

УДК 575.17:598.842.9

ВНУТРИВИДОВАЯ ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ СОЛОВЬЯ-КРАСНОШЕЙКИ (*Luscinia calliope*): ДАННЫЕ СЕКВЕНИРОВАНИЯ ГЕНА ЦИТОХРОМА *b* мтДНК

© 2013 г. Л. Н. Спиридонова¹, О. П. Вальчук¹, П. С. Белов², К. С. Масловский²

¹Биолого-почвенный институт Дальневосточного отделения Российской академии наук, Владивосток 690022

²Дальневосточный федеральный университет, Владивосток 690091

e-mail: spiridonova@biosoil.ru

Поступила в редакцию 30.08.2012 г.

Впервые исследовано генетическое разнообразие и внутривидовая подразделенность *Luscinia calliope* по данным секвенирования гена цитохрома *b* мтДНК. Выявлена глубокая дифференциация гаплотипов соловья-красношейки на западную и восточную группы, включающие подвиды соответственно их географической привязанности. Для вида в целом показано высокое гаплотипическое ($Hd = 0.986$) и нуклеотидное ($\pi = 0.00875$) разнообразие. Между “западными” и “восточными” гаплотипами выявлены значительные генетические дистанции ($D = 0.016$), которые оказались в 4 раза больше внутривидовых дистанций по цитохрому *b* воробьиных ($D = 0.004$). Для трех птиц из Забайкалья обнаружена значительная генетическая дивергенция, что косвенно может указывать на существование в данной части ареала переходной зоны нескольких подвидов.

DOI: 10.7868/S0016675813060131

В настоящее время молекулярно-генетические методы широко применяются для изучения внутривидовой структуры разных групп животных. Однако существенным препятствием является низкая генетическая дифференциация у близкородственных таксонов или ее отсутствие, что особенно характерно для птиц [1].

Соловей-красношейка, *Luscinia calliope* (Pallas, 1776), представлен 5–6 подвидами, 4–5 из которых встречаются на Дальнем Востоке России (рис. 1) [2–4]. На местах гнездований по фенотипическим признакам и по средним значениям морфометрии они довольно хорошо отличаются друг от друга, однако на путях миграций, где од-

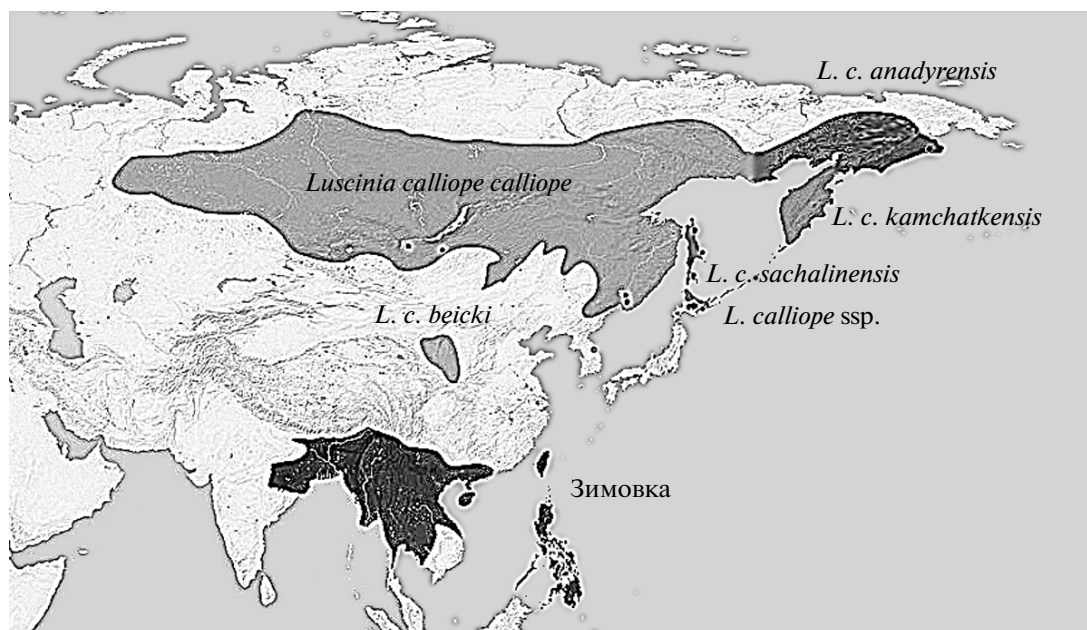


Рис. 1. Ареал подвидов *Luscinia calliope*. Точки указывают места сбора материала из районов гнездования птиц.

Таблица 1. Образцы *Luscinia calliope*, использованные в работе

Зоол. №	Дата сбора	№ в GenBank	Место отлова
1	12.09.2011	HF562997	Южное Приморье, р. Литовка
2	15.09.2011	HF562996	»
9	19.09.2011	HF563030	»
10	20.09.2011	HF562998	»
11	20.09.2011	HF563031	»
12	20.09.2011	HF562999	»
15	21.09.2011	HF563000	»
17	21.09.2011	HF563002	»
18	20.09.2011	HF563003	»
20	21.09.2011	HF563005	»
24	22.09.2011	HF563004	»
27	22.09.2011	HF563032	»
29	20.09.2011	HF563033	»
38	24.09.2011	HF563034	»
39	24.09.2011	HF563018	»
43	25.09.2011	HF563007	»
44	25.09.2011	HF563008	»
48	26.09.2011	HF563009	»
49	26.09.2011	HF563035	»
54	27.09.2011	HF563006	»
55	27.09.2011	HF563036	»
57	29.09.2011	HF563010	»
59	29.09.2011	HF563011	»
61	30.09.2011	HF563012	»
64	01.10.2011	HF563013	»
68	01.10.2011	HF563019	»
72	03.10.2011	HF563022	»
73	03.10.2011	HF563037	»
75	03.10.2011	HF563014	»
78	03.10.2011	HF563015	»
79	03.10.2011	HF563001	»
89	05.10.2011	HF563038	»
91	05.10.2011	HF563016	»
92	04.10.2011	HF563017	»
93	04.10.2011	HF563020	»
104	06.10.2011	HF563021	»
111	07.10.2011	HF563023	»
121	08.10.2011	HF563024	»
132	10.10.2011	HF563025	»
135	12.10.2011	HF563026	»
136	12.10.2011	HF563027	»
138	14.10.2011	HF563039	»
143	22.10.2011	HF563029	»
144	23.10.2011	HF563028	»
M1	06.10.2011	HF563040	»
0479	07.07.2003	HF563051	Сахалин
0641	01.09.2004	HF563045	Забайкалье
0644	01.09.2004	HF563043	»
0649	01.09.2004	HF563044	»
0812	16.06.2005	HF563048	Сахалин
0815	03.06.2005	HF563049	»
0817	23.05.2005	HF563050	»
1193	19.08.2005	HF563052	»
231	24.04.2004	HF563041	Приморье
252	24.07.2010	HF563047	Чукотка
476	23.05.2004	HF563046	Центральное Приморье
II-019	29.05.2009	HF563042	Тува

новременно могут находиться представители разных подвидов, точное определение птиц затруднено из-за перекрытия крайних значений основных промеров и встречаемости переходных фенотипов. Морфологический анализ основных промеров соловьев-красношеек, выполненный нами в 2010 г., показал, что как у самок, так и у самцов длина крыла статистически достоверно увеличивалась к окончанию миграции на 2–2.5 мм, а также возрастал вес птиц. Кроме того, многие птицы отличались по окраске оперения, при этом длина крыла темных соловьев, отлавливаемых во второй половине октября, значительно превышала длину крыла более светлых птиц. Это позволило предположить, что птицы, мигрирующие через район исследований в разные сроки, принадлежат к разным подвидам. Необходимость исследования генетической дифференциации вида стала особенно очевидной при детальном изучении миграций соловья-красношейки на юге Дальнего Востока, где при отловах и кольцевании была выявлена морфологическая и фенотипическая неоднородность птиц. В связи с этим мы поставили цель изучить молекулярно-генетическое разнообразие мигрантов и определить их подвидовую принадлежность. Для этого была проведена идентификация гаплотипов мтДНК по таксономической принадлежности птиц, отловленных во время осенней миграции, и их сравнение с гаплотипами особей гнездовых популяций. Для анализа был выбран молекулярный маркер — ген цитохрома *b* митохондриальной ДНК, широко использующийся в филогенетических и таксономических исследованиях.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Сбор материала проводили в окрестностях станции кольцевания “Амуро-Уссурийского центра биоразнообразия птиц”, расположенной в долине реки Литовка (Южное Приморье), в периоды осенних миграций (2010–2011 гг.). Всего проанализировано 45 транзитных мигрантов, отловленных в начале, середине и в период завершения миграции (табл. 1). В качестве подвидовых “стандартов” в работе использован собственный материал от гнездящихся птиц (Сахалин, $n = 5$), а также материал, любезно предоставленный Я.А. Редькиным (Зоомузей МГУ): Центральное Приморье, $n = 2$; Тува, $n = 1$; Чукотка $n = 1$, и А.П. Крюковым (БПИ ДВО РАН): Забайкалье, $n = 3$. Полученные нами последовательности депонированы в GenBank/NCBI с номерами, приведенными в табл. 1. Кроме того, мы использовали последовательности *cyt b*, хранящиеся в Генбанке NCBI: *L. calliope* с острова Хоккайдо (AB244011; AB244010) и *L. calliope* необозначенной локализации (HQ690246; NC015074). В качестве внешней группы были взяты синий соловей

Luscinia cyane (AB236375; AB236376) и сибирская горихвостка *Phoenicurus auroreus* (AB244014; AB244015).

ДНК выделяли из образцов крови, фиксированной в 96%-ном этаноле, с помощью набора Qiagen по инструкции производителя. Амплификацию гена цитохрома *b* проводили, используя набор Taq DNA Polymerase (Fermentas). Продукты амплификации использовали для циклического секвенирования с набором реактивов ABI PRISM® BigDye™ Terminator v. 3.1. Секвенирование проводили на автоматическом лазерном секвенаторе ABI PRISM 3130 (“Applied Biosystems”, США/“Hitachi” Япония) на базе Биолого-почвенного института ДВО РАН (г. Владивосток). Для амплификации и секвенирования использовали праймеры, разработанные нами: *cytb_L13639* (5'-СТТТГССТТАТССАТССАТ-3') и *cytb_H14889* (5'-СТГААГГТАТААСТСТАА-ГААГ-3').

Последовательности собирали, используя пакет программ Staden 1.53 [5]. Выравнивание нуклеотидных последовательностей проведено с помощью программы ClustalW, предложенной в MEGA ver. 5 [6].

Число гаплотипов (*h*), гаплотипическое (*Hd*) и нуклеотидное (*π*) разнообразие было оценено с помощью программы DnaSP 5.10 [7]. Выбор модели построения филогенетических деревьев, генетические дистанции (*D*) между нуклеотидными последовательностями, нуклеотидный состав посчитаны с использованием пакета программы MEGA ver. 5 [6]. Филогенетическое дерево строилось по методу Maximum Likelihood, для оценки достоверности ветвлений было проведено 500 репликаций [8]. Филогенетическую сеть гаплотипов с возможными вариантами мутационных переходов между гаплотипами мтДНК строили по методу Median Joining с помощью программы Network 4.6 [9].

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Впервые проанализировано внутривидовое генетическое разнообразие и подвидовая подразделенность широкоареального политипического вида *Luscinia calliope* по гену цитохрома *b* мтДНК. Для 57 особей определены первичные последовательности длиной 1103 пн. Среднее содержание нуклеотидов: А = 27.04%, Т = 24.87%, С = 34.22%, G = 13.87%, что характерно для данного гена у птиц отряда Passeriformes [10]. Число мономорфных позиций составило 1039, в них выявлено два консервативных региона (Region_I: 535–590; Region_II: 1087–1143). Вариабельные сайты представлены 64 (5.8%) точечными мутациями, из которых 4 замены были трансверсиями и 60 – тран-

зициями. Количество парсимони-информативных замен было больше по сравнению с синглтонами (35 и 29 соответственно). Пять несинонимичных замен обнаружено у 11 птиц: три из них были уникальными: Phe/Leu_239, Ala/Val_305 и Ile/Val_335, четыре птицы имели замену Gly/Ser_102 и четыре других – замену Val/Ile_116.

По результатам секвенирования гена цитохрома *b* мтДНК выявлено 48 гаплотипов, которые по мутационным сайтам хорошо дифференцировались на две основные группы (табл. 2). Условно мы обозначили их как “западную” материковую и “восточную”, в которую входят подвиды материковой окраины Азии и островов. Несколько общих гаплотипов обнаружены у пролетных птиц и принадлежали к группе материковых гаплотипам (забайкальским и тувинскому). Например, гаплотип I (Г-I) имели пять пролетных птиц, а гаплотипы II и III (Г-II, -III) – по четыре особи. Три особи из Забайкалья, отловленные в период начала миграции (01.09.2004), имели три разных гаплотипа, два из которых были близки (3 замены) и один значительно отличающийся (8 замен). Интересно, что одна из поздних пролетных птиц в Южном Приморье имела сходный гаплотип с наиболее сильно дивергировавшим гаплотипом птиц из Забайкалья. В группе восточных гаплотипов выявлен только один общий гаплотип (Г-IV), остальные были уникальными.

Две птицы из Приморья (с. Гайворон и Калиновка, Спасский район) имели западный и восточный гаплотипы соответственно. В первом случае самка с “западным” гаплотипом (24.04.2004), по-видимому, еще не завершила весеннюю миграцию. Во втором случае самец с “восточным” гаплотипом (23.05.2004) явно был поздним мигрантом на пути в северо-восточные районы гнездования вида. В пользу этого говорит наличие в коллекции Зоологического музея МГУ тушки самца от 21.05.1954 г. из нижнего течения р. Большая Уссурка (Иман) с резко выраженными признаками *L. c. anadyrensis* и следами сильной упитанности (личное сообщение А.Я. Редькина). Описанные случаи показывают необходимость продолжения исследований с привлечением материала с обширной территории к западу от Приморья и северо-востока Азии, включая Камчатку.

Молекулярно-генетические исследования близких подвидов соловьев островных популяций других видов соловьев рода *Luscinia* (*Erithacus akahige* [robin], *E. komadori*) выявили их достоверную дифференциацию [11]. Высокую островную дифференциацию подвидов у этой группы птиц

Таблица 2. Полиморфные сайты гена цитохрома b мтДНК образцов *L. calliope*, исследованных в работе

№ образцов	<p style="text-align: right;">1111111</p> <p>111222223333334444455555666666777777788888888999990000000</p> <p>5678258225567012446913447002390235991123448113457889124690166788</p> <p>4627463282810454686372784145419761361665176397683254472633759736</p>
	Западные гаплотипы
Г-I (2; 17; 59; 75; 121)	СТААСАССТСТАТГТТГСААГТСТТТГААТГАТСГГСССАСАТАААГСАТСССАТАГСТТАС
1A.....
GB-1; 2СССА.....С.....
10	..G.....A.....A.....G.....
Г-II (12; 15; 64; 78)G.....
79A.....
18С.....Т.....
24А.....
20А.....АG.....G.....
54А.....А.....
43	...Т.....Т.....
44С.....
48А.....
57А.....
61G.....
91	..G.....А.....
92	..С...Т.....А.....
Г-III (39; 68; 72; 104)G.....
93С.....G.....
231_Южное ПриморьеG...G.....
111Т.....Т...G.....
132А.....Т.....
135	..G.....А.....G.....
136Т.....
144	..CG.....С.....Т.....
II-019_Тува	Т.....А...А.....
0644_ЗабайкальеТ.....
0649_ЗабайкальеС.....А.....
143G.....А...А...С...G.....G...G.....СС..
0641_ЗабайкальеА...А...С...G.....G...G.....С...СС..
	Восточные гаплотипы
GB Хоккайдо 1Т...С...Т...С...СС...С.....Т...Т...CG.A...Т...ТСС..
GB Хоккайдо 2Т...С...Т...С...СС...С.....АТ.TG...CG.A...СС..
GB Хоккайдо 3Т...С...Т...С...СС...С.....АТ.Т...CG.A...Т...СС..
9Т...Т...С...Т.G.C...СС...С.....Т...CG.A...СС..
Г-IV (11; 27; 38)Т...С...Т...С...СС...С.....Т...Т...CG.A...СС..
29Т.....Т...С...СС.....А.Т.....CG.A...СС..
49Т...С...Т...С...СС...С.....Т...CG.A...СС..
55Т...С...Т...С...СС...С.....Т...CG.A...А.СС..
73Т...С...Т...С...СС...С...Т...Т...CG.A...СС..
89Т...С...Т...С...СС...С.....Т.TG...CG.A...СС..
138	Т.....Т...С...Т...С...СС...С.....Т...Т...CG.A...СС..
M1Т...С...Т...С...СС...С...А.Т.....CG.A...СС..
476_Южное ПриморьеТ...С...TG...С...СС...С.....Т...Т...CG.A...Т...СС..
252_ЧукоткаТ...С...Т...С...СС...С.....АТ...CG.A...СС..
0812_Сахалин	ТС.....Т...С...Т...С...СС...А...А.....CG.A...СС..
0815_Сахалин	Т.....Т...С...Т...С...СС...А...А...С...CG.A...СС..
0817; 0479_Сахалин	Т.....Т...С...Т...С.CCC...А...А.....CG.A...СС..
1193_Сахалин	Т.....Т...С...Т...С...СС...А...А.....CG.A...СС..

Таблица 3. Средние генетические дистанции (D) между группами сходных гаплотипов

	1 (SE)*	2 (SE)	3 (SE)	4 (SE)	5 (SE)	6 (SE)	7 (SE)
1. Приморье– Забайкалье (Гр. I)	–						
2. Забайкалье (Гр. II)	0.004 (0.001)	–					
3. Тува (Гр. III)	0.003 (0.001)	0.004 (0.001)	–				
4. Забайкалье (Гр. IV)	0.010 (0.002)	0.010 (0.002)	0.009 (0.002)	–			
5. Хоккайдо (Гр. V)	0.015 (0.003)	0.015 (0.004)	0.015 (0.004)	0.017 (0.004)	–		
6. Чукотка (Гр. VI)	0.014 (0.003)	0.015 (0.003)	0.014 (0.003)	0.016 (0.004)	0.002 (0.001)	–	
7. Сахалин (Гр. VII)	0.014 (0.003)	0.016 (0.003)	0.015 (0.003)	0.017 (0.004)	0.008 (0.002)	0.007 (0.002)	–

* SE – standard error.

подтверждают и наши данные. Подвид *L. c. sachalinensis* оказался наиболее генетически дифференцированным от всех остальных. У пяти особей из гнездовой популяции этого подвида выявлены четыре гаплотипа, различающихся 1–2 мутациями. Число замен для них с “восточными” гаплотипами составило 6–10, а с “западными” – 12–18 замен. Среди исследованных мигрантов присутствовали птицы с сахалинским фенотипом ($n = 3$), однако соответствующего островного гаплотипа у них не обнаружено. Теоретически это могли быть птицы из зоны интерградации островных и континентальных подвидов в Нижнем Приамуре [12]. Не исключено также, что сахалинский подвид мигрирует только вдоль островов.

Анализ генетического разнообразия показал, что общее гаплотипическое ($Hd = 0.986 \pm 0.007$) и нуклеотидное ($\pi = 0.00875 \pm 0.00058$) разнообразие для *L. calliope* имели высокие значения. Например, такие же показатели по контрольному региону мтДНК для морфологически хорошо обособленных форм чечеток рода *Carduelis* были меньше, в особенности нуклеотидное разнообразие ($\pi = 0.0017–0.0032$) [13]. Для “западной” группы гаплотипов эти характеристики ($Hd = 0.972$; $\pi = 0.00356$) ниже, чем для “восточной” ($Hd = 0.981$; $\pi = 0.00456$), что можно объяснить

присутствием на востоке, по крайней мере, двух хорошо генетически дифференцированных групп. Первая из них включает птиц о. Сахалин, а вторая – птиц Чукотки и о. Хоккайдо.

Генетические дистанции (D) посчитаны по двухпараметрической модели нуклеотидных замещений Кимуры, учитывающей существенное преобладание транзиций над трансверсиями для мтДНК. Средние значения D (0.016 ± 0.003) между гаплотипами “западной” и “восточной” группы (табл. 3, выделено полужирным шрифтом), оказались в 4 раза больше средних внутривидовых дистанций по данному маркеру для отр. Passeriformes ($D = 0.004$) [10]. Полученные данные указывают на значительную дифференциацию западных и восточных подвидов. К примеру, два морфологически различающихся подвида варакушки, *Luscinia svecica svecica* и *Luscinia svecica namnetum*, имели одинаково низкие показатели межподвидовой и внутривидовой изменчивости ($D = 0.00307$) [14]. Генетические дистанции внутри каждой группы соловья-красношейки составили $0.005 (\pm 0.001)$ и $0.004 (\pm 0.001)$ для “восточной” и “западной” групп соответственно.

Для построения филогенетических взаимоотношений по методу ML была выбрана модель НКУ с G-распределением (BIC = 9837.8). Разделение всех особей на два основных кластера, “за-

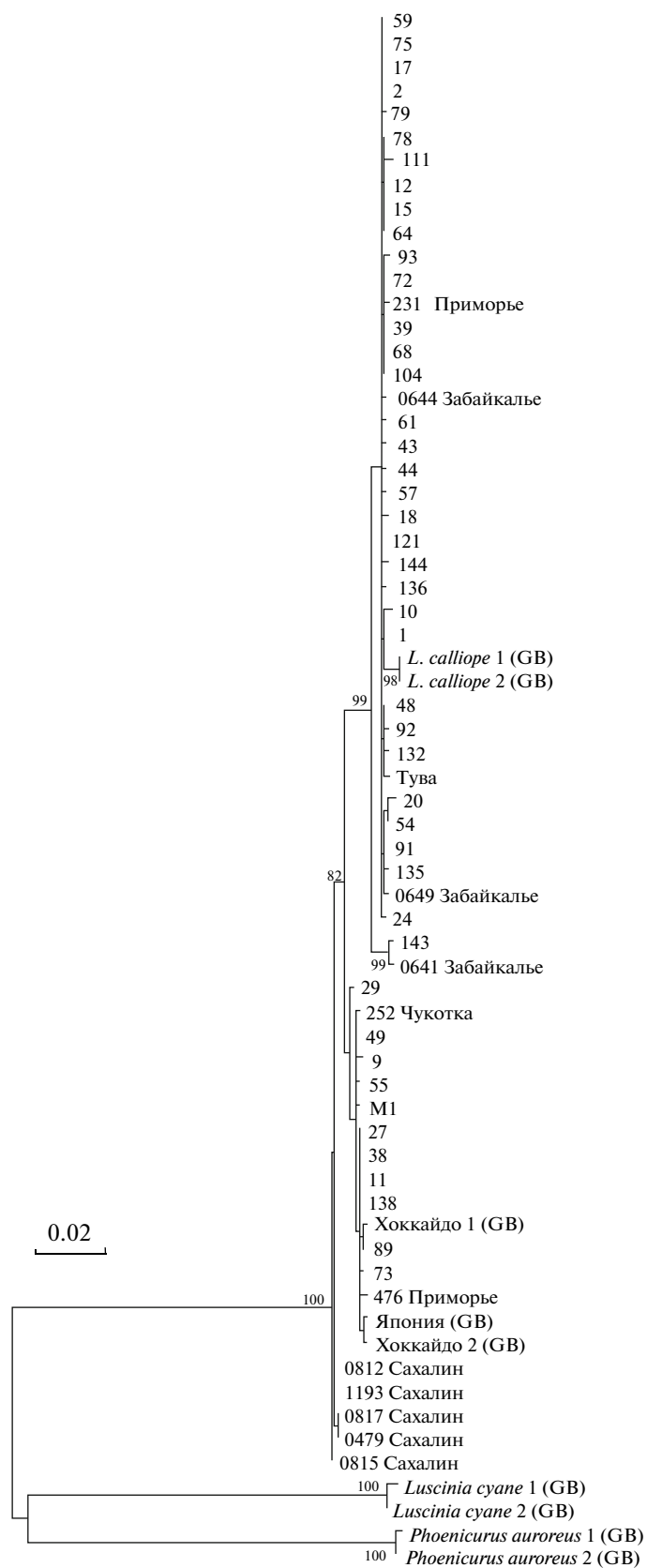


Рис. 2. Филогенетическое дерево ML *Luscinia calliope*, построенное по данным секвенирования гена цитохрома b мтДНК. В узлах ветвлений указаны бутстреп-значения выше 70%. (GB) – образцы из GenBank.

падный” (материк) и “восточный” (материк + + острова), имело достоверность 99% (рис. 2). Особи *L. c. sachalinensis* располагались обособленно и базально относительно остальных подвидов соловья-красношейки со средним значением бутстреп-поддержки 82%. Разделение на группы внутри основных двух кластеров имело низкие бутстреп-значения.

Филогенетическая сеть гаплотипов также выявила две неоднородные хорошо дифференцированные группы соответственно выше описанным “западной” и “восточной” (рис. 3). Западная группа гаплотипов имела хорошо выраженную звездчатую структуру взаимоотношений с единым центральным гаплотипом. Полученная топология филогенетических отношений характерна для явления “эффекта основателя” с быстрым расширением популяции. Два других общих гаплотипа связаны с центральным только через одно мутационное событие. Западная группа объединила 42 из 62 исследованных особей, остальные птицы вошли в состав восточных гаплотипов. Сложные взаимоотношения в западной группе, связанные с наличием трех значительно дивергировавших от основной группы (4–8 мутаций) гаплотипов, могут указывать на присутствие мигрантов из нескольких географически обособленных группировок, поскольку большая часть ареала *L. calliope* на западе остается неизученной. В восточной группе гаплотипов также выявлены неоднородность и неоднозначные взаимоотношения особей, соединенных несколькими гипотетическими гаплотипами. Птицы Сахалина образовали отдельный кластер и объединились с основной группой через неизвестные гаплотипы.

Таким образом, секвенирование гена *cyt b* мтДНК позволило выявить географическую структурированность в разделениях гаплотипов соловья-красношейки на западную и восточную группы, а также показало его высокую подвидовую дифференциацию. Полученные результаты можно объяснить высоким уровнем гнездового консерватизма, известного для представителей рода *Luscinia*, а также существованием постоянных миграционных путей. Наши данные подтвердили, что по восточному побережью Южного Приморья одним миграционным коридором проходят птицы, принадлежащие к двум хорошо дифференцированным группам, возможно, включающим в себя более двух географических рас, в том числе номинативный подвид *L. c. calliope* и *L. c. anadyrensis*, при этом сроки миграции обеих групп перекрываются.

Авторы глубоко признательны Я.А. Редькину и А.П. Крюкову за предоставленные образцы из мест гнездовой соловья-красношейки и важные рекомендации при написании статьи, а также В.М. Лоскоту и Я.А. Редькину за

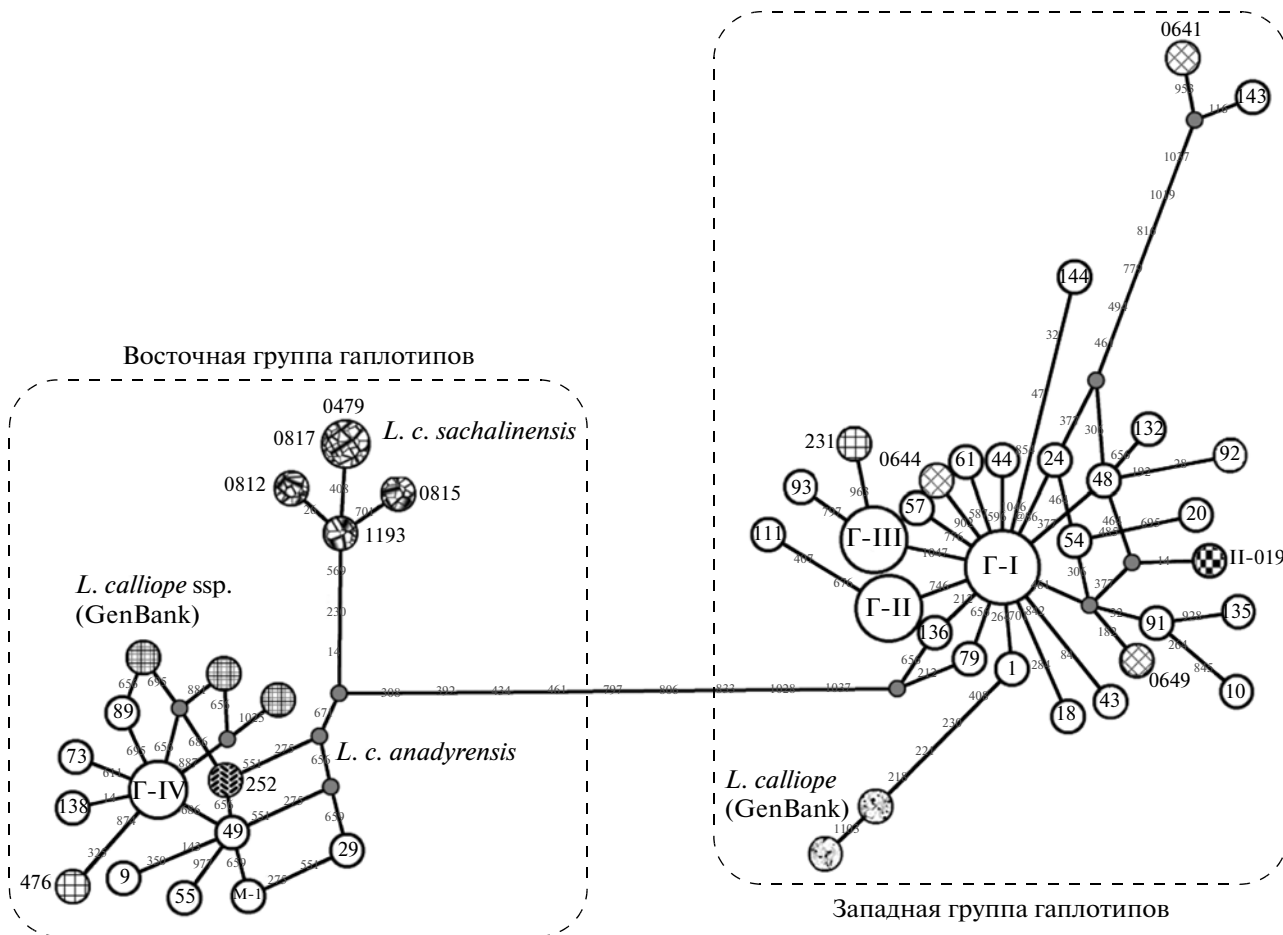


Рис. 3. Филогенетическая сеть гаплотипов гена цитохрома *b* мтДНК *L. calliope*, построенная в программе Network по методу MJ. Большие заштрихованные кружки соответствуют гаплотипам гнездовых птиц, мелкие серые кружки – гипотетическим гаплотипам, белые кружки – гаплотипам мигрантов.

предоставленную возможность работы с орнитологическими коллекциями ЗИН РАН (СПб) и Зоомузея МГУ (Москва).

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ (проект 12-04-92106-ЯФ_а) и гранта ДВО РАН (проект 12-I-0-06-050).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Shepherd T.M., Burns K.J. Intraspecific genetic analysis of the summer tanager *Piranga rubra*: implications for species limits and conservation // J. Avian Biol. 2007. V. 38. P. 13–27.
2. Коблик Е.А. Список птиц Российской Федерации. М.: Наука, 2006. 288 с.
3. Нечаев В.А., Гамова Т.В. Птицы Дальнего Востока России. Аннотированный каталог. Владивосток: Дальнаука, 2009. 564 с.
4. Dickinson E.C. (ed.) The Howard et Moore Complete Checklist of the Birds of the World. 3rd ed. London: Christopher Helm., 2003. 1039 p.
5. Bonfield J.K., Smith K.F., Staden R. A New DNA sequence assembly program // Nucl. Acids Res. 1995. V. 23. P. 4992–4999.
6. Tamura K., Peterson D., Peterson N. et al. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods // Mol. Biol. and Evol. 2011. V. 28. P. 2731–2739.
7. Librado P., Rozas J. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data // Bioinformatics. 2009. V. 25. P. 1451–1452.
8. Felsenstein J. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap // Evolution. 1985. V. 39. P. 783–791.
9. Bandelt H.-J., Forster P., Sykes B.C. et al. Mitochondrial portraits of human populations using Median Networks // Genetics. 1995. V. 141. P. 743–753.
10. Guo H., Niu L., Ma Y., Bai S. Phylogenetic relationships of 34 passerines based on mitochondrial cytochrome *b* sequences // Acta Ecol. Sinica. 2010. V. 30. P. 304–309.

11. Seki S.-I. The origin of the East Asian *Erithacus robin*, *Erithacus komadori*, inferred from cytochrome *b* sequence data // Mol. Phyl. Evol. 2006. V. 39. P. 899–905.
12. Редькин В.А., Бабенко В.Г. Пространственные взаимоотношения континентальных и островных подвидов некоторых Passeriformes в Нижнем Приамурье // Русс. орнитол. журн. Экспресс-выпуск. 1998. № 50. С. 3–24.
13. Marthinsen G., Wennerberg L., Liffeld J.T. Low support for separate species within the redpoll complex (*Carduelis flammea*–*hornemanni*–*cabaret*) from analyses of mtDNA and microsatellite markers // Mol. Phyl. Evol. 2008. V. 47. P. 1005–1017.
14. Questiau S., Eybert M.-C., Gaginskaya A.R. et al. Recent divergence between two morphologically differentiated subspecies of bluethroat (Aves: Muscicapidae: *Luscinia svecica*) inferred from mitochondrial DNA sequence variation // Mol. Ecol. 1998. V. 7. P. 239–245.

Intraspecific Genetic Differentiation of the Siberian Rubythroat (*Luscinia calliope*): Data of Sequencing the mtDNA Cytochrome b Gene

L. N. Spiridonova^a, O. P. Val'chuk^a, P. S. Belov^b, and K. S. Maslovsky^b

^a*Institute of Biology and Soil Science, Far Eastern Branch of Russian Academy of Sciences, Vladivostok, 690022 Russia*

^b*Far Eastern Federal University, Vladivostok, 690091 Russia*

e-mail: spiridonova@biosoil.ru

For the first time, genetic diversity and intraspecific subdivision of *Luscinia calliope* was studied according to the data of the mtDNA cytochrome b gene sequencing. The strong differentiation of haplotypes of the Siberian Rubythroat into western and eastern groups, which include subspecies according to their geographical attachment, was revealed. A high-haplotypic ($Hd = 0.986$) and nucleotide ($\pi = 0.00875$) variety was shown for the species as a whole. We revealed considerable genetic distances ($D = 0.016$) between the western and eastern haplotypes that were four times higher than the intraspecific distances in terms of cytochrome b for passerines ($D = 0.004$). For three birds from Transbaikal, significant genetic divergence was detected, which could indirectly indicate the existence of the transition zone of several subspecies in this part of the area.