

Эволюция кунных на уровне геномов



Как небольшие хищники — от сибирского колонка до тропической ласки — пережили ледниковые периоды и почему некоторые из них сегодня находятся на грани вымирания? Международный коллектив, включающий исследователей из Санкт-Петербургского политехнического университета Петра Великого, впервые провел полногеномное сравнение десятков видов кунных. Результаты работы, опубликованные в авторитетном журнале *Genome Biology and Evolution* (Q1), помогают пересмотреть таксономию и оценить скрытые угрозы для биоразнообразия.

Подсемейство Mustelinae (рода *Mustela* и *Neogale*) — одно из самых многочисленных и экологически пластичных в семействе кунных. Однако долгое время эволюционные отношения внутри группы оставались неясными из-за ограниченности данных: целые геномы отсутствовали для 13 из примерно 20 видов, а существующие гипотезы базировались в основном на митохондриальных маркерах, которые у кунных часто дают сбои из-за гибридизации между видами.

Команда исследователей сгенерировала две новые хромосомные сборки геномов (для *Mustela*

strigidorsa и M. nivalis) и улучшила существующую сборку для M. nivalis. Итоговый массив данных включил 10 геномных сборок, 50 образцов ресеквенирования и 149 митохондриальных геномов.

Филогеномный анализ (по 6599 белок-кодирующим генам) впервые на таком масштабе прояснил эволюционную историю. Авторы подтвердили валидность рода Neogale и статус M. richardsonii как отдельного вида, но не нашли доказательств видового расщепления внутри M. nivalis (ласка обыкновенная), несмотря на её широкий ареал и изменчивость окраски.

Значительные различия выявлены на уровне генетического разнообразия и демографической истории. У широко распространенных видов (M. nivalis, M. erminea) наблюдается высокая гетерозиготность и длительная демографическая стабильность даже в периоды климатических колебаний плейстоцена. Напротив, у M. eversmanii (степной хорь), M. sibirica (колонок) и M. strigidorsa (ласка-полоска) отмечены высокая гомозиготность и признаки неоднократных «бутылочных горлышек» численности.

Особое внимание авторы уделяют M. eversmanii и M. putorius (лесной хорь). Низкое генетическое разнообразие и обширные участки гомозиготности в их геномах, наблюдаемые как в европейских, так и в азиатских выборках, позволяют предположить, что их охранный статус по МСОП («Вызывающие наименьшие опасения») может не отражать реальных угроз. Авторы прямо указывают: необходима более детальная оценка генетических трендов этих видов.

Оригинал статьи: [*Comparative Genomics and Phylogenomics of the Mustelinae Lineage \(Mustelidae, Carnivora\)*. *Genome Biology and Evolution*, Volume 18, Issue 3, March 2026.](#)