ГЕНЕТИКА, 2020, том 56, № 8, с. 915–921

ГЕНЕТИКА ЖИВОТНЫХ

УДК 575.17:599.363(470.6)

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ И СТРУКТУРИРОВАННОСТЬ КАВКАЗСКОЙ БУРОЗУБКИ *Sorex satunini* НА СЕВЕРНОМ КАВКАЗЕ ПО ДАННЫМ ИЗМЕНЧИВОСТИ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ ЛОКУСОВ

© 2020 г. В. В. Стахеев[1, *], М. А. Махоткин[1], С. А. Корниенко[2], А. А. Макариков[2], Н. В. Панасюк[1], В. Н. Орлов[3]

[1]*Федеральный исследовательский центр Южный научный центр Российской академии наук, Ростов-на-Дону, 344006 Россия*

[2]*Институт систематики и экологии животных Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, 630091 Россия*

[3]*Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова Российской академии наук, Москва, 119071 Россия*

**e-mail: stvaleriy@yandex.ru*

Поступила в редакцию 09.08.2019 г.
После доработки 30.09.2019 г.
Принята к публикации 31.10.2019 г.

Проведена оценка изменчивости микросателлитных локусов кавказской бурозубки *Sorex satunini* на Северном Кавказе. Показано, что этот вид на этой территории представлен двумя дискретными генетическими линиями, связанными с бассейнами рек Кубань и Терек. Генетическое разнообразие первой из упомянутых линий отличается значительно более высоким полиморфизмом по сравнению со второй, что связано, как с современными условиями обитания, так и с историей вида на Западном и Центральном Кавказе.

Ключевые слова: кавказская бурозубка, Северный Кавказ, генетический полиморфизм, микросателлиты, изоляция.

DOI: 10.31857/S0016675820080159

Кавказская бурозубка *Sorex satunini* Ogn. – один из краевых видов группы обыкновенных бурозубок *S. araneus*, распространенный в Западном Предкавказье, Кавказе, Закавказье, Иранском нагорье и в Малой Азии. Внутривидовая изменчивость кавказской бурозубки, в том числе ее генетический полиморфизм и структурированность, изучены слабо. Известную изменчивость гена цитохрома *b*, наличие двух независимых митохондриальных линий у этого вида [1–3] в настоящее время невозможно использовать для оценки популяционно-генетической дифференциации.

Анализ полиморфизма микросателлитных локусов хорошо показал себя при характеристике метапопуляционной структуры отдельных таксонов, их генетической подразделенности. Наиболее показательно это прослежено на примере анадромных видов рыб [4, 5], но с успехом используется и при изучении млекопитающих [6, 7].

В представленной работе мы попытались на материале изменчивости микросателлитных локусов дать оценку уровня и характер генетического полиморфизма кавказской бурозубки в пределах центральной и западной частей северного макросклона Кавказа и в Западном Предкавказье.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Материалом исследования послужили ткани печени 46 особей кавказской бурозубки, отловленных в девяти локалитетах степного Западного Предкавказья и Северного Кавказа (табл. 1, рис. 1).

Суммарную геномную ДНК выделяли стандартным методом солевой экстракции с разрушением белков протеиназой K в присутствии SDS [8]. Содержание суммарной ДНК в полученных препаратах оценивали на флуориметре Qubit v. 2.0 (Life Technologies, США), качество выделенных нуклеиновых кислот оценивали с помощью электрофореза на 0.8% агарозе с окраской бромидом этидия. Концентрацию ДНК в растворах доводили до 10 нг/мкл разбавлением 10 мМ буфером Трис-ЭДТА (pH 8.0).

Генотипирование бурозубок проводили по микросателлитным локусам *B30*, *D106*, *D107*, *L16*, *L62* и *L67* [9, 10] с использованием праймеров, приведенным в табл. 2. Реакционная смесь для про-

Таблица 1. Характеристика оригинального материала, использованного в исследовании

№	Географический локалитет	Характеристика биотопа	Количество изученных особей
1	Республика Северная Осетия–Алания, окр. г. Владикавказ	Опушка широколиственного леса	4
2	Республика Северная Осетия–Алания, окр. г. Моздок	Луг в пойменном лесу	3
3	Республика Северная Осетия–Алания, Цейское ущелье	Берег реки, субальпийский луг	6
4	Карачаево-Черкесская Республика, ущелье Гоначхир, низовья р. Клухор	Субальпийский луг	8
5	Карачаево-Черкесская Республика, низовья р. Джамагат	Берег реки	2
6	Карачаево-Черкесская Республика, окр. пос. Маруха	Пойменный луг	2
7	Окр. г. Ставрополя, берег р. Егорлык	Прибрежная растительность	1
8	Краснодарский край, Темрюкский район, окр. пос. Сенной	Лесополоса	1
9	Краснодарский край, окр. ст. Кущевской, берег р. Куго-Ея	Прибрежная растительность	19

ведения ПЦР-реакции в конечном объеме 20 мкл состояла из следующих компонентов (табл. 3).

Для проведения реакции энзиматической амплификации использовали термоциклер T100 (Bio-Rad). Скорость нагрева/охлаждения блока термоциклера составляла 1°C/с. Перед началом циклов амплификации смесь однократно прогревали при 95°C в течение 3 мин.

Затем проводили восемь циклов предварительной амплификации, которые состояли из денатурации в течение 30 с при температуре 95°C, отжига праймеров в течение 30 с при от 58.5°C в первом, до 55°C в восьмом цикле, со снижением 0.5°C за цикл и последующим удлинением цепи при 65°C в течение 30 с. Последующие 22 цикла амплификации состояли из денатурации в тече-

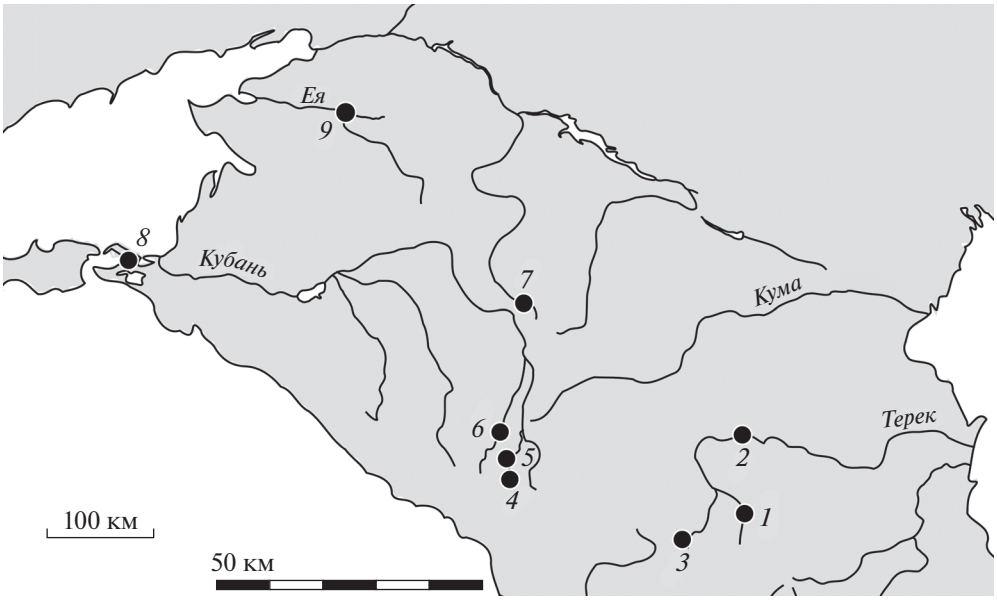

Рис. 1. Места сбора образцов (номера на карте соответствуют номерам локалитетов в табл. 1).

Таблица 2. Олигонуклеотиды, использованные для определения длин последовательностей микросателлитных локусов

Локус	Название	Последовательность, 5'–3'	Метка
B30	B30F	TCT-CCC-TTA-TCC-CGC-TGT-C	FAM
	B30R	ACG-AAA-GGC-TGC-AAC-TCA-AC	–
D106	D106F	ATT-TCT-CCC-TTC-AAT-CTG-GT	FAM
	D106R	AGG-AGT-ACC-TCT-GGG-TGT-G	–
D107	D107F	AGG-AAG-ACT-GGG-GGT-ATG-TT	FAM
	D107R	TAG-GTC-TGC-TGC-CTG-CAT	–
L16	L16F	TCA-GAG-TCA-GAA-TTT-CTA-ATT-TGG-C	TAMRA
	L16R	TTA-GTG-TAT-TAT-GAC-AGA-TGC-GGG	–
L62	L62F	CAG-TCT-CTC-ACT-GTG-GCA-CTA-TG	R6G
	L62R	GTC-ATT-CTG-GAT-AAG-AAC-CAT-ATG-C	–
L67	L67F	GAA-GTG-ATA-CAT-GAG-TGC-ATG-AG	FAM
	L67R	GTT-GTT-AAC-AAG-AGA-GGT-ATT-ACA-CC	–

Примечание. Прочерки означают, что на обратном праймере использовалась та же метка, что и на прямом.

Таблица 3. Компоненты реакционных смесей, использованных в работе

Компонент	Объем, мкл	
	локусы *D106, D107*	локусы *B30, L16, L62* и *L67*
10× ПЦР буфер	2.0	2.0
$MgCl_2$, 25 мМ	1.6	1.2
dNTP, 2.5 мМ	1.6	1.6
Смесь прямых праймеров (D106F, D107F, по 5 пкмоль/мкл), меченные флуоресцентными метками (FAM)	1.0	0.0
Смесь обратных праймеров (D106R, D107R, по 5 пкмоль/мкл)	2.0	0.0
Смесь прямых праймеров (B30F, L16F, L62F и L67F, по 5 пкмоль/мкл), меченные флуоресцентными метками (FAM, R6G и TAMRA)	0.0	2.0
Смесь обратных праймеров (B30F, L16F, L62F и L67F, по 5 пкмоль/мкл)	0.0	4.0
Taq ДНК-полимераза, 5 Е/мкл	0.5	0.5
H_2O	10.7	7.7
Образец ДНК	1.0	1.0

ние 20 с при температуре 95°С, отжига праймеров при 55°С в течение 25 с и удлинения цепи при 65°С в течение 40 с. По завершении амплификационную смесь инкубировали при 65°С в течение 10 мин.

Электрофорез образцов проводили с помощью ДНК-анализатора ABI PRISM 3500 (Applied Biosystems) с использованием полимера NanoPOP7 (Nimagen). В качестве размерного стандарта использовали СД-450 (Синтол). Идентификацию аллелей проводили с помощью программы GeneMapper (версия 4.1) с алгоритмом аппроксимации длины неизвестного фрагмента “Local Southern Method”. Для определения истинной длины аллелей для каждого локуса были определены последовательности.

Данные анализировали с использованием пакета генетического анализа GenAlEx v. 6.5 [11]. По

Таблица 4. Характеристики изменчивости микросателлитных локусов *S. satunini*

Локус	N	N_a	N_e	I	H_o	H_e	uH_e	F
B30	46	11	6.298	2.019	0.630	0.841	0.850	0.251
D106	46	6	2.685	1.162	0.609	0.628	0.634	0.030
D107	46	7	4.575	1.709	0.826	0.781	0.790	–0.057
L16	46	2	1.682	0.595	0.435	0.405	0.410	–0.072
L62	46	9	4.488	1.743	0.652	0.777	0.786	0.161
L67	46	7	3.151	1.372	0.500	0.683	0.690	0.268
Среднее	46	7.0	3.813	1.433	0.609	0.686	0.693	0.097

Примечание. N – размер выборки; N_a – число аллелей; N_e – эффективное число аллелей; I – информационный индекс Шеннона; H_o – наблюдаемая гетерозиготность; H_e – ожидаемая гетерозиготность; uH_e – несмещенная оценка ожидаемой гетерозиготности; F – индекс фиксации.

каждому локусу подсчитывали число аллелей (N_a) и наблюдаемую гетерозиготность (H_o). Для отображения на диаграмме генетических расстояний между особями по исследованным микросателлитным локусам использовали реализованный в пакете GenAlEx анализ главных координат (principal coordinates analysis, PCoA), иначе называемый многомерным шкалированием.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Кавказская бурозубка по большинству изученных нами маркеров демонстрирует довольно высокий уровень генетической изменчивости (табл. 4). Количество аллелей, приходящихся на один локус колеблется от 2 до 11, в среднем – 7. Эти значения заметно превышают таковые у обыкновенной бурозубки в Европейской части России, где подобные характеристики изменялись в пределах 2–5 [12].

Довольно высоких значений достигают и показатели ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности. Как и частота аллелей на локус, эта характеристика у *S. satunini* также заметно превышает таковые у *S. araneus* [12]. Обращает на себя внимание факт, что по целому ряду локусов уровень наблюдаемой гетерозиготности выше ожидаемой. Это говорит не только о равновесных процессах в популяциях кавказской бурозубки на Северном Кавказе, но и о процессах, направленных на отбор гетерозигот.

Анализ расстояний в пространстве первых двух измерений главных координат демонстрирует, что изученные нами особи группируются в две отчетливо отделенные группы популяций (рис. 2). Первая включает бурозубок из степной зоны Западного Предкавказья и окрестностей Ставрополя, бассейна Кубани в Краснодарском крае и Карачаево-Черкесии (кубанский вариант лесостепного пояса) (рис. 1, *4–9*). Вторая – более компактная, объединяет бурозубок из бассейна Терека в полупустынной зоне (Моздокский р-н), терском варианте поясности широколиственных лесов (Владикавказ) и субальпики (Цейское ущелье) в Северной Осетии (рис. 1, *1–3*) (зоогеографические зоны даны по А.К. Темботову, В.Е. Соколову [13]). Условно мы назвали эти группы популяций “западнокавказской” и “центральнокавказской”.

Анализ генетической изменчивости полученных внутривидовых группировок показывает результаты, представленные в табл. 5. Западнокавказская группа проявляет более высокие показатели генетического разнообразия по сравнению с центральнокавказской. Так количество аллелей у кавказской бурозубки на Западном Кавказе и в Предкавказье в среднем находится на уровне 6.5, а на Центральном Кавказе – 3.8. Информационный индекс Шеннона в первой из анализируемых группировок практически в полтора раза выше, чем во второй. Такая картина отражает историю таксона на Кавказе. При развитии оледенений в Предкавказье, на черноморском побережье сохранялось большее количество рефугиумов, чем на Центральном Кавказе, что и обеспечило более высокое генетическое разнообразие в этом районе [14].

Обращает на себя внимание довольно близкие уровни наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности в обеих изученных группировках *S. satunini*, что по-видимому говорит о протекании в них равновесных генетических процессов, отсутствии факторов, способствующих развитию изоляции отдельных популяций внутри них. Нельзя обойти вниманием изменчивость локуса *L67*. Этот фрагмент в западной части ареала кавказской бурозубки обладает высоким уровнем изменчивости, а на Центральном Кавказе был зафиксирован лишь один из его вариантов.

Кавказская бурозубка широко распространена как в бассейне р. Кубань (от степей Западного Предкавказья до субальпийского пояса), так и в бассейнах рек Терек и Аргунь (терский вариант поясности). В связи с этим в настоящее время не-

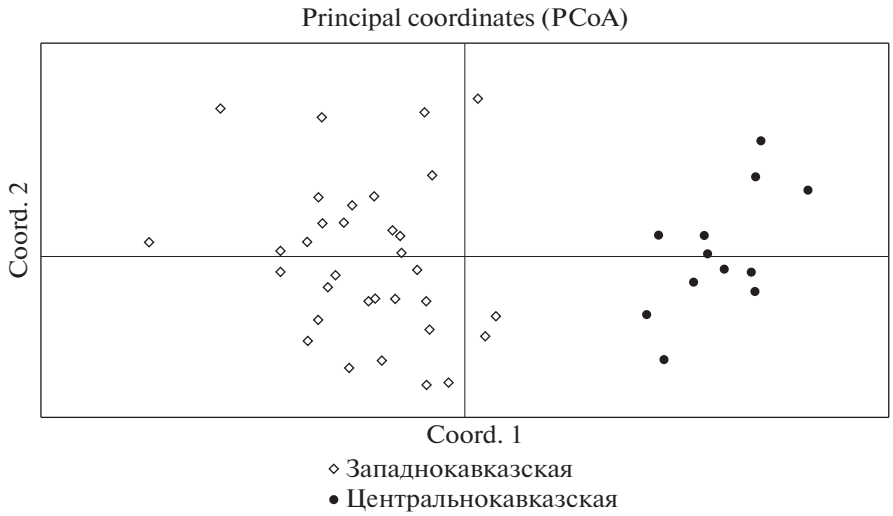

Рис. 2. Отображение расстояний между особями популяций бурозубок *S. satunini* по микросателлитным локусам *B30*, *D106*, *D107*, *L16*, *L62* и *L67* в пространстве первых двух измерений главных координат.

возможно с уверенностью очертить границы двух выделенных нами групп популяций, но вероятнее всего, что популяционно-генетическая структура этого вида на Северном Кавказе сформировалась под влиянием изоляции популяций бассейнов рек Кубани и Терека.

Пограничные районы между бассейнами этих главных рек Северного Кавказа выделяют в эльбрусский вариант восточно-северокавказского типа поясности. В этой области по площади доминирует субальпийский пояс, для которого характерно нарастание сухости, остепнения горных лугов и сокращение числа видов и плотности населения мезофильных видов, в том числе и кавказской бурозубки [13].

На северных склонах Большого Кавказского Хребта в направлении с запада на восток резко (в пять раз) возрастает сухость климата, поэтому терский вариант поясности оказывается в целом более сухим по сравнению с кубанским. В условиях более сухого климата популяции мезофильных видов сокращаются и образуют ленточные

Таблица 5. Характеристики изменчивости микросателлитных локусов *S. satunini* двух внутривидовых группировок

Локус	N	N_a	N_e	I	H_o	H_e	uH_e	F
				Западнокавказская				
B30	33	8	4.427	1.689	0.667	0.774	0.786	0.139
D106	33	6	2.420	1.105	0.727	0.587	0.596	–0.239
D107	33	7	4.481	1.701	0.788	0.777	0.789	–0.014
L16	33	2	1.424	0.474	0.364	0.298	0.302	–0.222
L62	33	9	3.063	1.519	0.606	0.674	0.684	0.100
L67	33	7	3.698	1.506	0.697	0.730	0.741	0.045
Среднее	33	6.5	3.252	1.332	0.641	0.640	0.650	–0.032
				Центральнокавказская				
B30	13	7	3.674	1.591	0.538	0.728	0.757	0.260
D106	13	2	1.550	0.540	0.308	0.355	0.369	0.133
D107	13	5	4.173	1.501	0.923	0.760	0.791	–0.214
L16	13	2	1.988	0.690	0.615	0.497	0.517	–0.238
L62	13	6	4.829	1.654	0.769	0.793	0.825	0.030
L67	13	1	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
Среднее	13	3.8	2.9	0.996	0.526	0.522	0.543	–0.006

Примечание как к табл. 4.

поселения в прибрежных биотопах. Поэтому, на первый взгляд снижение изменчивости микросателлитных локусов может быть следствием изоляции современных малых популяций.

Но следует обратить внимание, что в популяциях центральнокавказской группы, по сравнению с западнокавказской, крайне резко снижена изменчивость двух микросателлитных локусов – *D106* и *L67*, тогда как изменчивость других локусов понижена незначительно. Объяснить резкое снижение изменчивости только этих двух локусов можно длительной изоляцией мезофильных популяций бассейнов Терека и Кубани. Возможно, что пониженная изменчивость этих двух локусов первична. И мутации, возникавшие в разных регионах Кавказа, не могли проникнуть в бассейн Терека. Если в плейстоцене сохранялся современный тип климата на Кавказе, резкое нарастание сухости с запада на восток, то в центральных и восточных частях Кавказа уменьшались и рефугиумы мезофильных видов в холодные периоды плейстоцена.

Ранее было показано, что популяция кавказской бурозубки в пойме р. Бейсуг (степная часть Западного Предкавказья) характеризуется крайне низким генетическим полиморфизмом: $N_a = 2.0$, $H_o = 0.171$ и $H_e = 0.188$ [15]. В Западном Предкавказье распространение кавказской бурозубки ограничено прибрежной растительностью малых рек, впадающих в Азовское море и лесополосами среди полей. В таких фрагментированных поселениях может резко понижаться генетическая изменчивость [16, 17]. По всей видимости, популяция из поймы р. Бейсуг представляет собой изолят из группы западнокавказских популяций, прошедший через “бутылочное горлышко”. В этой популяции снижается изменчивость всех микросателлитных локусов, в отличие от популяций центральнокавказской группы.

Исследованная нами выборка кавказской бурозубки из степей Западного Предкавказья, долины р. Куго-Ея (рис. 1, *9*) характеризуется высокими показателями генетической изменчивости, соизмеримыми с таковыми с территории всего Западного Кавказа. Географическая изменчивость размеров и окраски кавказской бурозубки изучена слабо. На Северном Кавказе и в Предкавказье описаны два подвида, *S. s. stavropolica* [13] – вариант окраски из изолированной популяции в окрестностях Ставрополя и *S. s. tembotovi* [2] – мелкая форма из Западного Предкавказья. Судя по результатам данного исследования, оба таксона относятся к западнокавказской группе популяций с высокой изменчивостью микросателлитных локусов.

Таким образом, на Северном Кавказе и в Предкавказье кавказская бурозубка представлена двумя дискретными генетическими линиями, связанными с бассейнами рек Кубань и Терек. Генетическое разнообразие первой из упомянутых линий отличается значительно более высоким полиморфизмом по сравнению со второй, что вероятно связано как с современными условиями обитания так и с историей вида на Западном и Центральном Кавказе.

Полевые работы выполнены при поддержке РФФИ (грант № 17-04-00227), лабораторные исследования и анализ данных с привлечением базового финансирования ЮНЦ РАН (№ гр. проекта АААА-А19-119011190176-7) и Программы Президиума РАН “Биоразнообразие природных систем и биологические ресурсы России”, раздел “Генофонды живой природы и их сохранение” (№ 0256-2018-0032).

Все применимые международные, национальные и/или институциональные принципы ухода и использования животных были соблюдены.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Банникова А.А., Лебедев В.С.* Молекулярно-генетическая неоднородность кавказской землеройки-бурозубки *Sorex satunini* (Mammalia, Lipotyphla, Soricidae) по маркерам мтДНК как вероятное последствие древней гибридизации // Мол. биол. 2010. Т. 44. № 4. С. 658–662.
2. *Орлов В.Н., Балакирев А.Е., Борисов Ю.М.* Новый подвид кавказской бурозубки *Sorex satunini* (Mammalia) и филогенетические связи вида по мтДНК последовательностям и хромосомным маркерам // Поволжский экол. журн. 2010. № 1. С. 111–114.
3. *Орлов В.Н., Балакирев А.Е., Борисов Ю.М.* Филогенетические связи кавказской бурозубки *Sorex satunini* Ogn. (Mammalia) в надвиде *Sorex araneus* по данным кариологического анализа и секвенирования гена *cyt b* мтДНК // Генетика. 2011. Т. 47. № 6. С. 805–813.
4. *Павлов С.Д., Семенова А.В., Рубцова Г.А., Афанасьев К.И.* Анализ изменчивости микросателлитных локусов у камчатской микижи (*Parasalmo* (*Oncorhynchus*) *mykiss*) // Генетика. 2011. Т. 47. № 10. С. 1346–1356.
5. *Салменкова Е.А., Омельченко В.Т., Рубцова Г.А. и др.* Популяционно-генетическая дифференциация кунджи *Salvelinus leucomaenis* (Pallas) российского Дальнего Востока // Генетика. 2014. Т. 50. № 1. С. 52–61.
6. *Melosik I., Ziomek J., Winnicka K. et al.* The genetic characterization of an isolated remnant population of an endangered rodent (*Cricetus cricetus* L.) using comparative data: implications for conservation // Conservation Genet. 2017. V. 18. Iss. 4. P. 759–775. https://doi.org/10.1007/s10592-017-0925-y
7. *Czarnomska S.D., Niedziałkowska M., Borowik T., Jędrzejewska B.* Regional and local patterns of genetic variation and structure in yellow-necked mice – the roles of geographic distance, population abundance,

and winter severity // Ecol. and Evol. 2018. V. 8. Iss. 16. P. 8171–8186. https://doi.org/10.1002/ece3.4291

8. *Aljanabi S.M., Martinez I.* Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques // Nucl. Ac. Res. 1997. V. 25. P. 4692–4693.
9. *Wyttenbach A., Narain Y., Fredga K.* Genetic structuring and gene flow in a hybrid zone between two chromosome races of the common shrew (*Sorex araneus*, Insectivora) revealed by microsatellites // Heredity. 1999. V. 82. P. 79–88.
10. *Basset P., Yannic G., Yang F. et al.* Chromosome localization of microsatellite markers in the shrews of the *Sorex araneus* group // Chromosome Res. 2006. V. 14. P. 253–262. https://doi.org/10.1007/s10577-006-1041-x
11. *Peakall R., Smouse P.E.* GenAlEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update // Bioinformatics. 2012. V. 28. Iss. 19. P. 2537–2539. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460
12. *Григорьева О.О., Шестак А.Г., Сычёва В.Б. и др.* Изолирующий эффект узких гибридных зон хромосомных рас обыкновенной бурозубки *Sorex araneus* (Mammalia) // Докл. акад. наук. 2011. Т. 436. № 6. С. 830–833.
13. *Соколов В.Е., Темботов А.К.* Позвоночные Кавказа. Млекопитающие: насекомоядные. М.: Наука, 1989. 548 с.
14. *Туниев Б.С., Орлов Н.Л., Ананьева Н.Б., Агасян А.А.* Змеи Кавказа: таксономическое разнообразие, распространение, охрана. СПб–М.: Т-во научных изданий КМК, 2009. 223 с.
15. *Григорьева О.О., Сычева В.Б.* Генетическая и морфологическая изменчивость частично изолированной популяции кавказской бурозубки, *Sorex satunini* (Mammalia) // Генетика. 2011. Т. 47. № 9. С. 1271–1274.
16. *Dixo M., Metzger J.P., Morgante J.S., Zamudio K.R.* Habitat fragmentation reduces genetic diversity and connectivity among toad populations in the Brazilian Atlantic Coastal Forest // Biol. Conservation. 2009. V. 142. Iss. 8. P. 1560–1569. https://doi.org/10.1016/j.biocon.2008.11.016
17. *Wan H.Y., Cushman S.A., Ganey J.L.* Habitat fragmentation reduces genetic diversity and connectivity of the mexican spotted owl: A simulation study using empirical resistance models // Genes. 2018. V. 9. Iss. 8: 403. https://doi.org/10.3390/genes9080403

Genetic Variability and Structure of the Caucasian Shrew *Sorex satunini* in the North Caucasus according to the Variability of Microsatellite Loci

V. V. Stakheev[a], *, M. A. Makhotkin[a], S. A. Kornienko[b], A. A. Makarikov[b], N. V. Panasjuk[a], and V. N. Orlov[c]

[a] *Federal Research Center The Southern Scientific Centre of the Russian Academy of Sciences, Rostov-on-Don, 344006 Russia*
[b] *Institute of Systematics and Ecology of Animals, Siberian Branch, Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, 630091 Russia*
[c] *Severtsov Institute of Ecology and Evolution of the Russian Academy of Sciences, Moscow, 119071 Russia*
**e-mail: stvaleriy@yandex.ru*

The variability of the microsatellite loci of the Caucasian shrew *Sorex satunini* in the North Caucasus was evaluated. It was shown that this species in this territory is represented by two discrete genetic lines associated with the basins of the Kuban and Terek rivers. The genetic diversity of the Caucasian shrew from the line of the Kuban River basin is characterized by a significantly higher polymorphism compared to the line from the Terek River basin. These differences are associated with both modern habitat conditions of *S. satunini* and the history of this species in the Western and Central Caucasus.

Keywords: Caucasian shrew, North Caucasus, genetic polymorphism, microsatellites, isolation.