

УДК: 598.422.1-19: 591.158(476)

**МЕДВЕДЕВА Ю.В.**, аспирант

ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси»

## **ЭКСПАНСИЯ ТЕРРИТОРИИ БЕЛАРУСИ ГРУППОЙ ВИДОВ БОЛЬШИХ БЕЛОГОЛОВЫХ ЧАЕК**

В последние десятилетия в Европе наблюдается бурная экспансия птиц семейства *Laridae*. В Беларуси это явление наиболее характерно для двух видов чаек - *L. argentatus* и *L. cachinnans*, заселяющих территорию нашей страны с севера (*L. argentatus*) и с юга (*L. cachinnans*). Ранее было выявлено, что ареалы этих таксонов разделены между собой территорией, где в последние десятилетия формируются популяции с неясной таксономической принадлежностью. В новых популяциях наблюдается смешение признаков обоих таксонов, что позволяет предположить появление гибридных особей [Панов Е. Н., Монзиков Д. Г. 1999].

Для проверки данной гипотезы нами были проведены исследования с использованием молекулярно-генетических маркеров (RAPD-анализ) [Михайлова М.Е., Никифоров М.Е., 2009]. Исследования позволили выделить специфичные для разных таксонов наборы полос (фрагментов) и сравнить их.

Данная работа нацелена на поиск видоспецифических фрагментов ДНК, но с использованием более современного метода – микросателлитного анализа (STR).

Для анализа были использованы образцы крови птиц семейства чайки (*Laridae*), отнесённые по фенотипическим признакам к *Larus cachinnans* и *Larus argentatus*, а также предполагаемые гибриды. Генотипирование проводилось с использованием микросателлитных праймеров HG16 и HG18.

В ходе проведения исследований были выявлены фрагменты, характерные для каждой особи. Маркер HG18 в исследуемой выборке выявляет 2 аллеля величиной 125 и 150 п.н. Маркер HG16 выявляет 3 аллеля величиной 175, 200, 225 п.н. Если предположить, что два рассматриваемых вида чаек скрещиваются между собой, то между ними должен существовать поток генов. Следовательно, в нашей выборке должны встречаться все наблюдаемые фрагменты в разных комбинациях. В ходе эксперимента с таким генотипом было выявлено 14 особей из исследованных 67.

Проведенные исследования позволяют говорить о существовании потока генов внутри группы больших белоголовых чаек между видами *L. argentatus*- *L. cachinnans*. Но для более точного выяснения их таксономического статуса требуются дальнейшие исследования с использованием большего количества маркеров и более точных морфологических исследований.