

УДК 575.174.015.3:598.241.2

## СВИДЕТЕЛЬСТВА ЭКСПАНСИИ ЮЖНОГО ХИЩНИКА НА СЕВЕР: ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ ОБЫКНОВЕННОГО ШАКАЛА, *CANIS AUREUS* L. ИЗ ЦЕНТРАЛЬНОГО НЕЧЕРНОЗЕМЬЯ И ОБЗОР ДИНАМИКИ ЕГО АРЕАЛА В ИСТОРИЧЕСКИЙ ПЕРИОД

© 2025 г. Д. В. Политов\*, \*\*, @, О. М. Рябина\*, А. В. Давыдов\*\*\*,  
Н. А. Моргунов\*\*\*, П. А. Казимиров\*, \*\*

\*Федеральное государственное бюджетное учреждение науки  
Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук,  
ул. Губкина, д. 3, Москва, 119991 Россия

\*\*Федеральное государственное бюджетное учреждение  
Всероссийский научно-исследовательский институт охраны окружающей среды,  
Мкад 36-й км, влд. 1, стр. 4, Москва, 117628 Россия

\*\*\*Федеральное государственное бюджетное учреждение  
“Федеральный центр развития охотничьего хозяйства”, ул. Вольная, д. 13., Москва 105118 Россия  
@E-mail: dmitri\_p@inbox.ru

Поступила в редакцию 11.12.2024 г.

После доработки 29.12.2024 г.

Принята к публикации 29.12.2024 г.

В статье представлены результаты молекулярно-генетической идентификации двух особей обыкновенного шакала, *Canis aureus* Linnaeus 1758 (Carnivora, Mammalia), добытых охотниками во Владимирской области России. Морфологический диагноз подтвердился как по материнской (секвенированный фрагмент гена мтДНК цитохром *b*), так и по отцовской линии (фрагментный анализ ампликонов гена *ZfY*, локализованного на Y-хромосоме), обе особи идентифицированы как шакалы, по сиквенсам совпадающие с европейско-ближневосточной линией *C. aureus*. Приведенные данные свидетельствуют о новых находках обыкновенного шакала за пределами стабильной части исторического ареала вида — на севере фронта его расселения в Центральном Нечерноземье. Данные факты мы анализируем в контексте расширения ареала шакала в центральную и северную части Русской равнины.

**Ключевые слова:** Обыкновенный шакал, экспансия, расширение ареала, генетическая идентификация, мтДНК, Y-хромосомные молекулярные маркеры, гибридизация, интрогрессия

**DOI:** 10.31857/S1026347025040035

В последнее время многие палеарктические виды позвоночных животных, в том числе некоторые хищные млекопитающие, обычно рассматриваемые как элементы более южных экосистем, демонстрируют экспансию на север, в местообитания для них не характерные. Процесс расширения или сдвига ареала справедливо рассматривается как следствие перестройки экосистем вследствие глобального потепления (Williams, Blois, 2018). Способствуют подобным инвазиям в меридиональном направлении более мягкие зимы в бореально-арктической зоне, увеличивающаяся вследствие обилия добычи емкость экотопов. Обыкновенный (иногда также, как дословный перевод с латыни и английского, — евразийский, или золотой) шакал, *Canis*

*aureus* Linnaeus, 1758 — представитель сем. Canidae (отряд Carnivora, класс Mammalia), относится к филогенетической линии волка (*Canis lupus* Linnaeus, 1758, подтриба Canina, триба Canini). Шакал занимает крайнее положение в роде волков и собак (*Canis*), являясь наиболее дивергировавшим от пары волк — домашняя собака представителем рода в его современном составе. Обыкновенный шакал — средний по размеру хищник, значительно мельче волка, соответственно, в спектре питания у него существенно большую долю занимают мелкие позвоночные и беспозвоночные животные, а также падаль и растительная пища. В отличие от волка, обыкновенный шакал не охотится большими стаями. Исторический ареал более теплолюбивого, чем

волк, обыкновенного шакала занимал территории Евразии от Южной Европы через всю пустынную, полупустынную и степную зону Евразии на восток до Индокитая. Однако в последние десятилетия ареал шакала сильно расширился, и моделирование климатических ниш подтверждает реальные экологические перспективы вида (Cunze, Klimpel, 2022). В ряде регионов шакал рекolonизирует локальности, где он был истреблен в предшествующие периоды времени и расширяет свой ареал в область более высоких широт — представители вида стали отмечаться как в Западной, Центральной и Северной Европе вплоть до Балтики и Скандинавии, так и на Русской равнине. Последние находки в Московской (Блохина и др., 2018) и Архангельской (Рыков *et al.*, 2022) областях подтверждены с помощью молекулярно-генетических методов идентификации и свидетельствуют о процессах расселения на территории Российской Федерации, сходных с наблюдающимися в Центральной Европе и Восточной Европе за пределами России.

В связи с экологической значимостью шакала как элемента экосистем, а именно негативным влиянием на популяции истребляемых им птиц, грызунов, зайцеобразных, некрупных копытных, некоторых хищников (например, интродуцированный енот-полоскун), мониторинг инвазии шакала в биотопы бореальной лесной зоны в Европе стал важной частью национальных (Dziech *et al.*, 2023) и международных (Hatlauf *et al.*, 2021) природоохранных мероприятий и инициатив. В результате взаимодействия климатических и антропогенных факторов перестройка сообществ с участием хищных млекопитающих нередко включает и появление в составе местной териофауны шакала. При этом значительно расширяется спектр пригодных для него местообитаний, в то время как экологическая ниша некоторых автохтонных высших хищников сужается. Подобный феномен описан для рыси *Lynx lynx* — вида, имеющего статус близкого к исчезновению во многих европейских странах. Рысь пересекается с шакалом по экологическим предпочтениям и испытывает от экспансии *C. aureus* дополнительный негативный эффект (Serva *et al.*, 2023). Кроме того, шакал как вид, достаточно толерантный к человеку, осваивает синантропные местообитания. Так, в густонаселенном регионе Италии отмечена натурализация шакала с образованием размножающейся группировки (Travain *et al.*, 2024).

Распространение чужеродных видов можно фиксировать с помощью телеметрии — GPS- и GSM-трекеров (Lanszki *et al.*, 2018). Однако не только удачно дополняющим, но и наиболее эффективным при массовом применении методом мониторинга биологических инвазий является молекулярно-генетический анализ, который позволяет не только

проводить идентификацию вида, но и устанавливать пол, родственные отношения особей, а в ряде случаев и принадлежность их к той или иной донорской популяции, а также уровни генетического разнообразия пионерных группировок. Настоящее сообщение посвящено ДНК-идентификации двух особей обыкновенного шакала из Центрального Нечерноземья, а также анализу динамики ареала вида в Европе, включая европейскую часть России.

## МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

**Биологический материал.** Две особи, относящиеся к роду *Canis*, морфологически соответствующие описанию обыкновенного шакала, были добыты охотниками во Владимирской области (восточная часть Центрально-Нечерноземной зоны России) и переданы в местное охотуправление, а затем в Федеральный научно-исследовательский центр развития охотничьего хозяйства. Первая особь была добыта 24 июня 2024 г. в Ковровском районе, вторая — 20 октября 2024 г. в Меленковском районе Владимирской области. Оба представителя рода *Canis* представляли собой взрослых молодых самцов. Небольшие фрагменты мышечной ткани языка были взяты от замороженных целиком тушек, хранились в винтовых пробирках с 96% этанолом до выделения ДНК.

**ДНК-анализ.** Выделение тотальной ДНК проводили с помощью наборов DiaTom DNAPrep (ООО “Лаборатории Изоген”, Москва), время лизиса составило три часа. В качестве референтных были использованы фиксированные этанолом образцы тканей четырех особей обыкновенного шакала, добытых в Азовском районе Ростовской области в январе 2022 года (собраны В.В. Стахеевым) и использованные нами ранее для идентификации предполагаемых гибридных канид Воронежского заповедника и Дагестана (Казимиров и др., 2024).

Идентификацию проводили по унипарентальным маркерам. Поскольку обе особи были морфологически однозначно определены как самцы, необходимости использовать дополнительно ядерные маркеры не было. Фрагмент митохондриального гена цитохрома *b* (*cyt b*) маркировал наследование по материнской линии. Для его ПЦР-амплификации использовали прибор GeneExplorer GE-96G (“Bioer Technology Co LTD”, КНР), универсальные олигонуклеотидные праймеры MVZ04 и MVZ05 (Smith, Patton, 1991). Протокол (Хейдорова и др., 2018) был изменен: мы использовали наборы для ПЦР GenPak PCR Core (ООО “Лаборатория Изоген”, Россия), а также модифицированный режим ПЦР: начальная денатурация при 95 °C — 5 мин; 35 циклов: денатурация 95 °C — 15 сек, отжиг 45 °C — 1 мин, 72 °C — элонгация 1 мин, финальная элонгация 5 мин.

Секвенирование амплифицированных фрагментов мтДНК в обоих направлениях с использованием праймеров MVZ04 и MVZ05 проводилось на базе сервисов компании “Евроген” (Москва, Россия).

Из Genbank NCBI для сравнительного анализа нуклеотидных последовательностей были скачаны сиквенсы гена цитохрома *b* обыкновенного шакала из различных частей ареала. Загрузка сиквенсов проводилась при помощи пакета Entrez для среды R (R core team, 2022) по запросам “term = “Canis aureus[ORGN] AND cytb[Gene]”” и “term = “Canis aureus[ORGN] AND cyb[Gene]””. Загруженные последовательности выравнивались с полученными нами сиквенсами, с использованием программы Geneious 9.1.8. При дальнейшем построении дерева для повышения его наглядности из анализа удалялись идентичные сиквенсы, представляющие шакалов из одного и того же региона.

Дерево гаплотипов по методу максимального правдоподобия (Maximal Likelihood, ML) строили при помощи сервиса IQTree (Trifinopoulos *et al.*, 2016; Kalyaanamoorthy *et al.*, 2017; Minh *et al.*, 2020) на основе модели нуклеотидных замен TPM2+I+F, выбранной в качестве оптимальной по Байесовскому критерию (BIC). Поддержку узлов ветвлений рассчитывали с помощью метода UltraFast Bootstrap для 1000 репликаций (Hoang *et al.*, 2017). В качестве внешних групп использовали последовательности волка, *Canis lupus* (как загруженные из Genbank, так и полученные нами ранее (Казимиров и др., 2024) а также кабана (*Sus scrofa*) и бурого ушана (*Plecotus auritus*). Графическую визуализацию дерева проводили в среде R (R Core Team, 2022) с использованием пакета ggtree (Yu *et al.*, 2017, 2018; Yu, 2020, 2022).

Для определения видовой принадлежности по отцовской линии использовали набор праймеров (YintF2, YintR и Yint2-335), разработанный специально для однозначного выявления наличия

или отсутствия инсерции в гене цинкового пальца на Y хромосоме (*Zfy*) по наличию одного или двух амплифицированных фрагментов (Galov *et al.*, 2014). У собак и волков, у которых данная инсерция присутствует, на электрофореze наблюдается два амплифицированных фрагмента, в то время как у шакалов только один. Мы использовали наборы для ПЦР GenPak PCR Core (ООО “Лаборатория Изоген”, Россия), а также модифицированный режим ПЦР: начальная денатурация при 95 °C – 5 мин; 35 циклов: денатурация 95 °C – 15 сек, отжиг 58 °C – 20 сек, элонгация 72 °C – 1 мин, финальная элонгация 72 °C – 5 мин. Для фрагментного анализа результатов ПЦР применялся электрофорез в горизонтальном агарозном геле с использованием трис-ЭДТА-ацетатной буферной системы и размерного стандарта 1кб производства компании “Сибэнзим” (Новосибирск, Россия). Визуализацию проводили путем окрашивания фрагментов бромистым этидием с перехватом изображений с помощью системы гель-документирования.

Для реконструкции динамики ареала шакала использовали опубликованные монографии, статьи и диссертационные работы, а также данные портала Млекопитающие России (rusmam.ru) (Lisovsky *et al.*, 2018) по запросу карты находок *Canis aureus*.

## РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

**МтДНК.** Для двух исследуемых особей были получены идентичные сиквенсы гена цитохрома *b* длиной 449 нуклеотидов. Последовательности загружены в NCBI GeneBank под номерами PQ723763 и PQ726764. Поиск совпадений в базе данных GeneBank при помощи сервиса BLAST показал максимальное совпадение с референсным митохондриальным геномом *C. aureus* (табл. 1).

**Таблица 1.** Результаты BLAST-анализа по последовательностям длиной 449 п.н. 10 наилучших совпадений по результатам поиска

Номер последовательности	BLAST grade (%)	Вид
NC067757	99.9	<i>C. aureus</i>
MZ433379	99.8	<i>C. aureus</i>
KT448274	99.7	<i>C. aureus</i>
ON986207	98.3	<i>C. aureus</i>
NC027956	98.0	<i>C. anthus</i> = <i>C. lupaster</i>
MZ433368	98.0	<i>C. lupaster</i>
KT448273	98.0	<i>C. aureus</i>
KT448272	98.0	<i>C. aureus</i>
KT378607	98.0	<i>C. anthus</i> = <i>C. lupaster</i>
KT378606	98.0	<i>C. anthus</i> = <i>C. lupaster</i>

Примечание. BLAST grade соответствует взвешенной оценке идентичности на основе длины фрагмента, числа замен и E-value (вероятность случайных совпадений последовательностей). Показаны 10 наилучших совпадений.

Последовательности различались по одной нуклеотидной замене за пределами гена цитохрома *b* (процент идентичности 99.77%). Также наблюдалось полное совпадение по пересекающемуся региону с последовательностями, полученными нами ранее (Казимиров и др., 2024) для шакалов из Ростовской области (номера PP166661–PP166664). Таким образом, митохондриальные данные подтверждают принадлежность исследуемых особей к виду *C. aureus* по материнской линии (табл. 1).

Было получено выравнивание длиной 320 нуклеотидов, соответствующее позициям 14249–14566 референсного митохондриального генома шакала под номером NC067757.1. По результатам выравнивания и построения ML дерева (рис. 1) наблюдалось соответствие полученных последовательностей последовательностям, полученным от шакалов в Сербии, Израиле, Египте, Турции и России (упомянутые выше шакалы из Ростовской области). Шакалы из Индии и Афганистана сформировали более удаленную группу (в которую при этом попадал шакал из Болгарии).

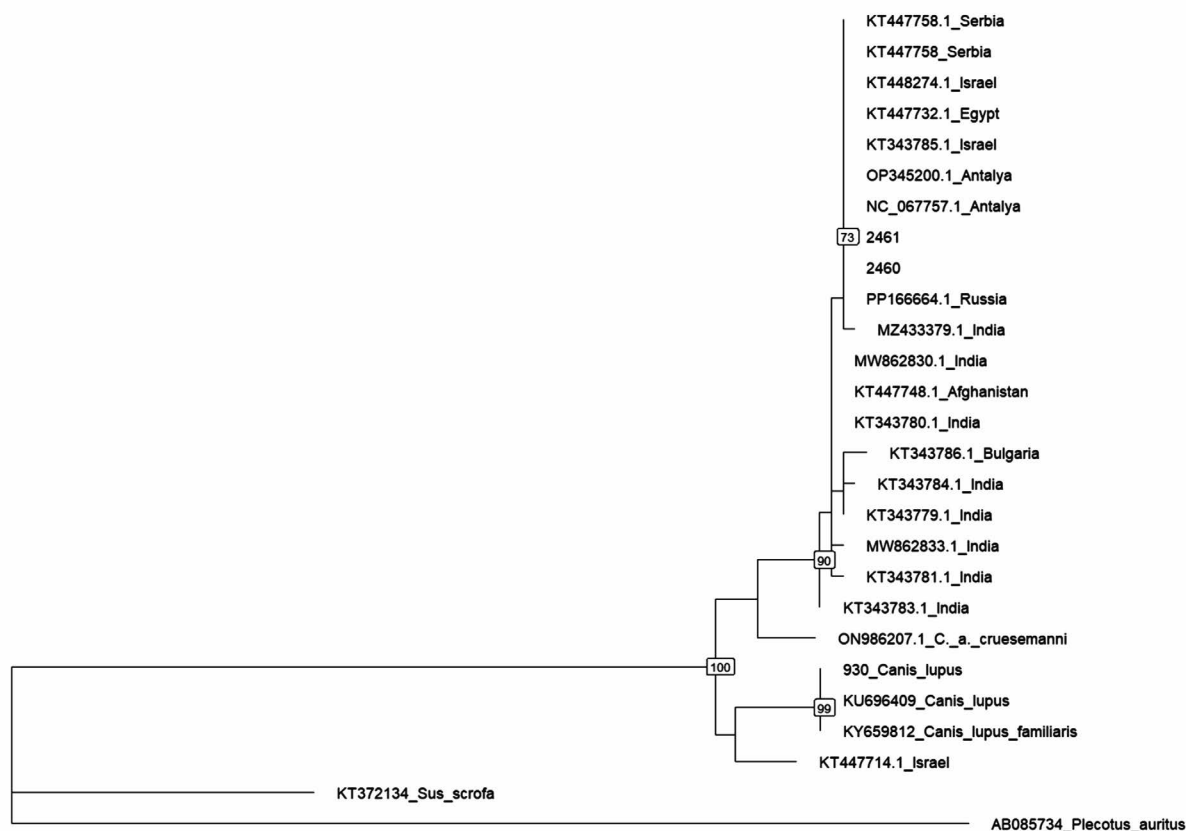
**Y-хромосома.** Амплификация фрагментов *ZfY* с внутренними праймерами YintF2, YintR и Yint2-335 показала идентичность спектра, однополосного

и совпадающего по длине с ранее исследованными образцами шакала и соответствовала размеру, описанному в литературе для шакала, и отличалась от типичных для волка и домашней собаки (рис. 2).

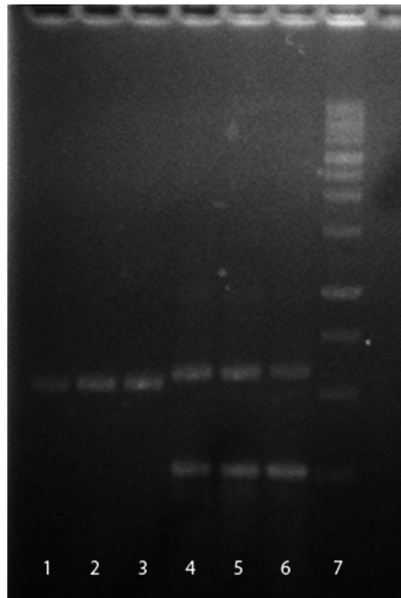
## ОБСУЖДЕНИЕ РЕЗУЛЬТАТОВ

ДНК-анализ двух добытых охотниками особей, морфологически отвечающих описанию обыкновенного шакала, показал их принадлежность виду *C. aureus* по материнской (последовательности митохондриального гена цитохрома *b*) и отцовской (маркеры Y-хромосомы) линиям. Генетическая идентификация помогает формировать свидетельства о распространении *C. aureus*, в данном случае из нового местообитания на северо-востоке Нечерноземной зоны России. В данном контексте интересно проследить динамику ареала обыкновенного шакала в Европе и, более детально, на территории России и стран бывшего СССР.

На юге Европы изначально более обширный ареал шакала к 1960-м гг. существенно сократился в результате потери пригодных биотопов и применения отравленных приманок (Spassov, 1989). После введения в 1962 г. охранных мер вид стал



**Рис. 1.** ML-дерево гаплотипов выровненных последовательностей фрагмента 320 п.н. цитохрома *b* идентифицированных образцов (2460 и 2461) и последовательностей обыкновенного шакала из GenBank.



**Рис. 2.** Электрофореграмма продуктов амплификации гена *ZfY*, локализованного в Y-хромосоме. Номера дорожек: 1, 2 — исследуемые особи с фенотипом шакалов, 3 — шакал (Ростовская обл.), 4, 5 — домашняя собака, 6 — волк, 7 — молекулярный маркер длин фрагментов 1kb.

постепенно восстанавливать утраченный ареал из немногих мест, где он сохранился (Пелопоннес, Далматский берег, Эгейская Македония, национальный парк Странджа на границе Болгарии и Турции). Так, реколонизировав к концу 1970-х Болгарию (Spassov, 1989), Румынию и Сербию (Kryštufek *et al.*, 1997), шакал в 1980–1990-х продвинулся дальше на северо-запад, север и северо-восток и был зарегистрирован в Италии, Австрии, Хорватии, Венгрии и Словакии (Arnold *et al.*, 2012).

Дальнейшее продвижение на север шакал демонстрировал в Центральной, Восточной и Северной Европе с конца XX века и вплоть до настоящего времени. Крайние точки спорадического распространения шакала в Западной Европе включают столь удаленные от основного ареала регионы как Испанские Пиренеи (Bogdanowicz *et al.*, 2024), северо-запад и юг Франции, а также Нидерланды (<https://www.lcie.org/Large-carnivores/Golden-jackal>). Граница распространения практически везде достигла территорий, расположенных недалеко от побережий Северного моря и Балтики: в Дании (Trolle, 2015), Польше (Kowalczyk *et al.*, 2015, 2020;), Эстонии (Männil, Ranc, 2022), Литве (Paulauskas *et al.*, 2018) и Финляндии (Honkala, Nummi, 2019; Kojola *et al.*, 2023; Bogdanowicz *et al.*, 2024). Наконец, недавно шакал был отмечен и в Норвегии (Sørensen, Lindsø, 2021; Bogdanowicz *et al.*, 2024).

При этом регистрируются не только заходы за пределы прежних границ распространения, но и размножение вида в новом ареале. В XXI в. обыкновенный шакал продолжает натурализоваться и встраиваться в экосистемы в странах Южной, Центральной и Восточной Европы. Размножение отмечено с 2008 г. в Австрии (Herzig-Straschil, 2008), в 2022 — в густонаселенных Тосканских Апеннинах в Италии (Bacci, Lunghi, 2022). В 2021–2022 гг. репродукция шакала была зафиксирована в Германии (Böcker *et al.*, 2023). Аналогичные процессы наблюдаются и в Восточной Европе, например, в Венгрии и Чехии (Jirků *et al.*, 2018). В Польше в 2020 г. впервые отмечено (Lanszki *et al.*, 2018) размножение шакала на широте 53.7° с. ш., в локальности, расположенной на севере страны, примерно в 500 км к северу от ранее зафиксированного подобного случая на территории Чехии. Наиболее активной стабильно размножающейся группировкой шакала в Европе является субпопуляция Эстонии (Männil, Ranc, 2022), которая, очевидно, служит вторичным центром расселения для Северной и Восточной Европы.

Для фауны Белоруссии шакал — вид достаточно новый, в литературе упоминаются находки начиная с 2011 г. и географически охватывают в основном юг и юго-запад страны, до линии Кобрин — Солигорск — Бобруйск (Гричик и др., 2018). Для трех из шести встреченных особей проведен популяционно-генетический анализ на основе сиквенсов контрольного региона мтДНК, показавший идентичность 98% с ранее депонированными в банке данных шакалами и существенно более высокие оценки дивергенции с волками и собаками, а также койотами, лисицей, песцом и енотовидной собакой. В исследовании особей р. *Canis* с сомнительным видовым диагнозом с территории Белоруссии (Хейдорова и др., 2018) две из трех особей, проанализированных по гену цитохрома *b*, оказались по этому маркеру (наследуемому по материнской линии) волками, и один образец показал соответствие видовому диагнозу шакала.

На территорию Украинской ССР шакал проник начал с середины XX в., однако местонахождение в басс. р. Северский Донец (Луганская обл. УССР) документировано со слов местных жителей (Загороднюк, 2014). На основании приведенной карты и основанного на ней анализа данных (Загороднюк, 2014), можно проследить три миграционных маршрута — в Закарпатье и Прикарпатье со стороны Румынии и Венгрии (Паннония) и, возможно, Словакии. Кроме того, шакал распространяется со стороны Румынии и Молдовы в Северное Причерноморье через низовья Дуная и Днестра, и этот путь продолжается дальше на север, в Полесье, и, вероятно, еще севернее, в Белоруссию. Наконец, шакал с конца XX в. проникал также в Крым и Приазовье с востока, со стороны Кавказа и Кубани, вероятно,

через низовья Дона (но, возможно, также и через Керченский пролив по льду). Как самое северное местонахождение к 2018 г. была отмечена находка в Житомирской обл. (Загороднюк, 2014).

Все это вместе в доказанным увеличивающимся прессом со стороны шакала на местные популяции и экосистемы вызывает обеспокоенность научных и природоохранных организаций (Trouwborst *et al.*, 2015; Ranc *et al.*, 2018; Hatlauf *et al.*, 2021). Подчеркивается важность мониторинга популяций канид, среди которых могут быть гибридные особи.

В России шакал как вид с расширяющимся ареалом и относительно благополучный не имеет специального охранного статуса, но в то же время систематической регуляции его численности не ведется ни в пределах стабильной части ареала, ни в новых регионах. В связи с этим интересно проследить как шло расширение ареала данного вида в последние полтора века.

Динамика ареала шакала в Российской империи, СССР и постсоветской России XX–XXI вв. Исследователи, начиная с конца XIX в. отмечают не только то, что шакал на территории России и СССР является южным видом, но и чрезвычайную динамичность границ его расселения. Помимо Кавказа и Закавказья, шакал обитал на юго-востоке Туркменистана, в предгорьях Таджикистана, вдоль Амударьи, в среднем течении Сырдарьи и низовьях Заравшана (Новиков, 1956). Наиболее изученной к началу XX в. была кавказско-закавказская популяция. К.А. Сатунин (1915) отмечает, что относительно устойчивой северной границей ее на Каспии является устье Терека. Примерно так же описывает распространение вида на Кавказе для середины XX в. и А.К. Тембонов (1972): “Распространен от юго-восточной части Северного Кавказа до Моздока, где держится на равнине и низкороме на высоте до 1000 м над уровнем моря”. В то же время постоянные флуктуации ареала на Кавказе с описанием западного и восточного маршрута обхода шакалом Большого Кавказского хребта приводились многими авторами. Наиболее содержательный обзор этого вопроса можно найти у Ю.Н. Бакеева (1978). С 1950 до середины 1960-х на Кавказе и в Предкавказье существенные объемы заготовки шкур шакала имели место только в Краснодарском крае, Чечено-Ингушской и Дагестанской АССР. Однако с конца 1960-х шакал добывался также и в Кабардино-Балкарии, и в Северной Осетии, и в Ставрополье, а для Ростовской области с 1960-х отмечены спорадические встречи хищника. В этой же работе автор приводит карту, на которой отмечены заходы шакала на территорию европейской части СССР к северу за пределы естественного ареала, известные на конец 1970-х гг. Помимо многократно имевших место случаев добычи шакала в Предкавказье, на карте отмечены также локальности

намного севернее линии, образованной нижним течением Дона, Волгодонским каналом и нижней Волгой. При этом более южная точка в междуречье Северского Донца и Дона географически близка локальности «А» в Луганской области УССР, обсуждаемой в работе (Бакеев, 1978). Еще две точки в верховьях Дона и три точки в междуречье Дона и Волги находятся в пределах Черноземной зоны. В то же время данные табл. 7 в той же работе Ю.Н. Бакеева (1978) свидетельствуют, что уже в середине XX в. заходы шакала регистрировались и в восточном Нечерноземье в Горьковской (ныне Нижегородской) обл., Татарстане, Чувашии, Башкирии и даже Пермской обл. Случаи эти, однако, были редкими, и, вероятно, в какой-то мере связаны с ослаблением хозяйственной деятельности человека в годы Великой Отечественной войны (1941–1945).

Расселение шакала в меридиональном направлении продолжилась в последние два десятилетия. Помимо Кавказа и Кубани, где шакал непрерывно наращивает численность и занимает все новые участки (Яровенко и др., 2014; Яровенко, 2022), вид, очевидно, расселяясь вдоль долины Дона, продвинулся в Воронежскую и Тамбовскую области Черноземья и, очевидно, дальше в Серебрянопрудский район Московской обл. (портал Млекопитающие России – [rusmam.ru](http://rusmam.ru)), (Lisovsky *et al.*, 2018). Другой путь прослеживается вдоль Волги через наиболее стабильную группировку шакала Саратовской обл., далее на северо-восток в Мордовию, Чувашию и Татарстан. Вероятно, от этого пути возможно и восточное ответвление миграционного маршрута в сторону Оренбуржья, однако, следует рассмотреть и независимое расселение туда шакала через Казахстан. В целом экспансия среднеазиатских и казахстанских популяций шакала на север если и имеет место, то либо не так сильно выражена, как в Европе, либо менее подробно документирована для последнего десятилетия. Шакал проник на юг Казахстана и распространился вдоль течения р. Или в 1980-е гг. (Мусабеков, 2014). В настоящее время есть данные об обитании вида в большинстве областей Казахстана (Кызылординской, Алматинской, Атырауской, Жамбылской, Мангистауской, Туркестанской и Западно-Казахстанской) ([https://www.inform.kz/ru/volki-i-shakaly-otsutstvuyut-na-territorii-sko\\_a3942837](https://www.inform.kz/ru/volki-i-shakaly-otsutstvuyut-na-territorii-sko_a3942837)), но отсутствуют в Северо-Казахстанской области.

Встречи шакала в природе регулярно фиксируются на сайте Млекопитающие России (Lisovsky *et al.*, 2018). Мы проанализировали, какими путями могло идти расселение за пределы основного ареала вида (рис. 3). В локальности западнее Москвы расселение могло идти с юго-запада через Брянскую область, куда шакал проникает из Украинского и Белорусского Полесья. Находки в Псковской



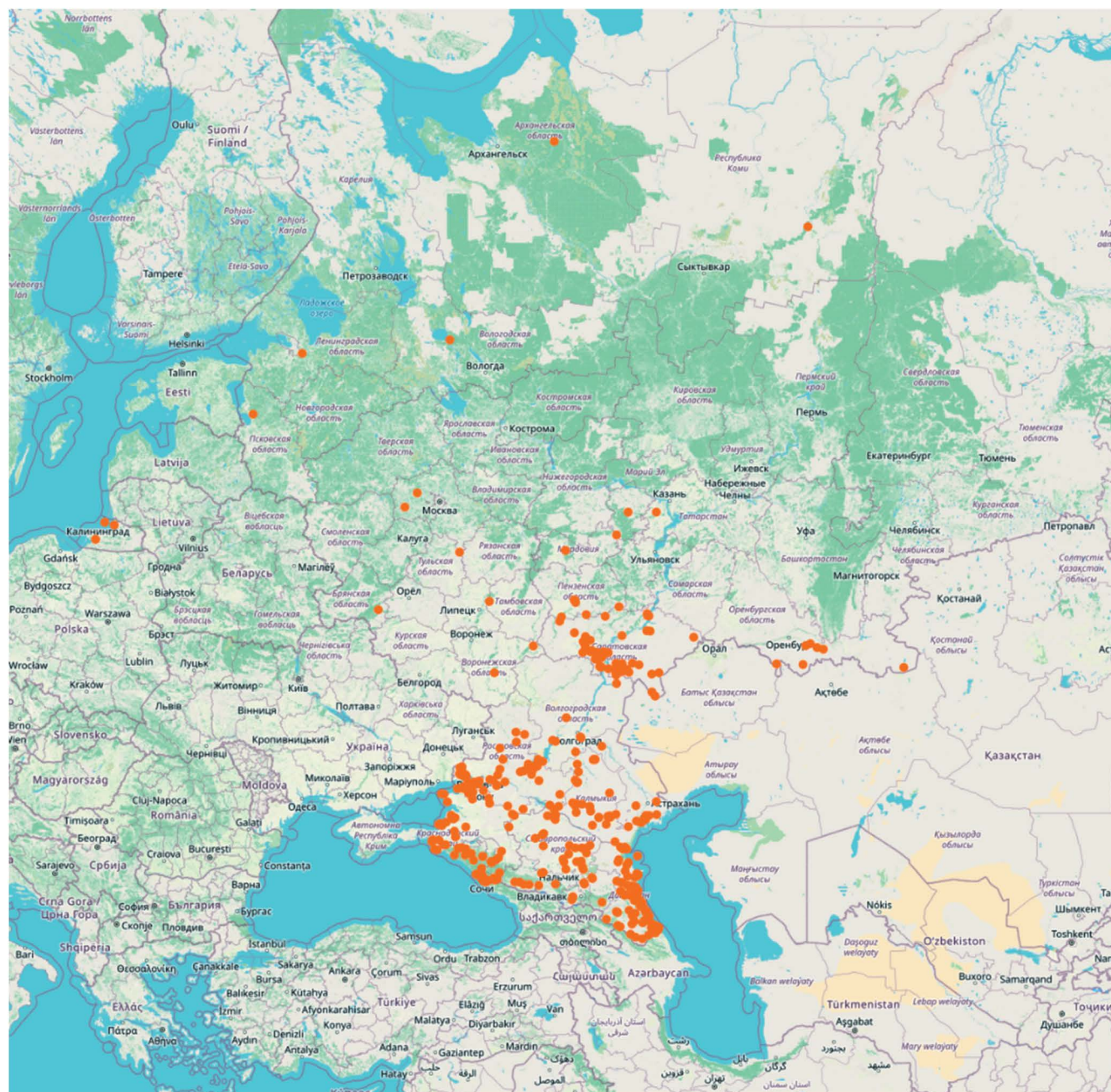


Рис. 3. Карта находок обыкновенного шакала на территории России (по данным портала Млекопитающие России rusmam.ru).

и Ленинградской областях могли бы также объясняться расселением как через полесский коридор, так и через Прибалтику из донорской популяции с центром в Эстонии. Для Псковской области детальное исследование краниологии и контрольного региона мтДНК подтвердило вывод об идентификации добытой особи как шакала (по крайней мере, по материнской линии), принадлежность ее к европейско-малоазиатской

макропопуляции вида и расселение на север через один из восточноевропейских коридоров (Кораблев и др., 2024). Отмечен шакал и в Тверской обл. по опросным данным ФГБУ “Охота”. Далее на север шакал заходил крайне редко, зафиксированы встречи в Вологодской и Архангельской областях (rusmam.ru) (Lissovsky *et al.*, 2018). Последний случай из Пинежского района подробно описан с предоставлением результатов не только

морфологического, но и молекулярно-генетического анализа по сиквенсам контрольного региона мтДНК (Rykov *et al.*, 2022), который позволил идентифицировать образец как обыкновенного шакала. Наконец, самое северо-восточное место обнаружения шакала относится, по данным сайта rusmam.ru (Lisovsky *et al.*, 2018), к фотографии сбитой автомобилем особи в Троице-Печорском районе Республики Коми, однако, оно не столь детально задокументировано и, учитывая существенную удаленность от других находок, требует проверки.

Ранее опубликованные результаты генетической идентификации шакала в Европе с помощью секвенирования контрольного региона мтДНК позволили установить относительную гомогенность материнской линии вида и отсутствие митохондриальных линий индийского подвида, это касалось и особи, добытой в Архангельской области (Rykov *et al.*, 2022). Изученные в настоящей работе последовательности цитохрома *b* и сравнительный анализ также позволяют отнести исследованных нами шакалов к донорской популяции европейского подвида *C. aureus moreoticus* или близкого к нему типового подвида персидского (азиатского) шакала *C. aureus aureus*, а не к популяциям юга Среднего Востока, Индостана или Индокитая (рис. 1), что вполне логично исходя из географических соображений. Учитывая аналогичные выводы из результатов исследования находок в Псковской области (Кораблев и др., 2024) и наших данных по Владимирской области, принадлежность расселяющихся шакалов именно к этим двум подвидам (которые некоторые специалисты считают одним) достаточно очевидно.

Еще более детальное молекулярно-генетическое исследование происхождения трех самцов шакала из Испании, Финляндии и Норвегии на основе технологий принадлежности к популяциям (population assignment) использовало как аутосомные микросателлиты, так и контрольный регион мтДНК (Bogdanowicz *et al.*, 2024) и показало, что первые две особи происходят из Паннонии или с Балкан, а норвежская — с Кавказа или из вторичного центра расселения в Прибалтике.

Гибридизация и идентификация гибридов. В последние десятилетия в связи со сдвигом границ ареалов и экологических ниш наблюдается процесс интенсификации межвидового потока генов у многих групп животных и растений. Особый интерес вызывает возможность молекулярными методами выявлять гибриды между дикими и domesticiрованными видами животных, включая хищных млекопитающих, в том числе представителей р. *Canis*. Шакал может потенциально образовывать гибриды с другим диким видом рода *Canis* — волком, однако многочисленные попытки выявить в Европе подобные гибриды не дали существенных результатов.

По-видимому, такие случаи если и возможны в принципе, происходят крайне редко. Наши генетические исследования с помощью тех же молекулярных маркеров, что и в данной работе, на загодичных канидах Воронежского заповедника и Дагестана не выявили в них однозначно крови шакала, то есть они не были гибридами *C. lupus/C. familiaris* x *C. aureus* первых поколений (Казимиров и др., 2024), с сохранением вероятности, что они могли являться бэккроссами, ведущими родословную от отдаленных во времени событий первичного межвидового контакта. Однако в разных странах Европы среди диких канид постоянно выявляются как волко-собачьи гибриды (Stronen *et al.*, 2022; Dziech *et al.*, 2023), так и шакало-собачьи (Galov *et al.*, 2014; Ninausz *et al.*, 2023). Последние часто имеют необычную для шакала меланистическую или мраморную (“мерль”) окраску, тогда как светлые или белые особи могут нести соответствующие мутации, но при этом идентифицироваться как чистые шакалы (Ninausz *et al.*, 2023). Для различных пар видов собачьих линии волка способность к гибридной разнице (Gopalakrishnan *et al.*, 2018). Собака как вид, domesticiрованный много тысячелетий назад, с “расшатанным” искусственным отбором геномом, очевидно, способна легче, чем дикие представители собачьих, вступать в гибридную с другими видами р. *Canis*. Недавно совершенно удивительный случай гибридной парагвайской лисицы *Lycalopex gymnocercus* и домашней собаки был описан в Бразилии (Szynwelski *et al.*, 2023). Сбитая автомобилем особь демонстрировала необычные черты фенотипа и оказалась гибридом между дивергировавшими в миоцене видами двух разных ветвей филогенетического древа канид. Мать исследованной самки на основе данных мтДНК была определена как парагвайская лисица, отец, на основе ядерных маркеров — как домашняя собака, и имела промежуточное между родительскими видами число хромосом ( $2n = 76$ ). Участие бродячих (одичавших) особей домашней собаки в натурализации гибридов и интеграции генофондов волка, шакала и собаки заслуживает более тщательного изучения.

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Таким образом, в настоящем сообщении мы приводим данные о новой находке обыкновенного шакала за пределами стабильной части его исторического ареала — на севере известного фронта расселения в Центральном Нечерноземье, подтверждаем исходный видовой диагноз молекулярно-генетическими данными по материнской и отцовской линиям, исключая для данных особей их возможную гибридную природу (по крайней мере, они не являются потомками первых поколений гибридной). Эти факты мы анализируем



в контексте несомненного факта расширения ареала шакала — процесса, который происходил и в прошлом как спорадически наблюдаемый феномен, приобретая сейчас более интенсивный характер, с формированием размножающихся популяций и вторичных центров расселения, а также миграционных путей вдоль крупных рек. Однако сейчас экспансия вида в более высокие широты имеет определенную эколого-эволюционную перспективу, поскольку модерируется высокой плотностью вида в южных местообитаниях, что вызывает миграции определенной части популяции в северном направлении. Кроме того, наблюдаемое расширение ареала сопряжено с общей тенденцией к смягчению климата на Русской равнине, способствуя натурализации вида если не в экстремальных условиях тундры и лесотундры, то, по крайней мере, в зоне смешанных бореальных лесов и южной тайги. Процесс расширения ареала шакала и влияние вида на бореальные экосистемы должен быть включен в национальные программы экологического мониторинга с использованием в качестве эффективных инструментов элементов молекулярно-генетического анализа и дистанционного трекинга и интегрирован с международными инструментами анализа и принятия решений в данной области.

### ФИНАНСИРОВАНИЕ

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-24-00635, <https://rscf.ru/project/23-24-00635/>

### КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы заявляют об отсутствии у них конфликтов интересов.

### СОБЛЮДЕНИЕ ЭТИЧЕСКИХ НОРМ

Этические нормы обращения с животными не нарушались, ни одно животное не было добыто специально для данного исследования. Все образцы взяты от законно добытых особей. Все применимые международные, национальные и/или институциональные принципы использования животных были соблюдены.

### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Бакеев Ю. Н. Изменение ареала и численности шакала на Северном Кавказе // Бюл. МОИП. Отд. Биол. 1978. Т. 83. № 2. С. 45–57.
- Блохина Т. А., Глазко В. И., Кирьякулов В. М. О первом случае регистрации обыкновенного шакала (*Canis aureus*) в Московской области // Вестник охотоведения. 2018. Т. 15. № 1. С. 12–114.
- Гричик В. В., Прокопчук В. В., Гребенчук А. Е. Шакал (*Canis aureus* L., 1758) — новый вид в териофауне Беларуси // Журнал Белорусского государственного университета. Биология. 2018. № 3. С. 55–61.
- Загороднюк І. Шакал (*Canis aureus*) в Україні: сучасна експансія та статус виду // Вісник Національного науково-природничого музею. 2014. Т. 12. С. 100–105.
- Казимиров П. А., Белоконов Ю. С., Белоконов М. М., Мишин А. С., Стахеев В. В., Яровенко Ю. А., Яровенко А. Ю., Политов Д. В. Генетическая диагностика предполагаемых гибридов волка и обыкновенного шакала // Генетика. 2024. Т. 60. № 6. С. 72–80. <https://doi.org/10.31857/S0016675824060073>
- Кораблев Н. П., Цветков И. Н., Кораблев П. Н., Кораблев М. П. Первая находка шакала *Canis aureus* в Псковской области — причины и последствия // Российский журнал биологических инвазий. 2024. Т. 1. № С. 36–48. <https://doi.org/10.35885/1996-1499-17-1-36-48>.
- Мусабеков К. С. Шакал в Казахстане. — Ламберт, 2014. 128 с.
- Новиков Г. А. Хищные млекопитающие фауны СССР. — М.; Л.: Изд-во АН СССР, 1956. 294 с.
- Сатунин К. А. Млекопитающие Кавказского края. Записки Кавказского музея. Тифлис, Т. 1. Сер. А-1. — 1915. 410 с.
- Темботов А. К. География млекопитающих Северного Кавказа // Нальчик: Эльбрус, 1972. С. 245.
- Хейдорова Е. Э., Шпак А. В., Гомель К. В., Сидорович В. Е., Демянчик В. В., Прокопчук В. В., Никифоров М. Е. Молекулярно-генетическая идентификация инвазивного вида — шакала азиатского (*Canis aureus*) на территории Беларуси // Доклады Национальной академии наук Беларуси. 2018. Т. 62. № 1. С. 86–92.
- Яровенко А. Ю. Волк (*Canis lupus* L. 1758) и шакал (*Canis aureus* L. 1758) в Дагестане (особенности экологии и управление популяциями. Дисс. ... канд. биол. наук. — Махачкала: Прикаспийский институт биологических ресурсов Дагестанского ФИЦ РАН, 2022.
- Яровенко Ю. А., Вагидов З. Ю., Яровенко А. Ю. Особенности распространения и экология шакала (*Canis aureus*) в России и Дагестане // Труды государственного природного заповедника Дагестанский. 2014. Т. 9. С. 168–172.
- Arnold J., Humer A., Heltai M., Murariu D., Spassov N., Hackländer K. Current status and distribution of golden jackals *Canis aureus* in Europe // Mammal Review. 2012. V. 42. № 1. P. 1–11. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2907.2011.00185.x>
- Bacci F., Lunghi E. The golden jackal *Canis aureus* L. 1758 (Carnivora: Canidae) on the Tuscan Apennines // Nat. History Sci. Milano. 2022. <https://doi.org/10.4081/nhs.2022.614>

- Böcker F., Weber H., Collet S. First documentation of golden jackal (*Canis aureus*) reproduction in Germany // Mammal Research. 2023. V. 68. № 2. P. 249–252. <https://doi.org/10.1007/s13364-022-00666-y>
- Bogdanowicz W., Bilska A.G., Kleven O., Aspi J., Caro A., Harmoinen J., Kvist L., Madeira M.J., Pilot M., Kopatz A. Species on the move: a genetic story of three golden jackals at the expansion front // Mammalian Biology. 2024. <https://doi.org/10.1007/s42991-024-00452-0>
- Cunze S., Klimpel S. From the Balkan towards Western Europe: Range expansion of the golden jackal (*Canis aureus*)—A climatic niche modeling approach // Ecology and Evolution. 2022. V. 12. № 7. P. e9141. <https://doi.org/10.1002/ece3.9141>
- Dzięch A., Wierzbicki H., Moska M., Zatoń-Dobrowolska M. Invasive and alien mammal species in Poland — A review // Diversity. 2023. V. 15. № 2. P. 138. <https://doi.org/10.3390/d15020138>
- Galov A., Sindic M., Gomercic T., Arbanasic H., Baburic M., Boskovic I., Florijancic T. PCR-based Y chromosome marker for discriminating between golden jackal (*Canis aureus*) and domestic dog (*Canis lupus familiaris*) paternal ancestry // Conservation Genetics Resources. 2014. V. 6. № 2. P. 275–277. <https://doi.org/10.3390/d15020138>
- Gopalakrishnan S., Sinding M.-H.S., Ramos-Madrigril J., Niemann J., Samaniego Castruita J.A., Vieira F.G., Caroe C., Montero M.d.M., Kuderna L., Serres A., Gonzalez-Basallote V.M., Liu Y.-H., Wang G.-D., Marques-Bonet T., Mirarab S., Fernandes C., Gaubert P., Koepfli K.-P., Budd J., Rueness E.K., Silveiro C., Heide-Jorgensen M.P., Petersen B., Sicheritz-Ponten T., Bachmann L., Wiig O., Hansen A.J., Gilbert M.T.P. Interspecific gene flow shaped the evolution of the genus *Canis* // Current Biology. 2018. V. 28. № 21. P. 3441–3449. e5. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2018.08.041>
- Hatlauf J., Bayer K., Trouwborst A., Hackländer K. New rules or old concepts? The golden jackal (*Canis aureus*) and its legal status in Central Europe // European Journal of Wildlife Research. 2021. V. 67. P. 1–15. <https://doi.org/10.1007/s10344-020-01454-2>
- Herzig-Straschil B. Short note: First breeding record of the golden jackal (*Canis aureus* L., 1758, Canidae) in Austria // Annales Naturhist Museum Wien B. 2008. V. 109. P. 73–76.
- Hoang D.T., Chernomor O., von Haeseler A., Minh B.Q., Vinh L.S. UFBoot2: Improving the ultrafast bootstrap approximation // Molecular Biology and Evolution. 2017. V. 35. № 2. P. 518–522. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx281>
- Honkala M., Nummi P. Kultasakaali leviää, mitkä ovat vaihtokset—kirjallisuuskatsaus // Suomen Riista. 2019. V. 65. P. 7–16.
- Jirků M., Dostál D., Robovský J., Šálek M. Reproduction of the golden jackal (*Canis aureus*) outside current resident breeding populations in Europe: evidence from the Czech Republic // Mammalia. 2018. V. 82. № 6. P. 592–595. <https://doi.org/10.1515/mammalia-2017-0141>
- Kalyaanamoorthy S., Minh B.Q., Wong T.K.F., von Haeseler A., Jermin L.S. ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic estimates // Nature Methods. 2017. V. 14. № 6. P. 587–589. <https://doi.org/10.1038/nmeth.4285>
- Kojola I., Henttonen H., Heikkinen S., Ranc N. Golden jackal expansion in northernmost Europe: records in Finland // Mammalian Biology. 2023. V. 104. <https://doi.org/10.1007/s42991-023-00382-3>
- Kowalczyk R., Kolodziej-Sobocinska M., Ruczynska I., Wojcik J.M. Range expansion of the golden jackal (*Canis aureus*) into Poland: first records // Mammal Research. 2015. V. 60. № 4. P. 411–414. <https://doi.org/10.1007/s13364-015-0238-9>
- Kowalczyk R., Wudarczyk M., Wójcik J.M., Okarma H. Northernmost record of reproduction of the expanding golden jackal population // Mammalian Biology. 2020. V. 100. P. 107–111.
- Kryštufek B., Murariu D., Kurtonur C. Present distribution of the Golden Jackal *Canis aureus* in the Balkans and adjacent regions // Mammal Review. 1997. V. 27. № 2. P. 109–114. <https://doi.org/10.1007/s42991-020-00009-x>
- Kryštufek B., Murariu D., Kurtonur C. Present distribution of the Golden Jackal *Canis aureus* in the Balkans and adjacent regions // Mammal Review. 1997. V. 27. № 2. P. 109–114. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2907.1997.tb00375.x>
- Lanszki J., Schally G., Heltai M., Ranc N. Golden jackal expansion: first telemetry evidence of a natal dispersal // Mammalian Biology. 2018. V. 88. P. 81–84. <https://doi.org/10.1016/j.mambio.2017.11.011>
- Lisovsky A.A., Sheftel B.I., Stakheev V.V., Ermakov O.A., Smirnov D.G., Glazov D.M., Strelnikov D.P., Ekonomov A.V., Titov S.V., Obolenskaya E.V., Kozlov Y.A., Saveljev A.P. Creating an integrated information system for the analysis of mammalian fauna in the Russian Federation and the preliminary results of this information system // Russian Journal of Theriology. 2018. V. 17. P. 85–90. <https://doi.org/10.15298/rusjtheriol.17.2.04>
- Männil P., Ranc N. Golden jackal (*Canis aureus*) in Estonia: Development of a thriving population in the boreal ecoregion // Mammal Research. 2022. V. 67. № 2. P. 245–250. <https://doi.org/10.1007/s13364-021-00615-1>
- Minh B.Q., Schmidt H.A., Chernomor O., Schrempf D., Woodhams M.D., von Haeseler A., Lanfear R. IQ-TREE2: New models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era // Molecular Biology and Evolution. 2020. V. 37. № 5. P. 1530–1534. <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa015>
- Ninausz N., Fehér P., Csányi E., Heltai M., Szabó L., Barta E., Kemenszky P., Sándor G., Jánoska F., Horváth M., Kusza S., Frank K., Varga L., Stéger V. White and other fur colourations and hybridization in golden

- jackals (*Canis aureus*) in the Carpathian basin // Scientific Reports. 2023. V. 13. № 1. P. 21969. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-49265-0>
- Paulauskas A., Ražanskė I., Radzijeuskaja J., Nugaraite D., Gedminas V. The golden jackal *Canis aureus* – a new species in the Baltic countries // Biologija. 2018. V. 64. № 3. P. 203–207. <https://doi.org/10.6001/biologija.v64i3.3825>
- Ranc N., Krofel M., Cirovic D. IUCN Red List Mapping for the regional assessment of the Golden Jackal (*Canis aureus*) in Europe. IUCN Red List Threatened Species, 13, 2018.
- Rykov A. M., Kuznetsova A. S., Tirronen K. F. The first record of the golden jackal (*Canis aureus* Linnaeus, 1758) in the Russian Subarctic // Polar Biology. 2022. V. 45. № 5. P. 965–970. <https://doi.org/10.1007/s00300-022-03037-0>
- Serva D., Iannella M., Cittadino V., Biondi M. A shifting carnivore's community: habitat modeling suggests increased overlap between the golden jackal and the Eurasian lynx in Europe // Frontiers in Ecology and Evolution. 2023. V. 11. <https://doi.org/10.3389/fevo.2023.1165968>
- Smith M. F., Patton J. L. Variation in mitochondrial cytochrome *b* sequence in natural populations of South American akodontine rodents (Muridae: Sigmodontinae) // Molecular Biology and Evolution. 1991. V. 8. № 1. P. 85–103. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040638>
- Sørensen O., Lindsø L. Gullsjakal påvist i Norge – forvaltningsutfordringer ved nye arter i landet // Fauna. 2021. V. 74. № 3–4. P. 74–87.
- Spassov N. The position of Jackals in the *Canis* genus and life-history of the Golden Jackal (*Canis aureus* L.) in Bulgaria and on the Balkans // Historia Naturalis Bulgarica. 1989. № 1. P. 44–56.
- Stronen A. V., Mattucci F., Fabbri E., Galaverni M., Cocchiararo B., Nowak C., Godinho R., Ruiz-González A., Kusak J., Skrbinšek T. A reduced SNP panel to trace gene flow across southern European wolf populations and detect hybridization with other *Canis* taxa // Scientific Reports. 2022. V. 12. № 1. P. 4195. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-08132-0>
- Szynwelski B. E., Kretschmer R., Matzenbacher C. A., Ferrari F., Alievi M. M., de Freitas T. R. O. Hybridization in canids—a case study of pampas fox (*Lycalopex gymnocercus*) and domestic dog (*Canis lupus familiaris*) hybrid // Animals. 2023. V. 13. № 15. P. 2505. <https://doi.org/10.3390/ani13152505>
- R Core Team: A Language and Environment for Statistical Computing, 2022.
- Travain T., Fior E., Bigotti G., Fedele P. L., Lapini L., Filonzi L., Valsecchi P., Nonnis Marzano F. First occurrence of a reproductive group of golden jackal (*Canis aureus moreoticus*) in a densely populated area south of the Po River (Italy) // Mammal Research. 2024. V. 69. № 3. P. 455–460. <https://doi.org/10.1007/s13364-024-00745-2>
- Trifinopoulos J., Nguyen L.-T., von Haeseler A., Minh B. Q. W-IQ-TREE: a fast online phylogenetic tool for maximum likelihood analysis // Nucleic Acids Research. 2016. V. 44. № W1. P. W232–W235. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw256>
- Trolle M. Guldssjakaler i Danmark. Ulve i Danmark. <https://ulveidanmark.ku.dk/guldssjakal/guldssjakaler-i-danmark>. Accessed 30 Sept 2020. 2015.
- Trouwborst A., Krofel M., Linnell J. D. C. Legal implications of range expansions in a terrestrial carnivore: the case of the golden jackal (*Canis aureus*) in Europe // Biodiversity and Conservation. 2015. V. 24. № 10. P. 2593–2610. <https://doi.org/10.1007/s10531-015-0948-y>
- Williams J. E., Blois J. L. Range shifts in response to past and future climate change: can climate velocities and species' dispersal capabilities explain variation in mammalian range shifts? // Journal of Biogeography. 2018. V. 45. P. 2175–2189. <https://doi.org/10.1111/jbi.13395>
- Yu G. Using ggtree to visualize data on tree-like structures // Current Protocols in Bioinformatics. 2020. V. 69. № 1. P. e96. <https://doi.org/10.1002/cpbi.96>
- Yu G. Data Integration, Manipulation and Visualization of Phylogenetic Treess. Chapman and Hall/{CRC}, 2022.
- Yu G., Lam T. T.-Y., Zhu H., Guan Y. Two methods for mapping and visualizing associated data on phylogeny using ggtree // Molecular Biology and Evolution. 2018. V. 35. № 2. P. 3041–3043. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy194>
- Yu G., Smith D., Zhu H., Guan Y., Lam T. T.-Y. ggtree: an R package for visualization and annotation of phylogenetic trees with their covariates and other associated data // Methods in Ecology and Evolution. 2017. V. 8. № 1. P. 28–36. <https://doi.org/10.1111/2041-210x.12628>

**Evidences of a northward expansion of the southern carnivore:  
genetic identification of the golden jackal *Canis aureus* L.  
from the Central Non-Black Earth region and dynamics of its range  
in the historical period**

**D. V. Politov<sup>1, 2, #</sup>, O. M. Ryabinina<sup>1</sup>, A. V. Davydov<sup>3</sup>, N. A. Morgunov<sup>3</sup>, P. A. Kazimirov<sup>1, 2</sup>**

<sup>1</sup>*Vavilov Institute of General Genetics Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

<sup>2</sup>*All-Russian Research Institute for Environmental Protection, Moscow, Russia*

<sup>3</sup>*Federal Center for Hunting Development, Moscow, Russia*

<sup>#</sup>*e-mail: dmitri\_p@inbox.ru*

The article presents the results of molecular genetic identification of two individuals of the golden jackal, *Canis aureus* Linnaeus 1758 (Carnivora, Mammalia), hunted in the Vladimir region of Russia. The initial morphological diagnosis was confirmed both by the maternal (sequenced fragment of the mtDNA cytochrome *b* gene) and paternal (fragment analysis of amplicons of the *ZfY* gene localized on the Y chromosome) lineages. Both individuals were identified as golden jackals, the sequences of which correspond to the European-Middle Eastern lineage of *C. aureus*. The presented data confirm new records of the golden jackal outside the stable part of the historical range of the species – in the north of the front of its dispersal in the Central Non-Black Earth Region. We analyze these facts in the context of the expansion of the golden jackal range to the central and northern parts of the Russian Plain.

**Keywords:** Golden jackal, range expansion, genetic identification, mtDNA, Y-chromosome markers, hybridization, introgression