УДК 599.742.1 (471.327)
doi: 10.21685/2307-9150-2026-3-4

Генетическая идентификация шакала (*Canis aureus* Linnaeus, 1758) Пензенской области

С. А. Луконина[1], О. А. Ермаков[2]

[1,2]Пензенский государственный университет, Пенза, Россия

[1]lanochkal@yandex.ru, [2]oaermakov@list.ru

Аннотация. *Актуальность и цели.* Шакал (*Canis aureus*) относится к видам, активно расширяющим ареал в XXI в. по всей Евразии, включая центральные регионы России и Поволжье. Поскольку шакал может наносить вред охотничьему хозяйству и скотоводству и способен гибридизировать с собакой (и волком), возникает необходимость мониторинга вида с использованием методов генетической диагностики. Цели работы: 1) определить видовую принадлежность шакалов, добытых на территории Пензенской области, по маркерам митохондриальной ДНК, Y- и X-хромосомам; 2) разработать приемы генетической идентификации шакала без применения секвенирования. *Материалы и методы.* Использовались образцы тканей пяти особей из четырех локалитетов центральных и южных районов области. Идентификация проводилась по унипарентальным (С-регион мтДНК и ген ZfY Y-хромосомы) и бипарентальному (ген ZfX X-хромосомы) генетическим маркерам. Использовали оригинальные и опубликованные тест-системы видовой идентификации, основанные на методах ПЦР-ПДРФ, мультиплексной ПЦР и ПЦР с праймерами, формирующими сайты рестрикции. *Результаты.* Генетический анализ показал, что из пяти исследованных экземпляров два являются шакалами и три собаками с шакалоподобным экстерьером. *Выводы.* Разработанные тест-системы (методы генетической диагностики) позволили достоверно определить видовую принадлежность и пол добытых экземпляров без применения секвенирования.

Ключевые слова: идентификация видов, Y-хромосома, X-хромосома, митохондриальная ДНК, рестрикционный анализ, Поволжье

Для цитирования: Луконина С. А., Ермаков О. А. Генетическая идентификация шакала (*Canis aureus* Linnaeus, 1758) Пензенской области // Известия высших учебных заведений. Поволжский регион. Естественные науки. 2026. № 3. С. 41–51. doi: 10.21685/2307-9150-2026-3-4

Genetic identification of the golden jackal (*Canis aureus* Linnaeus, 1758) from Penza region

S.A. Lukonina[1], O.A. Ermakov[2]

[1,2]Penza State University, Penza, Russia

[1]lanochkal@yandex.ru, [2]oaermakov@list.ru

Abstract. *Background.* The golden jackal (*Canis aureus*) is a species that has expanded its range across Eurasia in the 21st century, reaching the central regions of Russia and the Volga region. As jackals can damage hunting and livestock farming activities, and are capable of hybridising with dogs and wolves, it is necessary to monitor the species using genetic diagnostic methods. The purpose of the study is to determine the species affiliation of jackals

© Луконина С. А., Ермаков О. А., 2026. Контент доступен по лицензии Creative Commons Attribution 4.0 License / This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 License.

captured in Penza region using mitochondrial DNA markers and X and Y chromosomes and to develop methods for genetic identification of jackals that do not require sequencing. *Materials and methods*. Tissue samples were taken from five individuals in four locations in the central and southern regions of the oblast. Identification was carried out using uniparental genetic markers (the C-region of mtDNA and the ZfY gene on the Y chromosome) and biparental genetic markers (the ZfX gene on the X chromosome). The original or published species identification test systems used were based on PCR-RFLP, multiplex PCR and PCR with primers that generate restriction sites. *Results.* Genetic analysis revealed that two of the five specimens examined were jackals, while the remaining three were dogs that appeared jackal-like. *Conclusions.* The developed test systems (genetic diagnostic methods) enabled the species and sex of the specimens to be reliably determined without sequencing.

Keywords: species identification, Y chromosome, X chromosome, mitochondrial DNA, restriction analysis, Volga region

For citation: Lukonina S.A., Ermakov O.A. Genetic identification of the golden jackal (*Canis aureus* Linnaeus, 1758) from Penza region. *Izvestiya vysshikh uchebnykh zavedeniy. Povolzhskiy region. Estestvennye nauki = University proceedings. Volga region. Natural sciences.* 2026;(3):41–51. (In Russ.). doi: 10.21685/2307-9150-2026-3-4

Введение

Шакал (*Canis aureus*) – наиболее активный самостоятельно расселяющийся вид хищных млекопитающих Европы [1]. В последние десятилетия наблюдается экспансия вида в северном направлении – как в странах Европы, так и на территории России [2–5]. На сегодня шакал отмечен в фауне 34 европейских стран, а в России, по данным портала «Млекопитающие России» (rusmam.ru), вид зарегистрирован уже в 27 регионах [6].

Для Пензенской области, как и для всей территории Среднего Поволжья, шакал является новым и потенциально опасным для нативных экосистем видом. Первая встреча *C. aureus* на территории области зарегистрирована в 2019 г., к настоящему времени вид отмечен в восьми районах центра и юга области [7, 8].

Появление чужеродного вида может приводить к дестабилизации местных природных сообществ и негативно влиять на их биоразнообразие [4, 9]. Шакал может наносить вред охотничьему хозяйству и скотоводству и участвовать в циркуляции природно-очаговых заболеваний. В связи с этим возникает необходимость мониторинга распространения вида, а в случае его закрепления – определения его охотничьего и эпидемиологического статуса.

Особенно важно использовать современные генетические методы, позволяющие быстро и точно идентифицировать виды и выявлять возможную гибридизацию. Подобные исследования активно проводятся в странах Центральной Европы [1, 5, 10–16], однако в России пока представлены единичными работами [17–19]. На территории Европейской части России данные об обитании шакала, подтвержденные анализом митохондриальной ДНК (мтДНК), получены для Архангельской [17], Владимирской [19], Московской [20] и Псковской [18] областей. Возможная гибридизация шакала с домашней собакой (*C. familiaris*) и волком (*C. lupus*) была исследована на примере выборки из Воронежской области [21]. Сведения по генетическому анализу особей шакала на новых для вида территориях довольно бедны.

Целями настоящей работы являются определение видовой принадлежности шакалов, добытых на территории Пензенской области, по маркерам

митохондриальной ДНК, Y- и X-хромосомам и разработка приемов генетической идентификации шакала без применения секвенирования.

Материал и методы

Использованы образцы тканей пяти особей, добытых в четырех локалитетах центральных и южных районов области (Неверкинский р-н, с. Елшанка – 1 экз., ♀; Лопатинский р-н, ур. Соймино – 1 экз., ♂; Кузнецкий р-н, ст. Елюзань – 2 экз., ♀, ♂; Белинский р-н, с. Свищевка – 1 экз., ♂).

ДНК выделяли по стандартной методике, включающей обработку додецилсульфатом натрия и протеиназой К с последующей фенольной экстракцией [22]. ПЦР проводили в реакциях объемом 25 мкл, содержащих 12,5 мкл реакционной смеси «БиоМастер HS-Taq ПЦР»(2×) (Biolabmix, Россия), 10 пмоль каждого из праймеров и 0,1–0,2 мкг ДНК.

Видовая идентификация проводилась как по унипарентальным генетическим маркерам – С-регион мтДНК для анализа материнских линий и гену ZfY Y-хромосомы для отцовских линий, так и по бипарентальному маркеру – гену ZfX X-хромосомы. Были использованы следующие группы праймеров (табл. 1).

Таблица 1

Праймеры, использованные в работе

Праймер	Последовательность 5′ – 3′	Источник
С-регион мтДНК		
L-Pro	CGTCAGTCTCACCATCAACCCCCAAAGC	[23]
H576	TTTGACTGCATTAGGGCCGCGACGG	[24]
ген ZfY		
Yint2-335	GTCCATTGGATAATTCTTTCC	[25]
YintF2	GCACTGCTAAATCAACCAC	[26]
YintR	CAAGTTCTGCTTTGGTTCT	[26]
гены ZfY и ZfX		
U-ZF-2F	GACCTGATTCCAAACAGTAC	[27]
U-ZF-2R	GCCACAAATCATGCAAGG	[27]
ген ZfX		
U-ZF-2F	GACCTGATTCCAAACAGTAC	[27]
C-ZF-Rm	GATGTATGCCTATGTTAAGCAAT	ориг.

Амплификацию проводили в следующем режиме: начальная денатурация – 95 °С (5 мин), затем – 32 цикла (95 °С – 15 с, 56 °С – 20 с, 72 °С – 40–60 с, в зависимости от длины фрагмента) и конечная элонгация – 72 °С (10 мин).

Поиск видоспецифичных маркерных замен и сайтов рестрикции проводили на основе последовательностей из базы данных Genbank NCBI (https://www.ncbi.nlm.nih.gov) в пакете программ MEGA 7.0.21 [28].

ПЦР-фрагменты гидролизовали рестрикционными эндонуклеазами *Tru1I* (*MseI*) (С-регион мтДНК) или *TasI* (*Tsp509I*) (ген ZfX) 2–4 ч при 60 °С, добавляя фермент (2 единицы активности) непосредственно к аликвотам амплификационных смесей (2–4 мкл).

Продукты ПЦР и рестрикционного гидролиза анализировали с помощью электрофореза в 6 % полиакриламидном геле (размер стекол 8 × 10 см) с последующим окрашиванием бромистым этидием и визуализацией в УФ-свете.

Результаты и обсуждение

Идентификация по материнской линии. С-регион мтДНК, как и весь митохондриальный геном, наследуется по материнской линии, характеризуется значительной нуклеотидной изменчивостью, позволяющей проводить видовую диагностику. Длина амплифицированного фрагмента С-региона составила 632 п.н., включая праймеры. Анализ нуклеотидных последовательностей С-региона показал наличие трех сайтов узнавания рестриктазы *Tru1I* ($T^{\downarrow}TAA$) для шакала и пяти для собаки (волка). При обработке рестриктазой амплифицированный фрагмент расщепляется у *C. aureus* на четыре фрагмента длиной 352, 132, 108, 40 п.н., у *C. familiaris* на шесть фрагментов – 241, 112, 108, 70, 61, 40 п.н. (рис. 1). Разработанный подход использован для идентификации пяти исследованных особей, среди которых два имели тип мтДНК специфичный для шакала, остальные три – собаки.

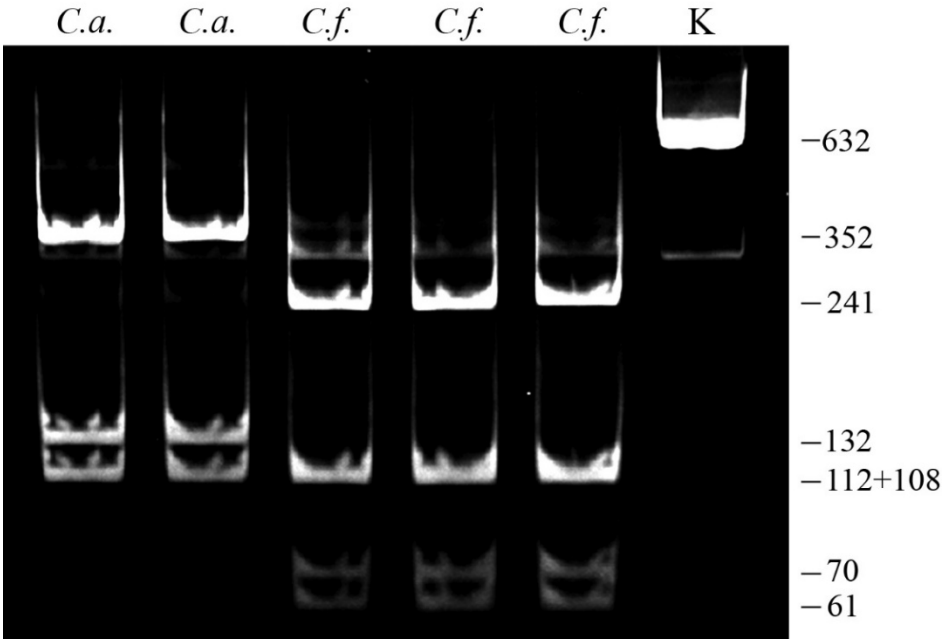


Рис. 1. Электрофореграмма продуктов рестрикции С-региона мтДНК *Canis aureus* (*C.a.*) и *C. familiaris* (*C.f.*) эндонуклеазой *Tru1I* (*MseI*). Размеры фрагментов (п.н.) указаны справа. K – негидролизованный PCR-фрагмент мтДНК. Фрагмент длиной 40 п.н. не показан

Идентификация по отцовской линии. Маркеры Y-хромосомы, в том числе ген ZfY, в противоположность мтДНК, наследуются только по отцовской линии. Первоначально мы использовали мультиплексную ПЦР-систему, позволяющую выявлять наличие (у собаки) или отсутствие (у шакала) вставки длиной 30 п.н. в последнем интроне гена ZfY [26]. Присутствие в ПЦР-смеси трех праймеров, два из которых (YintF2, YintR) являются общими для шакала и собаки, а третий (YintF2) комплементарен вставке и специфичен только для собаки, позволяет определить видовую принадлежность самцов по количеству ампликонов. ДНК-матрица собаки дает два ампликона (566 и 242 п.н.), шакала – только один (536 п.н.) (рис. 2).

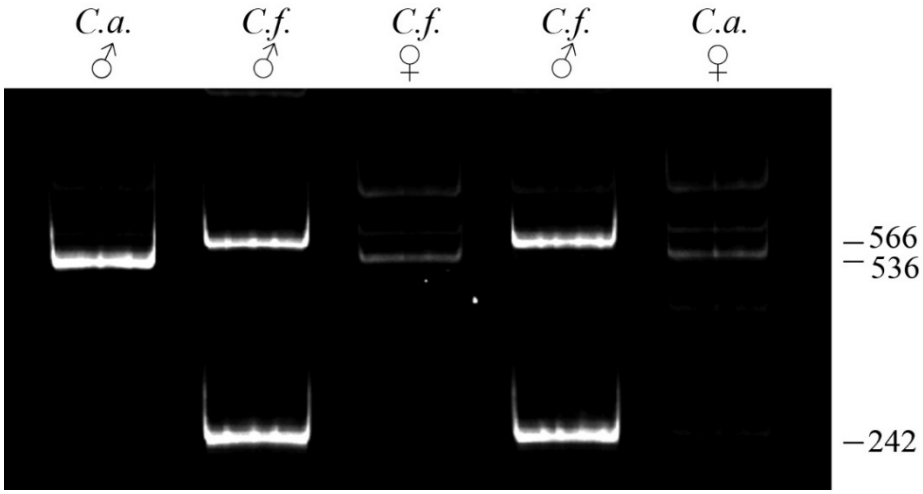


Рис. 2. Электрофореграмма продуктов амплификации фрагмента последнего интрона гена ZfY с использованием тест-системы для идентификации самцов (♂) и самок (♀) *Canis aureus* (*C.a.*) и *C. familiaris* (*C.f.*). Размеры фрагментов (п.н.) указаны справа

Использованная тест-система позволяет также определять пол исследуемых особей, так как в геноме самок отсутствуют ген ZfY и, соответственно, места посадок праймеров, поэтому амплификация не приводит к образованию ПЦР-продукта (рис. 2). Однако отсутствие ПЦР-продукта может быть связано не только с полом, но и с плохим качеством ДНК. В связи с этим мы использовали праймерную систему U-ZF-2F/U-ZF-2R, позволяющую одновременно амплифицировать два аналогичных интрона генов ZfX и ZfY, расположенных на разных половых хромосомах и имеющих разную длину [27]. Во-первых, эта пара праймеров позволяет определить пол анализируемых особей по наличию одиночных (у самок) и двойных (у самцов) электрофоретических полос [21, 29, 30]. Во-вторых, дифференцировать самцов шакала и собаки по разнице в длине ПЦР-продукта гена ZfY – 1146 п.н. у *C. aureus* и 953 п.н. у *C. familiaris* (рис. 3). Разница длин объясняется SINE-повтором длиной 210 п.н., который среди псовых имеется только у шакала [31]. Среди изученных нами образцов один самец идентифицирован как *C. aureus* и два – как *C. familiaris* (рис. 3).

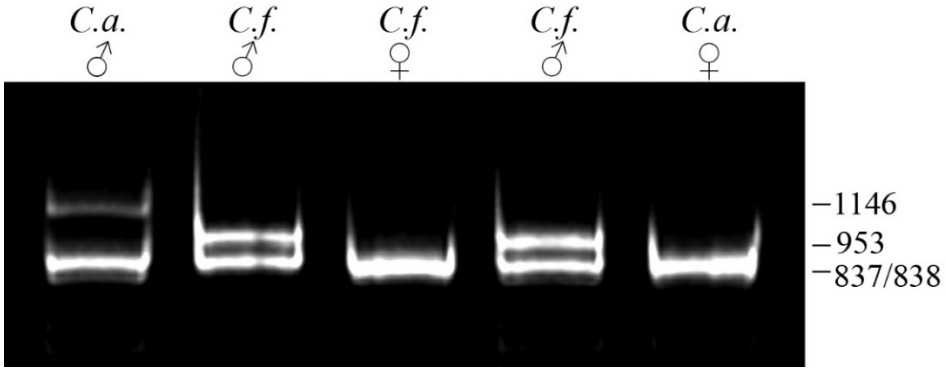


Рис. 3. Электрофореграмма ПЦР-продуктов последних интронов генов ZfX и ZfY при идентификации самцов (♂) и самок (♀) *Canis aureus* (*C.a.*) и *C. familiaris* (*C.f.*). Размеры фрагментов (п.н.) указаны справа

Идентификация по биларентальному маркеру. Преимуществом биларентальных маркеров, наследующихся как по материнской, так и по отцовской линиям, является то, что каждый из родительских маркеров может быть идентифицирован и определено его гомо- или гетерозиготное состояние. К таким маркерам относится ген ZfX, имеющийся как у самцов, так и у самок. Первичная последовательность последнего интрона ZfX шакалов и собак очень сходна и различается лишь в двух позициях – вставкой одного нуклеотида (G) у шакала в 670 позиции и заменой A/T (шакал/собака) в 721 позиции [32]. Обе мутации не распознаются рестриктазами, поэтому для тестирования одной из них (позиция 721) мы разработали специальную ПЦР-систему (U-ZF-2F/C-ZF-Rm), основанную на введении в праймер искусственной замены, формирующей сайт рестрикции ($^{\vee}$AATT, позиции 721–724) только у шакала. Рестриктаза *TasI* гидролизует исходный ампликон длиной 721 п.н. на 13 одинаковых у собаки и шакала фрагментов длиной от 9 до 153 п.н., а последний фрагмент длиной 206 п.н. остается у собаки интактным, а у шакала расщепляется на фрагменты 181 и 25 п.н. (рис. 4).

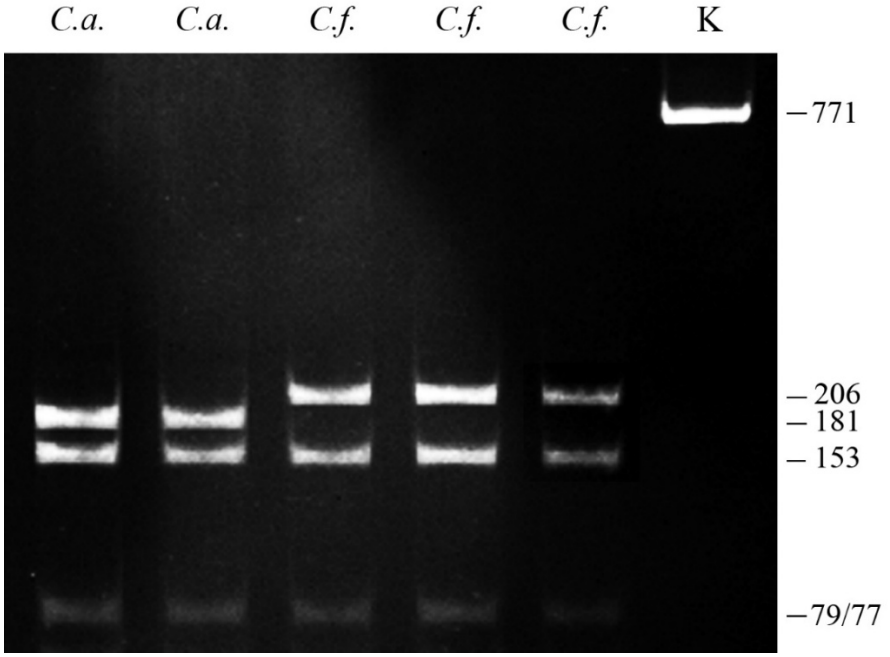


Рис. 4. Электрофореграмма продуктов рестрикции последнего интрона гена ZfX Х-хромосомы *Canis aureus* (*C.a.*) и *C. familiaris* (*C.f.*) эндонуклеазой *TasI* (*Tsp509I*). Размеры фрагментов (п.н.) указаны справа. K – негидролизованный PCR-фрагмент ZfX. Фрагменты длиной менее 70 п.н. не показаны

Тестирование пяти образцов показало, что два из них имели вариант гена ZfX шакала и три – собаки, гетерозигот обнаружено не было.

Заключение

По результатам генетической идентификации пяти экземпляров выявлено, что только два являются «чистыми» шакалами, а три – собаками с шакалоподобным экстерьером. Гетерозиготных «гибридных» особей не обнаружено.

Использование предложенных тест-систем, как оригинальных, так и ранее опубликованных, позволяет достоверно определить видовую принадлежность и пол добытых животных без применения секвенирования.

Список литературы

1. Bogdanowicz W., Bilska A. G., Kleven O. [et al.]. Species on the move: a genetic story of three golden jackals at the expansion front // Mammalian Biology. 2025. Vol. 105, № 1. P. 37–48. doi: 10.1007/s42991-024-00452-0
2. Савельев А. П., Стрельников Д. П., Экономов А. В. [и др.]. Охотничьи животные в проекте «Атлас распространения млекопитающих в России»: задачи, первые результаты и трудности // Вестник охотоведения. 2019. Т. 16, № 1. С. 29–36. EDN: EMCRVM
3. Опарин М. Л., Сухов С. В., Опарина О. С. Появление обыкновенного шакала (Mammalia, Caninae, *Canis aureus* Linnaeus, 1758) в Саратовской области, расширение ареала вида в регионе на фоне его экспансии в Европе и России // Поволжский экологический журнал. 2024. № 1. С. 36–51.doi: 10.35885/1684-7318-2024-1-36-51
4. Trouwborst A., Krofel M., Linnell J. D. Legal implications of range expansions in a terrestrial carnivore: the case of the golden jackal (*Canis aureus*) in Europe // Biodiversity and Conservation. 2015. Vol. 24, № 10. P. 2593–2610. doi: 10.1007/ s10531-015-0948-y
5. 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. Vol. 12. P. e9141. doi: 10.1002/ece3.9141
6. Майструк А. А., Савельев А. П. Популяционные особенности экспансии шакала в России и за рубежом // Состояние среды обитания и фауна охотничьих животных России и сопредельных территорий : материалы III Междунар., VIII Всерос. науч.-практ. конф. М. : Товарищество научных изданий КМК, 2024. С. 74–78.
7. Ермаков О. А., Салагин Д. В., Быстракова Н. В. Первый случай регистрации шакала (*Canis aureus* Linnaeus, 1758) в Пензенской области // Известия высших учебных заведений. Поволжский регион. Естественные науки. 2022. № 3. С. 44–52. doi: 10.21685/2307-9150-2022-3-4
8. Ермаков О. А., Луконина С. А., Салагин Д. В. [и др.]. Шакал в Пензенской области: история появления и проблемы идентификации // Вестник охотоведения. 2025. Т. 22, № 4. С. 371–377. EDN: WPVDMX
9. Яровенко А. Ю., Яровенко Ю. А. Особенности взаимоотношений волка (*Canis lupus*) и шакала (*Canis aureus*) с териокомплексом национального парка «Самурский», кластер «Дельта Самура» // Современные проблемы природопользования, охотоведения и звероводства : материалы Междунар. науч.-практ. конф., посвящ. 100-летию института и 150-летию со дня рождения основателя и первого директора института, проф. Бориса Михайловича Житкова (23–26 мая 2022 г.). Киров : ФГБНУ ВНИИОЗ им. проф. Б. М. Житкова, 2022. С. 160–165.
10. Šálek M., Červinka J., Banea O. C. [et al.]. Population densities and habitat use of the golden jackal (*Canis aureus*) in farmlands across the Balkan Peninsula // European Journal of Wildlife Research. 2014. Vol. 60, № 2. P. 193–200. doi: 10.1007/s10344-013-0765-0
11. Lanszki J., Schally G., Heltai M. [et al.]. Golden jackal expansion in Europe: First telemetry evidence of a natal dispersal // Mammalian Biology. 2018. Vol. 88. P. 81–84. doi: 10.1016/j.mambio.2017.11.011
12. Spassov N., Acosta-Pankov I. Dispersal history of the golden jackal (*Canis aureus moreoticus* Geoffroy, 1835) in Europe and possible causes of its recent population explosion // Biodiversity Data Journal. 2019. Vol. 7. P. e34825. doi: 10.3897/ BDJ.7.e34825

13. Krofel M., Hočevar L., Fležar U. [et al.]. Golden jackal as a new kleptoparasite for Eurasian lynx in Europe // Global Ecology and Conservation. 2022. Vol. 36. P. e02116. doi: 10.1016/j.gecco.2022.e02116
14. Galov A., Fabbri E., Caniglia R. [et al.]. First evidence of hybridization between golden jackal (*Canis aureus*) and domestic dog (*Canis familiaris*) as revealed by genetic markers // Royal Society Open Science. 2015. Vol. 2. P. 150450. doi: 10.1098/rsos.150450
15. Ninausz N., Fehér P., Csányi E. [et al.]. White and other fur colourations and hybridization in golden jackals (*Canis aureus*) in the Carpathian basin // Scientific Reports. 2023. Vol. 13, № 1. P. 21969.doi: 10.1038/s41598-023-49265-0
16. Stefanović M., Bogdanowicz W., Adavoudi R. [et al.]. Range-wide phylogeography of the golden jackals (*Canis aureus*) reveals multiple sources of recent spatial expansion and admixture with dogs at the expansion front // Biological Conservation. 2024. Vol. 290. P. 110448. doi: 10.1016/j.biocon.2024.110448
17. 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. Vol. 45, № 5. P. 965–970. doi: 10.1007/s00300-022-03037-0
18. Korablev N. P., Tsvetkov I. N., Korablev P. N. [et al.]. The first record of golden jackal *Canis aureus* in Pskov oblast – causes and consequences // Russian Journal of Biological Invasions. 2024. Vol. 15, № 2. P. 169–179. doi: 10.1134/S207511172470005X
19. Politov D. V., Ryabinina O. M., Davydov A. V. [et al.]. Evidence of northward expansion of a southern carnivore: genetic identification of the golden jackal *Canis aureus* L. from the Central Non-Black Earth Region and the dynamics of its range in the historical period // Biology Bulletin. 2025. Vol. 52, № 4. P. 131. doi: 10.1134/S1062359024614459
20. 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. 12–14. EDN: XMJVHV
21. Kazimirov P. A., Belokon' Y. S., Belokon' M. M. [et al.]. Genetic identification of putative hybrids between grey wolf and golden jackal // Russian Journal of Genetics. 2024. Vol. 60, № 6. P. 763–770. doi: 10.1134/S1022795424700200
22. Arrigi F. E., Bergendahl G., Mandel M. Isolation and characterization of DNA from fixed cells and tissues // Experimental Cell Research. 1968. Vol. 50, № 1. P. 47–53. doi: 10.1016/0014-4827(68)90392-3
23. Douzery E., Randi E. The mitochondrial control region of Cervidae: evolutionary patterns and phylogenetic content // Molecular Biology and Evolution. 1997. Vol. 14. P. 1154–1166. doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a025725
24. Randi E., Lucchini V., Christensen M. F. [et al.]. Mitochondrial DNA variability in Italian and east European wolves: detecting the consequences of small population size and hybridization // Conservation Biology. 2000. Vol. 14. P. 464–473. doi: 10.1046/j.1523-1739.2000.98280.x
25. Shami K. Evaluating the change in distribution of the eastern timber wolf (*Canis lycaon*) using the Y-chromosome // Masters thesis. Hamilton, Ontario, Canada : McMasterUniversity, 2002. 73 p.
26. Galov A., Sindicic M., Gomercic T. [et al.]. PCR-based Y chromosome marker for discriminating between golden jackal (*Canis aureus*) and domestic dog (*Canis lupus familiaris*) paternal ancestry // Conservation Genetics Resources. 2014. Vol. 6, № 2. P. 275–277. doi: 10.3390/d15020138
27. Nakagome S., Pecon-Slattery J., Masuda R. Unequal rates of Y chromosome gene divergence during speciation of the family Ursidae // Molecular Biology and Evolution. 2008. Vol. 25, № 7. P. 1344–1356. doi: 10.1093/molbev/msn086
28. Kumar S., Stecher G., Tamura K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 // Molecular Biology and Evolution. 2016. Vol. 33. P. 1870–1874. doi: 10.1093/molbev/msw054

29. Cathey J. C., Bickham J. W., Patton J. C. Introgressive hybridization and nonconcordant evolutionary history of maternal and paternal lineages in North American deer // Evolution. 1998. Vol. 52, № 4. P. 1224–1229. doi: 10.1111/j.1558-5646.1998.tb01850.x
30. Gürkan Ö. F., İbiş O., Özcan S. [et al.]. Genetic variation in Zfy final intron region on Y-chromosome of *Canis aureus*, *Canis lupus* and *Vulpes vulpes* and sex-determination for samples of three canid species // Turkish Journal of Biodiversity. 2023. Vol. 6, № 1. P. 1–13. doi: 10.38059/biodiversity.1253563
31. Tsubouchi A., Fukui D., Ueda M. [et al]. Comparative molecular phylogeny and evolution of sex chromosome DNA sequences in the family Canidae (Mammalia: Carnivora) // Zoological Science. 2012. Vol. 29, № 3. P. 151–161. doi: 10.2108/zsj.29.151
32. Koepfli K. P., Pollinger J., Godinho R. [et al.]. Genome-wide evidence reveals that African and Eurasian golden jackals are distinct species // Current biology. 2015. Vol. 25, № 16. P. 2158–2165. doi: 10.1016/j.cub.2015.06.060

References

1. Bogdanowicz W., Bilska A.G., Kleven O. et al. Species on the move: a genetic story of three golden jackals at the expansion front. *Mammalian Biology*. 2025;105(1):37–48. doi: 10.1007/s42991-024-00452-0
2. Savel′yev A.P., Strel′nikov D.P., Ekonomov A.V. et al. Game animals in the project “Atlas of the distribution of mammals in Russia”: objectives, initial results and difficulties. *Vestnik okhotovedeniya = The Herald of Game Management*. 2019;16(1):29–36. (In Russ.). EDN: EMCRVM
3. Oparin M.L., Sukhov S.V., Oparina O.S. The appearance of the common jackal (Mammalia, Caninae, *Canis aureus* Linnaeus, 1758) in Saratov region, the expansion of the species' range in the region against the backdrop of its expansion in Europe and Russia. *Povolzhskiy ekologicheskiy zhurnal = Povolzhskiy Journal of Ecology*. 2024;(1):36–51. (In Russ.). doi: 10.35885/1684-7318-2024-1-36-51
4. Trouwborst A., Krofel M., Linnell J.D. Legal implications of range expansions in a terrestrial carnivore: the case of the golden jackal (*Canis aureus*) in Europe. *Biodiversity and Conservation*. 2015;24(10):2593–2610. doi: 10.1007/ s10531-015-0948-y
5. 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;12:e9141. doi: 10.1002/ece3.9141
6. Maystruk A.A., Savel′yev A.P. Population characteristics of the jackal expansion in Russia and abroad. *Sostoyaniye sredy obitaniya i fauna okhotnich'ikh zhivotnykh Rossii i sopredel'nykh territoriy: materialy III Mezhdunar., VIII Vseros. nauch.-prakt. konf. = The state of the habitat and fauna of game animals in Russia and adjacent territories: proceedings of the 3rd International and the 8th All-Russian scientific and practical conference*. Moscow: Tovarishchestvo nauchnykh izdaniy KMK, 2024:74–78. (In Russ.)
7. Yermakov O.A., Salagin D.V., Bystrakova N.V. The first case of registration of a jackal (*Sanis aureus* Linnaeus, 1758) in Penza region. *Izvestiya vysshikh uchebnykh zavedeniy. Povolzhskiy region. Yestestvennyye nauki = University proceedings. Volga region. Natural sciences*. 2022;(3):44–52. (In Russ.). doi: 10.21685/2307-9150-2022-3-4
8. Yermakov O.A., Lukonina S.A., Salagin D.V. et al. Jackal in Penza region: history of appearance and problems of identification. *Vestnik okhotovedeniya = The Herald of Game Management*. 2025;22(4):371–377. (In Russ.). EDN: WPVDMX
9. Yarovenko A.Yu., Yarovenko Yu.A. Peculiarities of the relationship between the wolf (*Canis lupus*) and the jackal (*Canis aureus*) with the theriocomplex of the Samursky National Park, the Samur Delta cluster. *Sovremennyye problemy prirodopol'zovaniya, okhotovedeniya i zverovodstva: materialy Mezhdunar. nauch.-prakt. konf., posvyashch. 100-letiyu instituta i 150-letiyu so dnya rozhdeniya osnovatelya i pervogo direktora instituta, prof. Borisa Mikhaylovicha Zhitkova (23–26 maya 2022 g.) = Modern problems of nature management, hunting and animal husbandry: proceedings of the International*

scientific and practical conference dedicated to the 100th anniversary ogf the Institute and to the 150th anniversary of the founder and first director of the institute, professor Boris Mikhailovich Zhitkov (May 23-26, 2022). Kirov: FGBNU VNIIOZ im. prof. B.M. Zhitkova, 2022:160–165. (In Russ.)

10. Šálek M., Červinka J., Banea O. C. et al. Population densities and habitat use of the golden jackal (*Canis aureus*) in farmlands across the Balkan Peninsula. *European Journal of Wildlife Research*. 2014;60(2):193–200. doi: 10.1007/s10344-013-0765-0
11. Lanszki J., Schally G., Heltai M. et al. Golden jackal expansion in Europe: First telemetry evidence of a natal dispersal. *Mammalian Biology*. 2018;88:81–84. doi: 10.1016/j.mambio.2017.11.011
12. Spassov N., Acosta-Pankov I. Dispersal history of the golden jackal (*Canis aureus moreoticus* Geoffroy, 1835) in Europe and possible causes of its recent population explosion. *Biodiversity Data Journal*. 2019;7:e34825. doi: 10.3897/ BDJ.7.e34825
13. Krofel M., Hočevar L., Fležar U. et al. Golden jackal as a new kleptoparasite for Eurasian lynx in Europe. *Global Ecology and Conservation*. 2022;36:e02116. doi: 10.1016/j.gecco.2022.e02116
14. Galov A., Fabbri E., Caniglia R. et al. First evidence of hybridization between golden jackal (*Canis aureus*) and domestic dog (*Canis familiaris*) as revealed by genetic markers. *Royal Society Open Science*. 2015;2:150450. doi: 10.1098/rsos.150450
15. Ninausz N., Fehér P., Csányi E. et al. White and other fur colourations and hybridization in golden jackals (*Canis aureus*) in the Carpathian basin. *Scientific Reports*. 2023;13(1):21969. doi: 10.1038/s41598-023-49265-0
16. Stefanović M., Bogdanowicz W., Adavoudi R. et al. Range-wide phylogeography of the golden jackals (*Canis aureus*) reveals multiple sources of recent spatial expansion and admixture with dogs at the expansion front. *Biological Conservation*. 2024;290:110448. doi: 10.1016/j.biocon.2024.110448
17. 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;45(5):965–970. doi: 10.1007/s00300-022-03037-0
18. Korablev N.P., Tsvetkov I.N., Korablev P.N. et al. The first record of golden jackal Canis aureus in Pskov oblast – causes and consequences. *Russian Journal of Biological Invasions*. 2024;15(2):169–179. doi: 10.1134/S207511172470005X
19. Politov D.V., Ryabinina O.M., Davydov A.V. et al. Evidence of northward expansion of a southern carnivore: genetic identification of the golden jackal *Canis aureus* L. from the Central Non-Black Earth Region and the dynamics of its range in the historical period. *Biology Bulletin*. 2025;52(4):131. doi: 10.1134/S1062359024614459
20. Blokhina T.A., Glazko V.I., Kir′yakulov V.M. On the first case of registration of the common jackal (*Canis aureus*) in Moscow region. *Vestnik okhotovedeniya = Bulletin of Hunting.* 2018;15(1):12–14. (In Russ.). EDN: XMJVHV
21. Kazimirov P.A., Belokon' Y.S., Belokon' M.M. et al. Genetic identification of putative hybrids between grey wolf and golden jackal. *Russian Journal of Genetics*. 2024;60(6):763–770. doi: 10.1134/S1022795424700200
22. Arrigi F.E., Bergendahl G., Mandel M. Isolation and characterization of DNA from fixed cells and tissues. *Experimental Cell Research*. 1968;50(1):47–53. doi: 10.1016/0014-4827(68)90392-3
23. Douzery E., Randi E. The mitochondrial control region of Cervidae: evolutionary patterns and phylogenetic content. *Molecular Biology and Evolution*. 1997;14:1154–1166. doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a025725
24. Randi E., Lucchini V., Christensen M. F. et al. Mitochondrial DNA variability in Italian and east European wolves: detecting the consequences of small population size and hybridization. *Conservation Biology*. 2000;14:464–473. doi: 10.1046/j.1523-1739.2000.98280.x
25. Shami K. Evaluating the change in distribution of the eastern timber wolf (*Canis lycaon*) using the Y-chromosome. *Mastersthesis*. Hamilton, Ontario, Canada: McMaster-University, 2002:73.

26. Galov A., Sindicic M., Gomercic T. et al. PCR-based Y chromosome marker for discriminating between golden jackal (*Canis aureus*) and domestic dog (*Canis lupus familiaris*) paternal ancestry. *Conservation Genetics Resources*. 2014;6(2):275–277. doi: 10.3390/d15020138
27. Nakagome S., Pecon-Slattery J., Masuda R. Unequal rates of Y chromosome gene divergence during speciation of the family Ursidae. *Molecular Biology and Evolution*. 2008;25(7):1344–1356. doi: 10.1093/molbev/msn086
28. Kumar S., Stecher G., Tamura K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0. *Molecular Biology and Evolution*. 2016;33:1870–1874. doi: 10.1093/molbev/msw054
29. Cathey J.C., Bickham J.W., Patton J.C. Introgressive hybridization and nonconcordant evolutionary history of maternal and paternal lineages in North American deer. *Evolution*. 1998;52(4):1224–1229. doi: 10.1111/j.1558-5646.1998.tb01850.x
30. Gürkan Ö.F., İbiş O., Özcan S. et al. Genetic variation in Zfy final intron region on Y-chromosome of *Canis aureus*, *Canis lupus* and *Vulpesvulpes* and sex-determination for samples of three canid species. *Turkish Journal of Biodiversity*. 2023;6(1):1–13. doi: 10.38059/biodiversity.1253563
31. Tsubouchi A., Fukui D., Ueda M. et al. Comparative molecular phylogeny and evolution of sex chromosome DNA sequences in the family Canidae (Mammalia: Carnivora). *Zoological Science*. 2012;29(3):151–161. doi: 10.2108/zsj.29.151
32. Koepfli K.P., Pollinger J., Godinho R. et al. Genome-wide evidence reveals that African and Eurasian golden jackals are distinct species. *Current biology*. 2015;25(16):2158–2165. doi: 10.1016/j.cub.2015.06.060

Информация об авторах / Information about the authors

Светлана Александровна Луконина
кандидат биологических наук,
преподаватель СПО,
Пензенский государственный
университет
(Россия, г. Пенза, ул. Красная, 40)
E-mail: lanochkal@yandex.ru

Svetlana A. Lukonina
Candidate of biological sciences,
secondary vocational education lecturer,
Penza State University
(40 Krasnaya street, Penza, Russia)

Олег Александрович Ермаков
кандидат биологических наук, доцент,
доцент кафедры зоологии и экологии,
Пензенский государственный
университет
(Россия, г. Пенза, ул. Красная, 40)
E-mail: oaermakov@list.ru

Oleg A. Ermakov
Candidate of biological sciences,
associate professor, associate professor
of the sub-department of zoology
and ecology,
Penza State University
(40 Krasnaya street, Penza, Russia)

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов /
The authors declare no conflicts of interests.

Поступила в редакцию / Received 28.04.2026

Поступила после рецензирования и доработки / Revised 10.05.2026

Принята к публикации / Accepted 24.05.2026