

ISSN 1029-8940 (Print)

ISSN 2524-230X (Online)

УДК 598.279.23:577.21(476)(091)

<https://doi.org/10.29235/1029-8940-2026-71-1-17-24>

Поступила в редакцию 19.05.2025

Received 19.05.2025

А. А. Волнистый¹, Л. О. Дашевская¹, Г. В. Сергеев², М. Е. Никифоров¹

¹Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по биоресурсам,
Минск, Республика Беларусь

²Институт биоорганической химии Национальной академии наук Беларуси,
Минск, Республика Беларусь

ПОСТОЯНСТВО ГАПЛОТИПИЧЕСКОГО СОСТАВА ОБЫКНОВЕННОГО КАНЮКА *BUTEO BUTEO* (LINNAEUS, 1758) НА ТЕРРИТОРИИ БЕЛАРУСИ

Аннотация. По результатам ДНК-анализа маркера митохондриального псевдоконтрольного региона 30 особей обыкновенного канюка, полученных в период с 1928 по 2023 г., определен гаплотипический состав в гнездящейся на территории Беларуси группировке обыкновенного канюка *Buteo buteo* по маркеру митохондриального псевдоконтрольного региона на протяжении последнего столетия. Установлены связи региональной группировки обыкновенного канюка с остальной частью европейской популяции вида. Выявлено постоянство низкого генетического разнообразия вида на территории страны, указывающее на отсутствие заметного воздействия миграций и проведения в 1950–1960-е гг. кампании по массовому отстрелу крупных хищных птиц на белорусскую группировку.

Ключевые слова: обыкновенный канюк, генетическое разнообразие

Для цитирования: Постоянство гаплотипического состава обыкновенного канюка *Buteo buteo* (Linnaeus, 1758) на территории Беларуси / А. А. Волнистый, Л. О. Дашевская, Г. В. Сергеев, М. Е. Никифоров // Весті Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя біялагічных навук. – 2026. – Т. 71, № 1. – С. 17–24. <https://doi.org/10.29235/1029-8940-2026-71-1-17-24>

Arseni A. Valnisty¹, Lidziya O. Dasheuskaya¹, Gennady V. Sergeev², Mikhail E. Nikiforov¹

¹Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus on Bioresources,
Minsk, Republic of Belarus

²Institute of Bioorganic Chemistry of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus

HISTORICAL GENETIC STABILITY IN THE COMMON BUZZARD *BUTEO BUTEO* (LINNAEUS, 1758) OF BELARUS

Abstract. This study examines the historical haplotype composition of the mitochondrial pseudocontrol region in the breeding population of the common buzzard (*Buteo buteo*) in Belarus, spanning the past century. A molecular genetic analysis of 30 specimens collected between 1928 and 2020 revealed a consistent haplotype profile within the Belarusian population, demonstrating long-term stability in genetic structure. Comparative analyses identified genetic links between this population and broader European groups of the species. Notably, the persistence of low genetic diversity in the Belarusian common buzzards population suggests minimal influence from migration dynamics and historical mass culling campaigns targeting large raptors. These findings highlight the population's limited exposure to external demographic pressures over time, offering critical insights into its ecological resilience and informing future conservation strategies.

Keywords: common buzzard, genetic diversity

For citation: Valnisty A. A., Dasheuskaya L. O., Sergeev G. V., Nikiforov M. E. Historical genetic stability in the Common Buzzard *Buteo buteo* (Linnaeus, 1758) of Belarus. *Vesti Natsyional'noi akademii nauk Belarusi. Seriya biyalagichnykh nauk* = *Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Biological series*, 2026, vol. 71, no. 1, pp. 17–24 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1029-8940-2026-71-1-17-24>

Введение. В Республике Беларусь дневные хищные птицы в настоящее время представлены 2 отрядами – Ястребообразные (Accipitriformes) и Соколообразные (Falconiformes), объединяющими 29 видов, многие из которых гнездятся на территории страны [1].

В исторической ретроспективе на территории Европы хищные птицы не раз подвергались воздействию антропогенных факторов, включая их массовый отстрел как вредителей охотничьего хозяйства, что особенно проявилось в первой половине XX в. Кампания по непосредственному уничтожению хищников имела особый резонанс в публикациях того времени. Во многих

странах хищные птицы еще до начала XX в. причислялись к вредным, наносящим ущерб хозяйству человека, за что они всячески преследовались и истреблялись [2]. Причем это истребление носило массовый характер, особенно с появлением огнестрельного охотничьего оружия и сокращением дичи в угодьях. В восточной части Европы, в том числе на современном постсоветском пространстве, целенаправленное уничтожение пернатых хищников активно осуществлялось с конца XIX в. и особенно масштабно проводилось почти до 70-х гг. XX в. [2]. В конце 1950–начале 1960-х гг., судя только по официальным данным охотничьей статистики, в Советском Союзе в целом истребляли 100–150 тыс. хищных птиц ежегодно [3]. Согласно другим сведениям в 1962 г. в СССР только официально было зарегистрировано уничтожение 1 154 700 «вредных» птиц, не считая погибших раненых и не попавших в регистрацию [2]. По экстраполяциям расчетов специалистов, с 1956 по 1964 г. в европейской части бывшего СССР было истреблено несколько десятков миллионов дневных хищных птиц [4]. И хотя официально вредителями были объявлены не все виды хищных птиц, а такие как ястреб-тетеревятник (*Accipiter gentilis*), ястреб-перепелятник (*A. nisus*), болотный лунь (*Circus aeruginosus*), среди жертв отстрела оказывались обыкновенный канюк (*Buteo buteo*), обыкновенный осоед (*Pernis apivorus*) и многие другие [3–5]. Так, известно, что в 1960-е гг. на территории Беларуси было отстреляно около 10,5 тыс. особей ястребиных, но при этом авторы обращают внимание на то, что действительно к рекомендованным для отстрела видам хищных птиц принадлежало не более 30 % от общего числа уничтоженных [6].

Последствия антропогенного влияния на популяции хищных видов птиц являются разносторонне исследованной проблемой во многих странах Европы, но ее изучение в Беларуси на данный момент в основном ограничено определением численности и ее многолетней динамики на основании классических методов. К настоящему времени для Беларуси актуально описаны ареалы, численность и плотность большинства гнездящихся видов хищных птиц, а также получен генетический анализ популяционной структуры большого подорлика (*Clanga clanga*) на основании данных серии митохондриальных и микросателлитных маркеров [7, 8].

Более подробную информацию о популяционной динамике видов и последствиях антропогенного вмешательства можно получить с помощью анализа генетического разнообразия. Значительные демографические перепады и фрагментации оказывают влияние на генетическое разнообразие в популяциях, что отражается в изменении гаплотипического разнообразия и частоты встречаемости аллелей нейтральных маркеров митохондриальной ДНК среди особей в исследуемой популяции [9]. Данные об изменении генетического разнообразия в поколениях позволяют оценить не только историю демографии вида, но и выделить критические для популяции падения численности и сокращения генофонда [10].

В настоящем исследовании мы использовали анализ динамики генетического разнообразия в белорусской популяции обыкновенного канюка (*B. buteo*) посредством нейтральных митохондриальных ДНК-маркеров. Изучение гаплотипического разнообразия нейтральных митохондриальных маркеров для нескольких хронологических выборок модельного вида распространенной в Беларуси хищной птицы применяется для оценки масштабов демографических колебаний, испытанных популяцией за покрываемый выборками период, и характеризует глубину последствий упомянутого антропогенного влияния.

Материалы и методы исследования. Для исследования генетической структуры была задействована выборка из 30 проб генетического материала белорусской популяции обыкновенного канюка, разделенная на 3 хронологические подвыборки, соответствующие исследуемым временным промежуткам (табл. 1). Выборка включала образцы, представленные мягкими тканями птиц, перьями, образцами крови и цельными тучелами животных, с типовым музейным фиксированием и обработкой посредством солей мышьяка. Источником послужила коллекция Генетического банка дикой фауны НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам, а также музейные коллекции биологического факультета БГУ, ГГУ им. Ф. Скорины, Государственного музея природы и экологии Республики Беларусь. В ходе формирования выборки отбирались пробы особей, достоверно гнездящихся на территории республики, исходя из условий сбора. Конкретные временные границы выборок были определены доступностью материала.

Таблица 1. Перечень задействованных в анализе особей обыкновенного канюка, разделенный по хронологическим подвыборкам

Table 1. List of common buzzard specimens involved in the analysis, divided by chronological subsamples

ID образца	GenBank A/N	Дата сбора	Место сбора	Широта	Долгота
<i>Выборка 1920–1935 гг.</i>					
AV04453	PV577337	02.07.1924	Витебская губ., Полоцкий уезд, ст. Оболь	55.562	29.528
AV04454	PV577338	31.05.1924	Борисовский уезд, Боровлянская вол., д. Рудня	54.462	28.328
AV04455	PV577339	15.07.1924	Витебская губ., Полоцкий уезд, им. Горбачево	55.533	28.898
AV04456	PV577340	26.07.1924	Витебская губ., Полоцкий уезд, ст. Оболь	55.363	29.275
AV04457	PV577341	13.07.1925	Могилёвская обл., Чериковский р-н., д. Клины	53.597	31.394
AV04459	PV577342	04.06.1925	Бобруйский уезд, д. Осокино	53.036	29.239
AV04460	PV577343	03.06.1925	Бобруйский уезд, д. Осокино	53.036	29.239
AV04461	PV577344	15.07.1925	Калининский округ, г. Климовичи	53.609	31.962
AV04463	PV577345	05.08.1926	Минская обл., Минский р-н, окр. г. Минска	54.002	27.523
AV04464	PV577356	20.08.1928	Минская обл., Минский р-н, окр. г. Минска	54.002	27.523
<i>Выборка 1936–1965 гг.</i>					
AV04467	PV577346	10.02.1936	Пос. Высадное	54.302	28.547
AV04468	PV577347	15.08.1936	М. Пуховичи	52.374	27.961
AV04469	PV577348	27.06.1939	М. Пуховичи	52.374	27.961
AV04470	PV577349	10.08.1946	Минская обл., Бегомльский р-н., д. Пострежье	53.387	27.461
AV04471	PV577350	10.09.1949	Витебская обл., Лепельский р-н, д. Кветча	54.695	28.310
AV04472	PV577351	20.08.1950	Минская обл., Бегомльский р-н., д. Переходцы	53.387	27.461
AV04473	PV577352	17.04.1953	Полесская обл., Петриковский р-н., д. Селютичи	52.310	28.219
AV04476	PV577353	08.07.1957	Молодечненская обл., Свирский р-н., хут. Малиновка	54.861	26.921
AV04477	PV577354	21.07.1959	Минская обл., Бегомльский р-н., д. Кветча	53.387	27.461
AV04478	PV577355	21.05.1965	Минская обл., Бегомльский р-н	53.387	27.461
<i>Выборка 2006–2023 гг.</i>					
AV00158	PV577327	10.04.2009	Минская обл., Минский р-н	54.002	27.523
AV01111	PV577328	25.03.2009	Минская обл., Минский р-н, окр. г. Минска	53.902	27.561
AV02836	PV577329	26.04.2012	Гродненская обл., Новогрудский р-н	53.660	25.866
AV03148	PV577330	01.06.2011	Минская обл., Минский р-н	54.002	27.523
AV03161	PV577331	26.04.2012	Гродненская обл., Новогрудский р-н, д. Бор	53.767	26.149
AV03176	PV577332	25.03.2009	Минская обл., Минский р-н, г. Минск	53.902	27.561
AV03504	PV577333	19.07.2017	Брестская обл., НП «Беловежская пуща»	52.605	23.936
AV03624	PV577334	25.07.2017	Березинский биосферный заповедник	54.754	28.346
AV04062	PV577335	09.08.2021	Минская обл., Логойский р-н, г. Логойск	54.360	27.826
AV04307	PV577336	08.03.2023	Минская обл., Логойский р-н	54.354	27.770

Географическое распределение задействованных проб обыкновенного канюка, включенных в исследование, представлено на рис. 1.

По итогам апробации методов изоляции ДНК экстракция методом лизиса тканей в присутствии протеиназы К и дитиотреитола и связывания ДНК на силикатных мембранах с использованием набора Tissue DNA Preparation Kit (Jena Bioscience, Германия) продемонстрировала наилучшие показатели для основных типов генетического материала, включая фиксированные с использованием солей мышьяка образцы тканей из музейных коллекций.

Тестирование системы амплификации на основе 11 олигонуклеотидов, подобранных в результате изучения литературных источников или созданных *de novo* исходя из данных референсных митохондриальных геномов обыкновенного канюка, привело к выбору системы для амплификации митохондриального ψ -Контрольного Региона (ψ CR) на основе пары олигонуклеотидов tGlufwd (CTCTCCAAAACCTACGACCTG) и YRC-1rev (GGAAGTCCAGTGGTGTGTTGG) [11] как оптимальной для совместного анализа всех хронологических выборок. Также подобраны оптимальные параметры для осуществления ПЦР-амплификации (табл. 2).

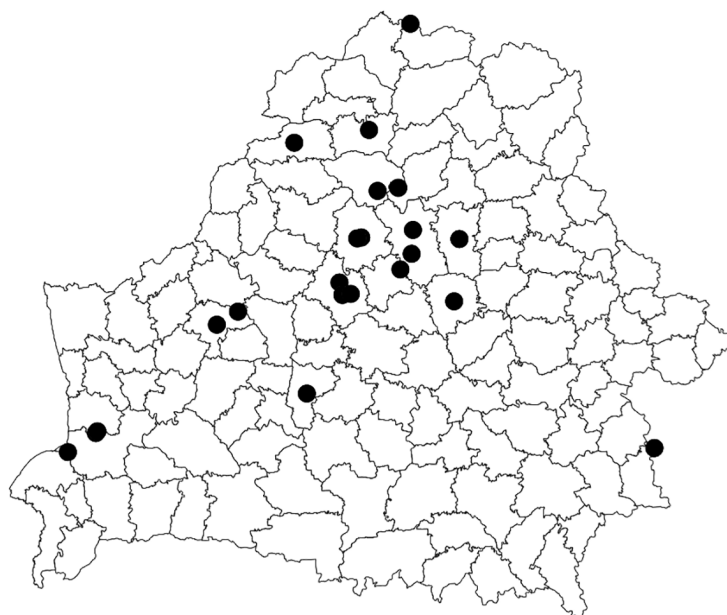


Рис. 1. Карта географического распределения образцов генетического материала обыкновенного канюка (*B. buteo*) в сформированной выборке (точками обозначены локации сбора образцов)

Fig. 1. Map of distribution of harvesting locations for sampled common buzzards, marked by black dots

Таблица 2. Протокол амплификации митохондриального локуса псевдоконтрольного региона обыкновенного канюка

Table 2. Utilized protocol for common buzzard mitochondrial pseudocontrol region amplification

Этап ПЦР	Температура/число циклов		Время
Начальная денатурация	94 °C		3 мин
Денатурация	94 °C	35 циклов	30 с
Связывание олигонуклеотидов	55 °C		30 с
Элонгация	72 °C		45 с
Финальная элонгация	72 °C		5 мин

Для определения нуклеотидных последовательностей амплифицированных фрагментов применялось секвенирование по Сэнгеру с использованием осаждения в присутствии этанола и ЭДТА для очистки продуктов терминирующей реакции с последующим разделением на секвенаторе ABI 3500 (Applied Biosystems, США). Выравнивание нуклеотидных последовательностей осуществлялось по алгоритму MAFFT [12] с использованием программного обеспечения UGENE [13]. Полученные последовательности применялись для проверки методики анализа генетического разнообразия с использованием программного обеспечения DNASP 6.12.03 [14]. Построение гаплотипических сетей проводилось в программе POPART [15] с применением алгоритма Median Joining.

Для проведения сравнительного анализа из базы данных GenBank была сформирована сравнительная выборка нуклеотидных последовательностей ψ КР обыкновенного канюка из Европы и Азии количеством в 145 последовательностей и длиной от 236 до 685 п. о. Собранные нуклеотидные последовательности были охарактеризованы по региону происхождения и источнику, выравнены с использованием алгоритма MAFFT в программном обеспечении UGENE, а также объединены в гаплотипы для последующего использования в качестве сравнительных групп в анализе белорусской популяции обыкновенного канюка.

Результаты и их обсуждение. Характеристики генетического разнообразия по суммарной выборке и по хронологическим выборкам представлены в табл. 3.

Таблица 3. Оценка уровня генетического разнообразия канюка по данным псевдоконтрольного региона мтДНК по выборкам

Table 3. Estimates of common buzzard genetic diversity according to mitochondrial pseducontrol region analysis

Показатель	Тотальная выборка	1920–1935 гг.	1936–1965 гг.	2006–2023 гг.
N	30	10	10	10
h	2	1	1	2
Hd	0,067	—	—	0,2
π	0,00031	—	—	0,00093
k	0,06667	—	—	0,2
θ	0,00117	—	—	0,00164

Примечание. N – размер выборки, h – количество гаплотипов, Hd – уровень гаплотипического разнообразия, π – нуклеотидное разнообразие (среднее число различий на сайт между двумя сиквенсами), k – среднее число нуклеотидных различий, θ – оценка нуклеотидного разнообразия на основе числа сегрегационных сайтов (segregating sites).

По единственному полиморфному сайту на позиции 71 в тотальной выборке выделялись 2 гаплотипа. К одному из представленных гаплотипов, условно обозначенному как H1, была отнесена особь AV00158, добытая в 2009 г. в Минской обл. Остальные особи были отнесены ко второму гаплотипу, условно обозначенному как H2 (табл. 4).

Таблица 4. Распределение исследуемых последовательностей контрольного региона мтДНК канюка по гаплотипам

Table 4. Haplotype distribution of obtained common buzzard mtDNA ψ CR sequences

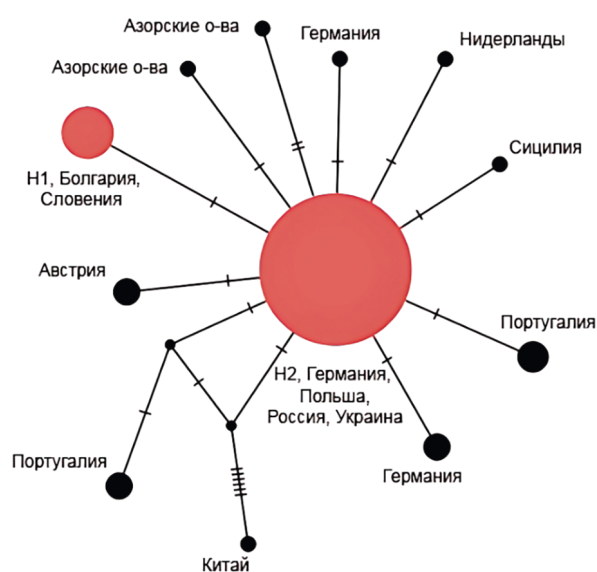
Идентификатор особи	Гаплотип
AV00158	H1
AV04453, AV04454, AV04455, AV04456, AV04457, AV04458, AV04459, AV04460, AV04461, AV04462, AV04463, AV04464, AV04465, AV04466, AV04467, AV04468, AV04469, AV04470, AV04471, AV04472, AV04473, AV04474, AV04475, AV04476, AV04477, AV04478, AV00199, AV00529, AV00693, AV00877, AV01110, AV01111, AV01155, AV02829, AV02836, AV03148, AV03161, AV03176, AV03504, AV03624, AV04062, AV04173, AV04210, AV04307	H2

Наглядно филогеографическая структура европейской популяции обыкновенного канюка представлена с помощью сети гаплотипов (контрольный регион мтДНК) вида (рис. 2).

Рис. 2. Сеть гаплотипов ψ КР обыкновенного канюка, построенная по алгоритму Median Joining на основании международной выборки из 144 последовательностей, включая 30 последовательностей, полученных в настоящем исследовании. Гаплотипы, обозначенные красным цветом, соответствуют 2 гаплотипам, выявленным на территории Беларуси в настоящем исследовании. Обозначения прочих гаплотипов соответствуют идентификаторам географического происхождения включенных в гаплотип индивидов по данным GenBank

Fig. 2. Median Joining network of ψ CR haplotypes of the common buzzard in the international sample of 144 sequences, including 30 sequences obtained in the present study. Haplotypes marked in red correspond to two haplotypes identified for Belarus in the present study.

The designations of other haplotypes correspond to the identifiers of the geographical origin according to GenBank data



Полученные результаты изменяют характер выполняемого анализа – низкое генетическое разнообразие и постоянство гаплотипического состава в популяции не позволяют говорить о какой-либо динамике генетического разнообразия вида на исследуемой территории. Напротив, данные указывают на ярко выраженное постоянство низкого генетического разнообразия в исследуемой группировке.

Проведенный анализ генетического разнообразия обыкновенного канюка на территории Республики Беларусь на основании использованного генетического маркера не выявил значимых изменений в структуре митохондриального наследия популяции в течение периода, охватывающего несколько десятилетий наблюдений. Полученные данные позволяют предположить, что вид длительное время существует в условиях ограниченной генетической variability, что, вероятно, является отражением глубокой исторической стабильности его генофонда в регионе. Отсутствие явных временных колебаний может указывать на то, что даже под влиянием антропогенных факторов (в данном случае – отстрел охотниками) популяция сохраняет ярко выраженную устойчивость. Это позволяет утверждать, что предполагаемая доля изъятия особей в ходе обозначенных кампаний не оказалась достаточно значимой для оказания катастрофического воздействия. Феномен, вероятно, связан с тесной интеграцией региональной группировки канюка в общеевропейскую метапопуляционную систему вида, где миграционные потоки между регионами компенсируют локальные потери генетического материала, создавая эффект буфера. Установление таких миграционных потоков требует дополнительных исследований.

Интересно отметить, что наблюдаемое генетическое однообразие, несмотря на кажущуюся уязвимость, не обязательно свидетельствует о критическом состоянии популяции. Напротив, оно может быть следствием адаптивной стратегии вида, который, благодаря экологической пластичности, сделавшей его наиболее распространенным крупным хищником в регионе, успешно нивелирует давление внешних факторов. Например, способность канюка осваивать агроландшафты и переключаться на альтернативные кормовые ресурсы [16], по всей видимости, снижает зависимость от специфических условий среды, что в долгосрочной перспективе способствует стабилизации численности [17]. Кроме того, нельзя исключать, что исторически сложившаяся связь с континентальными группировками играет роль генетического резервуара, обеспечивая непрерывный обмен особями и поддерживая жизнеспособность локальной популяции даже под воздействием антропогенного давления.

Тем не менее интерпретация этих выводов требует определенной осторожности. Нельзя полностью игнорировать потенциальные методологические ограничения, связанные с объемом выборки или техническими аспектами анализа. В связи с чем остаются актуальными дальнейшие исследования с расширением задействованного участка маркерной последовательности. Кроме того, не исключено, что включение в выборки дополнительных временных промежутков или географических точек могло бы раскрыть детали, остающиеся за рамками текущей работы.

В свете полученных данных становится очевидным, что обыкновенный канюк как вид с широким ареалом и высокой экологической толерантностью демонстрирует качественный баланс между генетической консервативностью и адаптивным потенциалом. Однако сохранение этого баланса в будущем может быть поставлено под вопрос в условиях глобальных климатических сдвигов и усиления антропогенной нагрузки. Дальнейшие исследования, направленные на изучение генетических характеристик и миграционных паттернов крупных хищных птиц, помогут прояснить, насколько устойчивой окажется эта модель в долгосрочной перспективе. Понимание подобных процессов важно не только для охраны конкретного вида, но и для разработки стратегий сохранения биоразнообразия в целом, учитывающих сложное взаимодействие между локальными и общепопуляционными механизмами устойчивости.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Благодарности. Работа выполнена при финансовой поддержке БРФФИ в рамках договора № B23M-036.

Acknowledgments. The study described here was funded by Belarusian Republican Foundation for Fundamental Research (grant No. B23M-036).

Список использованных источников

1. Никифоров, М. Е. Региональные списки видов птиц и иммиграционный орнитофауногенез / М. Е. Никифоров, И. Е. Самусенко // Актуальные проблемы зоологической науки в Беларуси: сб. ст. XI Зоол. Междунар. науч.-практ. конф., приуроч. к десятилетию основания ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам», г. Минск, 1–3 нояб. 2017 г.: в 2 т. / редкол.: О. И. Бородин [и др.]. – Мн., 2017. – Т. 1. – С. 275–293.
2. Дементьев, Г. П. Нужно ли истреблять хищных птиц? / Г. П. Дементьев // Охота и охотничье хозяйство. – 1962. – № 11. – С. 25–26.
3. Галушин, В. М. Хищные птицы / В. М. Галушин. – М.: Лес. пром-сть, 1970. – 136 с.
4. Шергалин, Э. Масштабы уничтожения дневных хищных птиц в Эстонской Республике в 1892–1964 гг. – к полувековому юбилею введения запрета на отстрел хищных птиц на территории Северной Евразии // Хищные птицы Северной Евразии. Проблемы и адаптации в современных условиях: материалы VII Междунар. конф. Рабочей группы по соколообразным и совам Сев. Евразии, г. Сочи, 19–24 сент. 2016 г. / отв. ред. В. П. Белик. – Ростов н/Д, 2016. – С. 110–112.
5. Шеф, Э. Определитель дневных хищных птиц по их лапам / Э. Шеф; пер. с нем. Г. Г. фон-Петц. – Л.: Начатки знаний, 1926. – 48 с.
6. Гусев, О. Кого же мы уничтожаем? / О. Гусев // Охота и охотничье хозяйство. – 1969. – № 9. – С. 28–30.
7. Видовая дифференциация большого и малого подорликов с использованием молекулярно-генетических маркеров / Е. А. Аксенова, Н. В. Луханина, А. М. Шимкевич [и др.] // Изучение и охрана большого и малого подорликов в Северной Евразии: материалы V Междунар. конф. по хищным птицам Северной Евразии, Иваново, 4–7 февр., 2008 г. / Иванов. гос. ун-т [и др.]; редкол.: В. Н. Мельников (отв. ред.) [и др.]. – Иваново, 2008. – С. 18–25.
8. Unravelling population processes over the Late Pleistocene driving contemporary genetic divergence in Palearctic buzzards / M. J. Jowers, S. Sánchez-Ramírez, S. Lopes [et al.] // Molecular Phylogenetics and Evolution. – 2019. – Vol. 134 – P. 269–281. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2019.02.004>
9. Mapping our knowledge on birds of prey population genetics / M. Gousy-Leblanc, G. Yannic, J.-F. Therrien, N. Lecomte // Conservation Genetics. – 2021. – Vol. 22, N 5. – P. 685–702. <https://doi.org/10.1007/s10592-021-01368-9>
10. Genomic erosion in a demographically recovered bird species during conservation rescue / H. A. Jackson, L. Percival-Alwyn, C. Ryan [et al.] // Conservation Biology. – 2022. – Vol. 36, N 4. – Art. e13918. <https://doi.org/10.1111/cobi.13918>
11. Genetic vs. morphological differentiation of Old World buzzards (genus *Buteo*, Accipitridae) / L. Kruckenhauser, E. Haring, W. Pinsker [et al.] // Zoologica Scripta. – 2004. – Vol. 33, N 3. – P. 197–211. <https://doi.org/10.1111/j.0300-3256.2004.00147.x>
12. Katoh, K. MAFFT Multiple Sequence Alignment Software Version 7: Improvements in Performance and Usability / K. Katoh, D. M. Standley // Molecular Biology and Evolution. – 2013. – Vol. 30, N 4. – P. 772–780. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst010>
13. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit / K. Okonechnikov, O. Golosova, M. Fursov, the UGENE team // Bioinformatics. – 2012. – Vol. 28, N 8. – P. 1166–1167. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts091>
14. DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Data Sets / J. Rozas, A. Ferrer-Mata, J. C. Sánchez-DelBarrio [et al.] // Molecular Biology and Evolution. – 2017. – Vol. 34, N 12. – P. 3299–3302. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx248>
15. Leigh, J. W. POPART: full-feature software for haplotype network construction / J. W. Leigh, D. Bryant // Methods in Ecology and Evolution. – 2015. – Vol. 6, N 9. – P. 1110–1116. <https://doi.org/10.1111/2041-210x.12410>
16. Šotnár, K. Feeding ecology of a nesting population of the Common Buzzard (*Buteo buteo*) in the Upper Nitra Region, Central Slovakia / K. Šotnár, J. Obuch // Slovak Raptor Journal. – 2009. – Vol. 3, N 1. – P. 13–20. <https://doi.org/10.2478/v10262-012-0028-0>
17. Flexibility in a changing arctic food web: Can rough-legged buzzards cope with changing small rodent communities? / I. A. Fufachev, D. Ehrlich, N. A. Sokolova [et al.] // Global Change Biology. – 2019. – Vol. 25, N 11. – P. 3669–3679. <https://doi.org/10.1111/gcb.14790>

References

1. Nikiforov M. E., Samusenko I. E. Regional list of birds and immigration ornithofaunogenesis. *Aktual'nye problemy zoologicheskoi nauki v Belarusi: sbornik statei XI Zoologicheskoi Mezhdunarodnoi nauchno-prakticheskoi konferentsii, priurochennoi k desyatiletiiu osnovaniya GNPO "NPTs NAN Belarusi po bioresursam", Belarus', Minsk, 1–3 noyabrya 2017 goda* [Current issues of zoological science in Belarus: a collection of articles from the XI Zoological International Scientific and Practical Conference, dedicated to the tenth anniversary of the founding of the State Scientific and Production Association "Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Bioresources", Belarus, Minsk, November 1–3, 2017]. Minsk, 2017, pp. 275–293 (in Russian).
2. Dement'ev, G. P. Nuzhno li istreblyat' khishchnykh ptits? *Okhota i okhotnich'e khozyaistvo* [Hunting and hunting management], 1962, no. 11, pp. 25–26 (in Russian).
3. Galushin, V. M. *Khishchnye ptitsy*. Moscow, Lesnaya Promyshlennost' Publ., 1970. 136 p. (in Russian).
4. Shergalin E. The scale of the destruction of diurnal birds of prey in the Republic of Estonia in 1892–1964 – on the half-century anniversary of the introduction of a ban on shooting birds of prey in Northern Eurasia. *Khishchnye ptitsy Severnoi Evrazii. Problemy i adaptatsii v sovremennykh usloviyakh: materialy VII Mezhdunarodnoi konferentsii Rabochei*

gruppy po sokoloobraznym i sovam Severnoi Evrazii, Sochi, 19–24 sentyabrya 2016 goda [Birds of Prey of Northern Eurasia. Problems and Adaptations in Modern Conditions: Proceedings of the 7th International Conference of the Working Group on Falconiformes and Owls of Northern Eurasia, Sochi, September 19–24, 2016]. Rostov-on-Don, 2016, pp. 110–112 (in Russian).

5. Schef E. *Identification Key for Diurnal Birds of Prey Based on Their Claws*. Leningrad, Nachatki znaniy Publ., 1926. 48 p. (in Russian).

6. Gusev O. Whom Are We Actually Destroying? *Okhota i okhotnich'e khozyaistvo* [Hunting and hunting management], 1969, no. 9, pp. 28–30 (in Russian).

7. Akseanova E. A., Lukhanina N. V., Shimkevich A. M., Dombrovskii V. Ch., Ivanovskii V. V., Sinyavskaya M. G., Davydenko O. G., Nikiforov M. E. Species Differentiation of Greater and Lesser Spotted Eagles Using Molecular Genetic Markers. *Izuchenie i okhrana bol'shogo i malogo podorlikov v Severnoi Evrazii: materialy V Mezhdunarodnoi konferentsii po khishchnym ptitsam Severnoi Evrazii (Ivanovo, 4–7 fevralya, 2008 goda)* [Study and conservation of Greater and Lesser Spotted Eagles in Northern Eurasia: Proceedings of the International Conference on Birds of Prey of Northern Eurasia (Ivanovo, 4–7 February 2008)]. Ivanovo, 2008, pp. 18–25 (in Russian).

8. Jowers M. J., Sánchez-Ramírez S., Lopes S., Karyakin I., Dombrovski V., Qninba A., Valkenburg T., Onofre N., Ferrand N., Beja P., Palma L., Godinho R. Unravelling population processes over the Late Pleistocene driving contemporary genetic divergence in Palearctic buzzards. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2019, vol. 134, pp. 269–281. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2019.02.004>

9. Gousy-Leblanc M., Yannic G., Therrien J.-F., Lecomte N. Mapping our knowledge on birds of prey population genetics. *Conservation Genetics*, 2021, vol. 22, no. 5, pp. 685–702. <https://doi.org/10.1007/s10592-021-01384-9>

10. Jackson H. A., Percival-Alwyn L., Ryan C., Albeshr M. F., Venturi L., Morales H. E., Mathers T. C. [et al.]. Genomic erosion in a demographically recovered bird species during conservation rescue. *Conservation Biology*, 2022, vol. 36, no. 4, art. e13918. <https://doi.org/10.1111/cobi.13918>

11. Kruckenhauser L., Haring E., Pinsker W., Riesing M. J., Winkler H., Wink M., Gamauf A. Genetic vs. morphological differentiation of Old World buzzards (genus *Buteo*, Accipitridae). *Zoologica Scripta*, 2004, vol. 33, no. 3, pp. 197–211. <https://doi.org/10.1111/j.0300-3256.2004.00147.x>

12. Katoh K., Standley D. M. MAFFT Multiple Sequence Alignment Software Version 7: Improvements in Performance and Usability. *Molecular Biology and Evolution*, 2013, vol. 30, no. 4, pp. 772–780. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst010>

13. Okonechnikov K., Golosova O., Fursov M., the UGENE team. Unipro UGENE: A Unified Bioinformatics Toolkit. *Bioinformatics*, 2012, vol. 28, no. 8, pp. 1166–1167. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts091>

14. Rozas J., Ferrer-Mata A., Sánchez-DelBarrio J. C., Guirao-Rico S., Librado P., Ramos-Onsins S., Sánchez-Gracia A. DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Data Sets. *Molecular Biology and Evolution*, 2017, vol. 34, no. 12, pp. 3299–3302. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx248>

15. Leigh J. W., Bryant D. POPART: full-feature software for haplotype network construction. *Methods in Ecology and Evolution*, 2015, vol. 6, no. 9, pp. 1110–1116. <https://doi.org/10.1111/2041-210x.12410>

16. Šotnár K., Obuch J. Feeding Ecology of a Nesting Population of the Common Buzzard (*Buteo buteo*) in the Upper Nitra Region, Central Slovakia. *Slovak Raptor Journal*, 2009, vol. 3, no. 1, pp. 13–20. <https://doi.org/10.2478/v10262-012-0028-0>

17. Fufachev I. A., Ehrich D., Sokolova N. A., Sokolov V. A., Sokolov A. A. Flexibility in a Changing Arctic Food Web: Can Rough-Legged Buzzards Cope with Changing Small Rodent Communities? *Global Change Biology*, 2019, vol. 25, no. 11, pp. 3669–3679. <https://doi.org/10.1111/gcb.14790>

Информация об авторах

Волнистый Арсений Андреевич – научный сотрудник. Научно-практический центр НАН Беларуси по биоресурсам (ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: volnisty.aa@yandex.ru

Дашевская Лидия Олеговна – младший научный сотрудник. Научно-практический центр НАН Беларуси по биоресурсам (ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: lidiyadashevskaya@gmail.com

Сергеев Геннадий Валерьевич – канд. хим. наук, заведующий лабораторией. Институт биоорганической химии НАН Беларуси (ул. Академика Купревича, 5/2, 220141, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: gvserg@iboch.by

Никифоров Михаил Ефимович – академик, д-р биол. наук, профессор, заведующий лабораторией. Научно-практический центр НАН Беларуси по биоресурсам (ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: nikif@tut.by

Information about the authors

Arseni A. Valnisty – Researcher. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Bioresources. (27, Akademisheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: volnisty.aa@yandex.ru

Lidziya O. Dasheuskaya – Junior Researcher. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Bioresources (27, Akademisheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: lidiyadashevskaya@gmail.com

Gennady V. Sergeev – Ph. D. (Chem.), Head of the Laboratory. Institute of Bioorganic Chemistry of the National Academy of Sciences of Belarus (5/2, Academician Kuprevich Str., 220141, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: gvserg@iboch.by

Mikhail E. Nikiforov – Academician, D. Sc. (Biol.), Head of the Laboratory. Scientific and Practical Centre of the National Academy of Sciences of Belarus for Bioresources (27, Akademisheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: mnikif1956@gmail.com