

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
(МИНОБРНАУКИ РОССИИ)

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ
УЧРЕЖДЕНИЕ НАУКИ ЗООЛОГИЧЕСКИЙ ИНСТИТУТ
РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК
(ЗИН РАН)

ОТЧЁТНАЯ
НАУЧНАЯ СЕССИЯ
ПО ИТОГАМ РАБОТ 2018 г.

ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ

15–17 апреля 2019 г.

Санкт-Петербург
2019

размеров тела. (3) На плоскочеточнике и можжевельниках обнаружены комплексы криптических видов трисетакусов, исходно связанных с хозяевами американского и азиатского происхождения, но при этом способных к переходу на новых хозяев из разных родов кипарисовых в области их интродукции (лесопитомники и парки Крыма и Кавказа).

Рассмотрение рисунков дорзальных щитков трисетакусов показало, что этот признак подвержен значительному варьированию, и хотя группы близких видов имеют сходные рисунки, использовать данный признак для реконструкции филогении рода пока не удастся. Сравнительный анализ внутренних кутикулярных гениталий трисетакусов методом конфокальной микроскопии показал четкое различие элементов сперматекового аппарата между видами клещей, связанными с разными группами хозяев: (а) у клещей с кипарисовых каплевидная или вытянутая сперматека и прямой сперматековый канал; (б) у «чехликовых» основных клещей круглая сперматека (горошина) и тонкий изогнутый канал; (в) у почковых клещей с пихт, елей и кедров гигантская шарообразная сперматека и широкий канал, часто с медиальным расширением.

Полученные данные свидетельствуют о том, что наиболее вероятный сценарий эволюции рода *Trisetacus* на хвойных, включает базальную дивергенцию рода между крупными группами растений-хозяев и дальнейшую экологическую диверсификацию внутри этих групп хозяев. Для продолжения работ необходимо изучение материалов с южно-американских и австралийских эндемичных голосеменных, а также проведение анализа более длинных фрагментов маркерных генов.

Молекулярно-филогенетические исследования и работы на конфокальном микроскопе выполнены при поддержке гранта РФФИ 19-04-00127; таксономический анализ рода *Trisetacus* выполнен в рамках программы АААА-А19-119020790133-6.

ОБ ОБОСОБЛЕННОСТИ РОДОВ *BLAPS* И *LITHOBLAPS* (COLEOPTERA, TENEBRIONIDAE)

И.А. Чиграй

Род *Blaps* Fabricius, 1775 является крупнейшим в трибе Blaptini и традиционно включал более 250 палеарктических видов, относимых к 4 под родам (*Blaps* s. str., *Arenoblaps* G.S. Medvedev, 1999; *Dineria* Motschulsky, 1860 и *Prosoblapsia* Skopin et Kaszab, 1978), однако система рода и подтрибы Blaptina в целом остается недостаточно обоснованной. При этом наиболее многочисленный (около 230 видов) подрод *Blaps*, s.

str. следует разделить на две монофилетические группы, которые могут рассматриваться как обособленные таксоны родового ранга, причем подроды *Arenoblaps*, *Dineria* и *Prosoblapsia* следует объединять с одной из этих групп.

А.Ж. Солье (Solier, 1848) выделил несколько групп видов в роде *Blaps*. Позже В. Мочульский (Motschulsky, 1860) предложил несколько родов, в которые он поместил виды, ранее описанные в роде *Blaps* и дополнил их новыми видами. Э. Аллар (Allard, 1882) изменил эту систему, понизив ранг большинства выделенных Мочульским родов, оставив в роде *Blaps* 10 подродов. В дальнейшем Г. Зайдлиц (Seidlitz, 1893) существенно усовершенствовал систему *Blaps*, разделив род на два отдела по строению подкоготковой пластины вершинного тарзомера (у видов I-го отдела эта пластина острая на вершине, а у видов II-го – прямая или широко закругленная). Если оба отдела отражают родственные отношения, то группы, выделенные Зайдлицем внутри отделов, в большинстве формальные. Система Зайдлица с небольшими изменениями используется многими колеоптерологами и поныне. Позже Н.Г. Скопин (1960) на основании изучения личинок трибы *Blaptini* восстановил род *Lithoblaps* Motschulsky, 1860, полностью соответствующий I отделу Зайдлица. Скопин показал, что личинки первого и второго отделов существенно отличаются от остальных *Blaps* и даже от других родов подтрибы *Blaptina*. Однако мнение Скопина не нашло поддержки среди коллег: Г.С. Медведев (2001) указывал, что по основным морфологическим признакам род *Blaps* не может быть разделен на два отдельных рода.

Филогенетическая модель, построенная с использованием морфологических признаков средиземноморских представителей рода (Condamine et al., 2011), в общих чертах совпадает с филогенетической реконструкцией на основе генетических маркеров (Kergoat et al., 2014), в которой *Blaps* распадается на 2 клады: *Blaps* s. str. + «Mediterranean *Blaps*» (далее – *Lithoblaps*). В комбинированных моделях, объединяющих морфологические признаки и генетические маркеры, род *Blaps* также распадается на две монофилетичные ветви: *Blaps* s. str. + *Lithoblaps* (Condamine et al., 2013), либо триба *Blaptini* распадается на 2 крупные ветви: *Blaps* s. str. + [(*Gnaptorina* Reitter, 1887) + (*Prosodes* Eschscholtz, 1829) + *Gnaptor* Brullé, 1832) + (*Lithoblaps*)] (Soldati et al., 2017).

Анализ морфологических структур имаго и личинок показал, что комплекс подродов *Blaps* s. str., *Arenoblaps*, *Dineria* и *Prosoblapsia* (*Blaps* Fabricius, 1775) отличается от *Lithoblaps* четкими признаками, которые делают hiatus между последним таксоном и остальными

подродовыми таксонами в роде, сопоставимым с таковым между другими родами *Blaptini*. Ф. Кондамин с соавторами (Condamine, et al. 2013) в реконструкции филогении средиземноморских групп рода показали раннее обособление ветви *Blaps s. str.* и ветви *Lithoblaps*, определяя его возраст не позднее раннего олигоцена, поэтому предлагается рассматривать *Lithoblaps* и *Blaps* как самостоятельные роды, которые могут диагностироваться по следующим особенностям:

Blaps s. str. Имаго. Подкоготковая пластина прямая или широко закругленная, прямоугольной или трапециевидной формы. Средние и задние бедра самца с внутреннего вентрального края гладкие. Ментум без углубления у середины переднего края. Вершинные антенномеры (8–11) длинные, отношение их совместной длины к таковой антенномеров 6–7 – 1.47. Личинка. Лабрум на наружной поверхности с поперечным рядом из 6–8 коротких щетинок и впереди от нее с двумя симметричными боковыми группами по 5–6 щетинок. Наружный край брюшного тергита IX с одним рядом коротких шипиков. Вершина брюшного тергита IX с длинным шипообразным выростом и парными шипиками.

Lithoblaps. Имаго. Подкоготковая пластина острая или узко закругленная, треугольной или копьевидной формы. Средние и задние бедра самца с внутреннего вентрального края зубчатые. Ментум с углублением у середины переднего края, редко без него. Вершинные антенномеры (8–11) короткие, отношение их совместной длины к таковой антенномеров 6–7 – 1.2. Личинка. Лабрум на наружной поверхности с поперечной группой из 10–12 щетинок и впереди от нее с рядом из 17–24 длинных щетинок. Наружный край брюшного тергита IX с 2–3 рядами многочисленных шипиков. Вершина брюшного тергита IX без длинного шипообразного выроста.

Работа выполнена в рамках темы государственного задания АААА-А19-119020690101-6 и поддержана грантом РФФИ № 18-04- 00243-а.

**КОНФЛИКТЫ МОЛЕКУЛЯРНЫХ МАРКЕРОВ И
МОРФОЛОГИЧЕСКИХ ДАННЫХ У ЧЕШУЕКРЫЛЫХ
НАСЕКОМЫХ: ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ
ЖЕЛТУШЕК РОДА *COLIAS* (LEPIDOPTERA, PIERIDAE)**

Н.А. Шаповал, Г.Н. Куфтина, А.В. Гагарина

Метод ДНК-баркодинга (ДНК-штрихкодирования) в настоящее время широко используется в современных таксономических исследованиях как основной инструмент определения и делимитации