Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

2. Pacific Research Fishery Center, Chukotka Branch (ChukotTINRO), The National Park «Beringia», Anadyr, Russia

3. WWF Russia, Moscow, Russia

### ВВЕДЕНИЕ

Морж имеет циркумполярное распространение с разной степенью плотности в различных географических областях. Современная систематика выделяет три подвида: атлантический (*Odobenus rosmarus rosmarus*), тихоокеанский (*O.r.divergens*) и лаптевский (*O.r.laptevi*) — Гептнер и др., 1976). Последний подвид был выделен по измерениям очень небольшой выборки (Чапский, 1940) и его самостоятельность была подвергнута сомнению (Fay, 1985). Генетический анализ костных останков из коллекции Зоологического института

### INTRODUCTION

Walrus has circumpolar distribution with different degrees of density in different geographical areas. Modern classification distinguishes three subspecies: the Atlantic (*Odobenus rosmarus rosmarus*), the Pacific (*O.r.divergens*) and the Laptev Sea (*O.r.laptevi*) — Gепtner, et al., 1976). The latter subspecies was selected on measurements of a very small sample (Chapsky, 1940) and its independence was doubted (Fay, 1985). The genetic analysis of bone remains from the collection of Zoological institute (St. Petersburg) confirms these doubts,



Рис. 1. Места сбора материала: 1. Тихоокеанский морж 2. Лаптевский морж

Fig. 1. Places of material collection: 1. The Pacific walrus. 2. The Laptev Sea walrus.

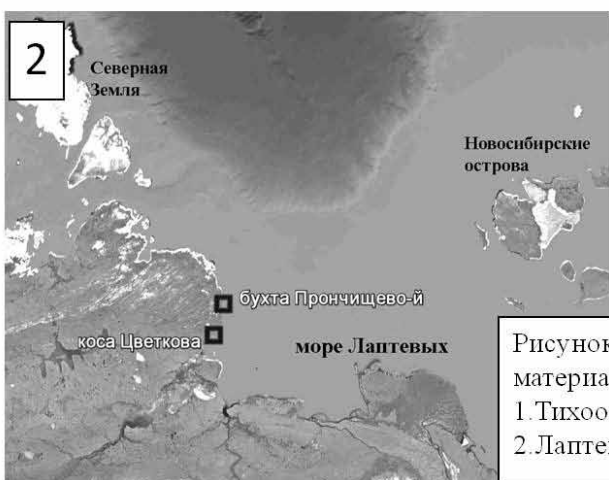


Рисунок 1. Места сбора материала:

1. Тихоокеанский морж  
2. Лаптевский морж

(Санкт-Петербург) подтверждает эти сомнения, однако выборка также была маленькой, а сами образцы очень старыми (Lindqvist et al., 2008). В то же время генетические и другие исследования последних 10–15 лет указывают на неоднородность атлантического и тихоокеанского подвидов (Andersen et al., 1998; Andersen, Born, 2000; Jay et al., 2008; Sonsthagen et al., 2012). Для понимания структуры вида особенно не хватает современного генетического материала из разных районов российской Арктики.

#### МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА

В 2007–2010 гг. был проведен сбор генетических образцов с павших и добытых коренным населением тихоокеанских моржей на трех береговых лежбищах Чукотского моря: мыс Ванкарем, о-в Колючин и мыс Сердце-Камень (рис. 1). В 2013 г. в ходе специальной экспедиции, организованной WWF-Россия при поддержке компании Canon, были собраны пробы кожи лаптевских моржей методом дистанционной биопсии с использованием арбалета на двух береговых лежбищах п-ова Таймыр: в бухте Прончищевой и на косе Цветкова (рис. 1).

Анализ собранных образцов проводили в лабора-

though the sample was small either and the samples were very old (Lindqvist et al., 2008). At the same time genetic and other studies during the last 10–15 years indicate dissimilarity of the Atlantic and the Pacific subspecies (Andersen et al., 1998; Andersen, Born, 2000; Jay et al., 2008; Sonsthagen et al., 2012). In order to understand the structure of the species we lack modern genetic material from different regions of the Russian Arctic.

#### MATERIAL AND METHODS

In 2007–2010 genetic samples from the Pacific dead walruses or walruses procured by indigenous people were collected on three coastal rookeries of the Chukchi Sea: Cape Vankarem, Kolyuchin Island and Cape Serdtse-Kamen (fig. 1). In 2013 during special expedition organized by WWF- Russia with the support of Canon company the samples of Laptev walruses' skin were collected by the method of remote biopsy with the use of crossbow on two coastal rookeries of Taymyr Peninsula: in Pronchishcheva Bay and on Tsvetkov Spit (fig. 1).

The analysis of collected samples was carried out in the laboratory of genetic problems of the N. I. Vavilov Institute of General Genetics of the Russian Academies of

тории генетических проблем идентификации Института общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН. В общей сложности были исследованы 89 образцов тихоокеанского моржа (м. Ванкарем, 2007 г. —  $n = 30$ ; м. Ванкарем, 2010 г. —  $n = 21$ ; о. Колочин, 2010 г. —  $n = 19$ ; м. Сердце-Камень, 2010 г. —  $n = 19$ ) и 32 образца моржа из моря Лаптевых (б. Прончищевой —  $n = 14$ , коса Цветкова —  $n = 18$ ).

Тотальную ДНК выделяли по стандартной методике с помощью набора реактивов «Diatom DNA Prep» фирмы ООО «Лаборатория ИзоГен».

Для ПЦР-амплификации использовали наборы Gene Park PCR Core (ООО «Лаборатория ИзоГен», Россия). Аликвоты амплифицированных продуктов разделяли в вертикальном блоке 6% неденатурирующего полиакриламидного геля в 0,5x TBE буфере pH 8,0 (Маниатис и др., 1992) при 300 В в течение 2–3 часов.

Полученные электрофореграммы визуализировали путем окрашивания бромистым этидием (5 мкг/мл, 10–15 мин) и фотографировали в УФ-свете.

В качестве маркеров длины фрагментов использовали стандарты молекулярной массы в 25 bp, 50 bp, 100 bp, («Promega») и ДНК плазмиды pBr322, обработанную рестриктазами — либо HaeIII, либо HpaII, либо BstHNI, либо Fnu4HI (НПО «СибЭнзим»).

Было проанализировано 20 микросателлитных локусов: Hgdii (SG7), Hg3.6 (SG1), Hg4.2 (SG2), Hg6.1 (SG3), Hg8.10 (SG5), Hi-2, Hi-8, Hi-15, Hi-16, Hi-20, Lc-28, Lw-10, Orr2, Orr21, Orr3, Orr4, Orr11, SGPv9 (SG8), микросателлитный локус в гене Corolc и микросателлитный локус в гене Plod2.

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

Статистическая обработка результатов. В программе GDA (Lewis, Zaykin, 2001), был произведен расчет значений ожидаемой ( $H_e$ ) и наблюдаемой гетерозиготностей ( $H_o$ ), среднего числа аллелей на локус, проведен статистический тест по каждому локусу генотипических распределений равновесию Харди-Вайнберга. Для оценки аллельного разнообразия использовали показатель  $\mu$  (Животовский, 1983).

Для сравнения показателей генетического разнообразия популяций моржа российской Арктики при проведении анализа были использованы данные по атлантическому моржу (Шитова и др., 2015, наст. сборник).

## РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Анализ половой принадлежности 32 образцов лаптевского моржа показал, что в выборке присутствовали особи обоих полов с незначительным преобладанием

Sciences. Totally 89 samples of Pacific walrus (Cape Vankarem, 2007 —  $n = 30$ ; Cape Vankarem, 2010 —  $n = 21$ ; Kolyuchin Island, 2010 —  $n = 19$ ; Cape Serdtse-Kamen, 2010 —  $n = 19$ ) and 32 samples of walrus from the Laptev Sea (Pronchishcheva Bay —  $n = 14$ , Tsvetkov Spit —  $n = 18$ ) were examined.

Total DNA was separated by standard methods using «Diatom DNA Prep» reagents kit of the firm Laboratoriya IzoGen LLC.

Gene Park PCR Core kits were used for PCR amplification (Laboratoriya IzoGen LLC, Russia). Aliquots of amplified products were separated in vertical unit of 6% nondenaturing polyacrylamide gel in 0,5x TBE buffer pH 8,0 (Maniatis, et al., 1992) at 300 V within 2–3 hours.

The received electrophoregrams were visualized by coloring with ethidium bromide (5 mkg/ml, 10–15 min.) and photographed in UV light.

As markers of samples length we used standards of molecular weight of 25 bp, 50 bp, 100 bp, («Promega»), DNA plasmids and either HaeIII, or HpaII, or BstHNI, or Fnu4HI (SibEnzym SPA) processed with restriction enzymes.

We analyzed 20 microsatellite loci: Hgdii (SG7), Hg3.6 (SG1), Hg4.2 (SG2), Hg6.1 (SG3), Hg8.10 (SG5), Hi-2, Hi-8, Hi-15, Hi-16, Hi-20, Lc-28, Lw-10, Orr2, Orr21, Orr3, Orr4, Orr11, SGPv9 (SG8), microsatellite locus at Corolc gene and microsatellite locus at Plod2 gene.

Determination of gender of the Laptev Sea walrus samples. In order to determine gender we used two pairs of primers (for independent control of the results) indicated in the studies of Shaw and coauthors (Shaw et al., 2003) and Fischbach and coauthors (Fischbach et al., 2008).

**Statistical processing of results.** In GDA program (Lewis, Zaykin, 2001) calculation of values of the expected ( $H_e$ ) and observed heterozygosities ( $H_o$ ) and average number of alleles per locus was made, statistical test for each genotypical distributions locus in Hardy-Weinberg equilibrium was made. In order to assess allelic diversity  $\mu$  index was used (Zhivotovsky, 1983).

In order to compare indices of genetic diversity of walrus populations in the Russian Arctic we used data on the Atlantic walrus in our analysis (Shitova, et al., 2015, present collection).

## RESULTS AND DISCUSSION

The analysis of gender of 32 samples of the Laptev Sea walrus showed that there were both males and females with insignificant dominance of females (17 females, 14 males; the gender of one individual could not be determined) in the sample.

Among samples of the Pacific walrus the analysis of gender showed the following ratio: in sample from Cape Vankarem for the year 2007–8 females, 11 males, in 11

Табл. 1. Показатели генетического разнообразия в исследованных выборках тихоокеанского и лаптевского моржей

Tab. 1. Indices of genetic diversity in the studied samples of the Pacific and the Laptev Sea walrus.

|                                          | Выборка/ Sample                                        | Количество образцов<br>Number of samples | В среднем по 20 локусам/ Average for 20 loci |                   |       |       |
|------------------------------------------|--------------------------------------------------------|------------------------------------------|----------------------------------------------|-------------------|-------|-------|
|                                          |                                                        |                                          | Показатель $\mu$ , шт.<br>$\mu$ index, pcs.  | He                | Ho    | p     |
| Лаптевский морж<br>The Laptev Sea Walrus | б. Прончищевой, 2013 г.<br>Pronchishcheva Bay, 2013.   | 14                                       | 3,135 $\pm$ 0,017                            | 0,512 $\pm$ 0,026 | 0,504 | 0,104 |
|                                          | коса Цветкова, 2013 г.<br>Tsvetkov Spit, 2013.         | 18                                       | 3,62 $\pm$ 0,015                             | 0,561 $\pm$ 0,023 | 0,542 | 0,078 |
| Тихоокеанский морж<br>The Pacific Walrus | м. Ванкарем, 2007 г.<br>Cape Vankarem, 2007.           | 20,8                                     | 4,19 $\pm$ 0,019                             | 0,595 $\pm$ 0,021 | 0,616 | 0,258 |
|                                          | м. Ванкарем, 2010 г.<br>Cape Vankarem, 2010.           | 18,6                                     | 4,76 $\pm$ 0,019                             | 0,635 $\pm$ 0,023 | 0,648 | 0,901 |
|                                          | о. Колючин, 2010 г.<br>Kolyuchin Island, 2010.         | 18                                       | 4,58 $\pm$ 0,021                             | 0,635 $\pm$ 0,023 | 0,625 | 0,513 |
|                                          | м. Сердце-Камень, 2010 г.<br>Cape Serdtse-Kamen, 2010. | 13                                       | 4,46 $\pm$ 0,024                             | 0,624 $\pm$ 0,026 | 0,602 | 0,218 |

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

Note:  $\mu$  index shows allele diversity and depends on allele frequencies,  $H_o$  — average observed heterozygosity,  $H_e$  — average expected heterozygosity,  $p$  — probability of correspondence of observed population genotypic distribution to Hardy-Weinberg equilibrium.

самок (17 самок, 14 самцов и у одного зверя пол определить не удалось).

Среди образцов тихоокеанского моржа анализ половой принадлежности выявил такое соотношение: в выборке с м. Ванкарем за 2007 г. — 8 самок, 11 самцов, у 11 образцов пол определить не удалось; в выборке с м. Ванкарем за 2010 г. — 9 самок, 9 самцов, у 3 образцов пол определить не удалось; в выборке (3) с о. Колючин за 2010 г. — 3 самки и 16 самцов; в выборке м. Сердце-Камень за 2010 г. — 5 самок, 7 самцов, у 7 образцов пол определить не удалось.

В таблице 1 представлены показатели генетического разнообразия в изученных группировках тихоокеанского и лаптевского моржа по 20 микросателлитным локусам.

Рисунок 2 графически представляет данные из табл. 1, с включением результатов анализа выборок атлантического моржа с ЗФИ и Новой Земли (Шитова и др., 2015, наст. сборник). На диаграмме представлены значения средней ожидаемой гетерозиготности и среднего показателя  $\mu$  по 20 микросателлитным локусам для каждой из изученных группировок. Хорошо заметно, что у особей атлантического и лаптевского моржей генетическое разнообразие значительно ниже, чем у тихоокеанского.

Кроме того, для всех изученных группировок проведен анализ показателей генетического разнообразия в целом по профилям из 20 оценок ожидаемой гетерозиготности и 20 показателей  $\mu$  для каждого локуса (дендрограмма на рис.2.).

samples the could not be determined; in sample from Cape Vankarem for the year 2010–9 females, 9 males, in 3 samples the gender could not be determined; in samples (3) from Kolyuchin Island for the year 2010–3 females and 16 males; in sample from Cape Serdtse-Kamen for the year 2010–5 females, 7 males, in 7 samples the gender could not be determined.

Table 1 shows indices of genetic diversity in the studied groups of the Pacific and the Laptev Sea walrus on the basis of 20 microsatellite loci.

Figure 2 graphically represents data from tab. 1, including the results of the analysis of samples of the Atlantic walrus from Franz Joseph Land and Novaya Zemlya (Shitov, et al., 2015). The diagram shows values of the average expected heterozygosity and average value  $\mu$  on the basis of 20 microsatellite loci for each of the studied groups. It is easy to notice that genetic diversity of the Atlantic and the Laptev Sea walrus is considerably lower than that of the Pacific walrus.

Moreover, for all the studied groups we made analysis of genetic diversity indices in general on the basis of profiles from 20 expected heterozygosity values and 20  $\mu$  indices for each locus (dendrogram in fig. 2). Each sample was characterized by a profile from 40 indices, further a bootstrap procedure (100

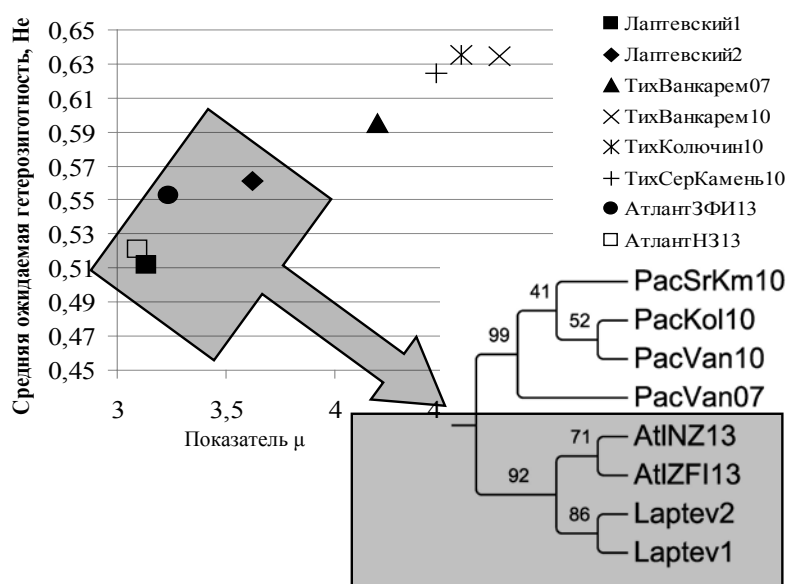


Рис. 2. Показатели генетического разнообразия (ожидаемая гетерозиготность и показатель  $\mu$  (аналог эффективного числа аллелей)). На диаграмме показаны оценки средних показателей по 20 микросателлитным локусам, на дереве — результат анализа выборок по профилю из 20 оценок гетерозиготностей и 20 показателей  $\mu$  для каждой выборки.

Fig. 2. Indices of genetic diversity (expected heterozygosity and  $\mu$  index (analogue of allele effective number)). The diagram shows average values based on 20 microsatellite loci, on the tree — the result of sample analysis based on the profile from 20 values of heterozygosity and 20  $\mu$  indices for each sample.

Каждая выборка характеризовалась профилем из 40 показателей, далее была проведена процедура бутстрэпа (100 реплик) и построены 100 UPGMA деревьев с использованием хордовых расстояний Cavalli-Sforza. Затем было выстроено консенсусное UPGMA-дерево с бутстреп-поддержкой узлов ветвления, представленное на рисунке. Анализ показал, что атлантическая и лаптевская группировки моржа сходны по показателям генетического разнообразия и их оценки достоверно ниже таковой у тихоокеанского моржа.

Таким образом, анализ, выполненный и тем, и другим методом, показал, что лаптевский и атлантический моржи характеризуются достоверно пониженным генетическим разнообразием по сравнению с изученными группировками тихоокеанского моржа.

### ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Лаптевские моржи отличаются от изученных группировок тихоокеанского моржа заметным пониженным генетическим разнообразием. Можно предполагать, что это результат воздействия двух факторов. Первый из них — «эффект основателя», т.е. лаптевская группировка является краевым изолятом, в формировании которого, вероятно, участвовало очень ограниченное количество особей. Другой фактор может быть связан с антропогенным влиянием и отражает период интенсивного промысла моржа в море Лаптевых в середине XX века на фоне изначально низкого генетического разнообразия.

Необходимо продолжение генетических исследований группировок моржа российской Арктики, в первую очередь, обитающих в районах, откуда образцы для анализа пока отсутствуют. Это Карское море, о-ва Новосибирские и Де-Лонга, о-в Врангеля, Анадырский залив и некоторые другие участки ареала. Результаты этой работы позволят оценить современное генетическое состояние различных популяций моржа, а так же прояснить популяционную

replicas) was carried out and 100 UPGMA trees were built using chordate distances Cavalli-Sforza. Then a consensus UPGMA tree with bootstrap support of branch nodes, shown in the picture, was built. The analysis showed that the Atlantic and the Laptev Sea groups of walruses are similar according to genetic diversity indices and their values are reliably lower than those of the Pacific walrus.

Thus, the analysis made by both methods showed that the Laptev and the Atlantic walruses are characterized by reliably lower genetic diversity in comparison with the studied groups of the Pacific walrus.

### CONCLUSION

The Laptev Sea walruses differ from the studied groups of the Pacific walrus by a reliably lower genetic diversity. We may assume that this is the result of influence of two factors. One is a founder effect, i.e. the Laptev grouping is an edge isolate in the formation of which probably a very limited number of individuals were involved. The second factor may be connected with anthropogenic influence reflecting the period of active hunting the Laptev Sea walrus in the middle of the XX century that progressively decreased the initially low genetic diversity.

It is necessary to continue genetic studies of walrus groups in the Russian Arctic, primarily those, inhabiting the regions where the samples for analysis are still absent. They are the Kara Sea, the New Siberian Islands and the De Long Islands, Wrangel Island, Anadyr Bay and some other regions. The results of this study will allow us to estimate the current genetic state of different walrus populations and to explain the population and subpopulation structure of the species. Particularly, genetic analysis of the groups

и субпопуляционную структуру вида. В частности, генетический анализ группировок, обитающих между ареалами атлантического и тихоокеанского подвида даст понимание их таксономического статуса, а оценка степени внутривидовой и внутривидовой дифференциации прольет свет на этапы формирования популяционно-генетической структуры у циркумполярных видов морских млекопитающих с относительно непрерывным ареалом.

Экспедиции, в ходе которых был собран генетический материал, проведены при финансовом участии компании Canon, WWF, ЧукотТИНРО, ТИНРО-Центра, U.S. Geological Survey и U.S. Fish and Wildlife Service. Авторы признательны Чэдвигу Джэю (Chadwick V. Jay, USGS) и Энтони Фишбаху (Anthony S. Fischbach, USGS) за предоставленные консультации и оборудование, с помощью которого проводился сбор проб. Логистику полевой работы в море Лаптевых осуществляли сотрудники объединенной дирекции «Заповедники Таймыра». Особую благодарность авторы приносят коллегам, которые непосредственно участвовали в сборе образцов: Н.В. Крюкова (ВНИРО), А.Г. Дондуа (Национальный парк «Берингия»), В.В. Бучин (метеостанция «Мыс Ванкарем»), А.А. Переверзев (ТИНРО-Центр), Джефф Йорк (Geoff York, WWF-Canada) и Том Арнбом (Tom Arnbom, WWF-Sweden).

Анализ образцов выполнен при финансовой поддержке гранта РФФИ № 14-04-3228414 мол\_а и Всемирного фонда природы (WWF России).

living between the areas of the Atlantic and the Pacific subspecies will give us understanding of their taxonomical status, and the assessment of the level of interspecies and intersubspecies differentiation will explain the stages of formation of population and genetic structure in circumpolar species of marine mammals with rather continuous area.

Expeditions, during which genetic material was collected, were organized with financial support of Canon company, WWF, ChukotTINRO, TINRO-Center, U.S. Geological Survey and U.S. Fish and Wildlife Service. The authors are grateful to Chadwick V. Jay, USGS and Anthony S. Fischbach, USGS for consultations and the equipment for collection of samples. The logistics of field works in the Laptev Sea was realized by personnel of the joint directorate of «Zapovedniki Taimyra». The authors express their special gratitude to their colleagues who were directly involved in collection of samples: N. V. Kryukova (VNIRO), A. G. Dondua («Beringia» National Park), V. V. Buchin («Mys Vankarem» meteorological station), A. A. Pereverzev (TINRO-Centre), Geoff York, WWF-Canada and Tom Arnbom, WWF-Sweden.

The analysis of samples was made with financial support of RFBR (the Russian Foundation for Basic Research) grant No. 14-04-3228414 contest «mol\_a» and World Wildlife Fund (WWF of Russia).

## Список использованных источников / References

- Гептнер В.Г., Чапский К.К., Арсеньев В.А., Соколов В.Е. 1976. Млекопитающие Советского Союза. Т. 2, Ч.3. Ластоногие и зубатые киты. Высшая школа, Москва: 1–718.
- Животовский Л.А. 1983 Статистические методы анализа частот генов в природных популяциях // Итоги науки и техники. Общая генетика. М.: ВИНТИ, с. 76–104.
- Чапский К.К. 1940. Распространение моржа в морях Лаптевых и Восточносибирском // Проблемы Арктики (6): 80–94.
- Шитова М.В., М.В. Гаврило, И.А. Мизин, Ю.В. Краснов, И.И. Чупин 2015. Микросателлитная изменчивость атлантического моржа (*Odobenus rosmarus rosmarus*) с лежбищ архипелага Земля Франца Иосифа и северной оконечности Новой Земли // Настоящий сборник
- 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 // Molecular Ecology (7): 1323–1336.
- 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.
- Fay F. H. 1985. *Odobenus rosmarus* // Mamm. Species (238): 1–7.
- 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.
- Jay C. V., Outridge P. M., Garlich-Miller J. L. 2008. Indication of two Pacific walrus stocks from whole tooth elemental analysis // Polar Biology (31): 933–943.
- 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>

## 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>, Gavrilo 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