



**Министерство науки и высшего образования Российской Федерации
Зоологический институт Российской академии наук**

**Вторая всероссийская конференция
«Зоологические коллекции как источник генетических ресурсов
мировой фауны – классические и современные подходы к их изучению,
хранению и использованию»**

27 июня 2023 г.
Зоологический институт РАН
Санкт-Петербург

ПРОГРАММА И ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ

Вторая всероссийская конференция «Зоологические коллекции как источник генетических ресурсов мировой фауны – классические и современные подходы к их изучению, хранению и использованию», Санкт-Петербург, Зоологический институт РАН, 27 июня 2023 г.: Программа и тезисы докладов. – Санкт-Петербург: ЗИН РАН, 2023. – 56 с.

Конференция проводится в составе Второго научного форума «Генетические ресурсы России» в рамках гранта в форме субсидии из федерального бюджета на реализацию отдельных мероприятий Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019–2027 годы (II очередь. Биоресурсные коллекции), номер соглашения: 075-15-2021-1069, «Развитие крупнейшей биоресурсной коллекции России на базе Уникальной фондовой коллекции Зоологического института РАН: изучение, рациональное использование и ответственное хранение генетических ресурсов мировой фауны».

Издание предназначено для зоологов, работающих в области экологии, морфологии и систематики, а также для микробиологов, генетиков, цитологов, студентов биологических специализаций и преподавателей биологических факультетов высших учебных заведений.

Second All-Russian conference "Zoological collections as the source of genetic resources of the world fauna – classical and modern approaches to its study, storage and use", St. Petersburg, Zoological Institute RAS, June 27, 2023.: Program and abstracts. – St. Petersburg: ZIN RAS, 2023. – 56 p.

The conference is held within the framework of the Second Scientific Forum "Genetic Resources of Russia" funded by a grant in the form of a subsidy from the federal budget for the implementation of certain activities of the Federal Scientific and Technical Program for the Development of Genetic Technologies for 2019–2027 (Second stage. Bioresource collections), contract number: 075-15-2021-1069, "Development of the largest bioresource collection in Russia on the basis of the Unique Fund Collection of the Zoological Institute, Russian Academy of Sciences: study, rational use and responsible storage of the genetic resources of world fauna".

The publication is intended for zoologists working in the field of ecology, morphology, and taxonomy, as well as microbiologists, geneticists, cytologists, students specializing in biology and lecturers of biological faculties.

Организация и проведение конференции осуществляются при финансовой поддержке спонсора — ООО «Фирма «Сатурн», г. Пермь

Организационный комитет

Председатель — О.Г. Овчинникова, д.б.н.

Секретарь — П.А. Джелали

И.В. Доронин, к.б.н.

Т.К. Золотарева

К.Ю. Ильцевич

А.Н. Мясницын

Ю.М. Стадник

Т.А. Сулейманова

Р.Г. Халиков

Научный комитет

Н.И. Абрамсон, к.б.н.

Н.Б. Ананьева, д.б.н., профессор

О.Г. Овчинникова, д.б.н.

С.А. Карпов, д.б.н., профессор

ПРОГРАММА

РЕГИСТРАЦИЯ УЧАСТНИКОВ – 27 июня, вторник, 9.00–10.00, Зоологический институт РАН, Университетская наб., д. 1.

Сессия I. 10.00–11.35. Председатель – О.Г. Овчинникова

10.00–10.10. Открытие конференции.

10.10–10.30. А.И. Гранович. Эволюция естественно-научной коллекции и ее роль в образовательном процессе.

10.30–10.50. С.Г. Медведев. Фондовые коллекции паразитических членистоногих Зоологического института РАН.

10.50–11.05. А.Р. Манукян, Н.В. Мартынович, А.В. Смирнова. Коллекция Иоганнеса Фрича (Fritsch, Johannes) в Музее Мирового океана и Музее янтаря (Калининград).

11.05–11.20. С.А. Карпов. Культуры протистов в изучении биоразнообразия и глобальной филогении эукариот.

11.20–11.35. В.Н. Орлов, Е.А. Ляпунова, М.И. Баскевич, И.В. Картавцева, В.М. Малыгин, Н.Ш. Булатова. Вклад отечественной цитогенетики в разработку системы видов млекопитающих.

11.35–12.20. ОБЩАЯ ФОТОГРАФИЯ УЧАСТНИКОВ КОНФЕРЕНЦИИ, ПОСТЕРНАЯ СЕССИЯ, КОФЕ-БРЕЙК.

Сессия II. 12.20–13.45. Председатель – Н.И. Абрамсон

12.20–12.40. Н.И. Кириченко, А.А. Агеев, С.А. Астапенко, А.Н. Головина, Д.Р. Каспарян, О.В. Кошелева, Е.В. Целих, А.В. Тимохов, Е.В. Захаров, С.А. Белокобыльский. Интегративная таксономия паразитоидов сибирского шелкопряда – опасного вредителя хвойных лесов Северной Азии – с использованием вековых энтомологических коллекций.

12.40–13.00. Ф.С. Шарко, Е.С. Булыгина, Н.С. Слободова, С.В. Фомин, О.А. Крылович, А.Б. Савинецкий, Е.Г. Мамаев, А.Н. Тихонов, А.В. Недолужко. Геномика стеллеровой коровы (*Sigenia, Hydrodamalis gigas*), динамика её численности и причины вымирания.

13.00–13.15. Л.Я. Боркин, С.Н. Литвинчук. Размер генома (проточная ДНК-цитометрия) как индикатор цитогенетического и таксономического разнообразия (на примере амфибий).

13.15–13.30. Г.Н. Шаповал, Н.А. Шаповал, А.В. Крупицкий, Р.В. Яковлев. Историческая ДНК как инструмент современных филогенетических исследований чешуекрылых насекомых: опыт генетического анализа типовых экземпляров депонированных в коллекции ЗИН РАН.

13.30–13.45. О.С. Голосова, М.В. Холодова, С.А. Трепет, А.С. Мурадов. Генетическое своеобразие кавказского благородного оленя *Cervus elaphus taral* по данным полиморфизма митохондриального гена цитохрома b и микросателлитных локусов ядерной ДНК.

13.45–15.15. И.Г. ДАНИЛОВ. ЭКСКУРСИЯ ПО КОЛЛЕКЦИОННОМУ ФОНДУ (КОЛЛЕКЦИОННЫЕ ПЕРЕДВИЖНЫЕ ШКАФЫ ПРОИЗВОДСТВА ООО «ФИРМА САТУРН»).

ОБЕД.

Сессия III. 15.15–16.55. Председатель – С.М. Голубков

15.15–15.35. В.Р. Алексеев, И.П. Николаева, Н.М. Сухих, О.А. Чабан. Значение коллекции пресноводного зоопланктона в исследованиях биологического разнообразия, экологии и таксономии водных беспозвоночных.

15.35–15.55. С.А. Царин, Е.Н. Скуратовская, Т.В. Царина, М.А. Ковалева. Традиционные и современные методы при работе с материалами коллекции гидробионтов Мирового океана ФИЦ ИнБЮМ.

15.55–16.10. А.М. Лях, Е.В. Дмитриева. Информационная система для работы с коллекцией паразитов рыб Мирового океана ФИЦ ИнБЮМ.

16.10–16.25. Л.Ф. Литвинчук. Коллекция латентных яиц хищных ветвистоусых ракообразных как долгосрочный способ сохранения генетического материала.

16.25–16.40. С.Д. Гребельный, Н.Ю. Иванова, К. До Хыу [Q. Do Huu]. Состав и распространение представителей тропического семейства морских анемонов Aliciidae (Athozoa, Actiniaria), опасных для человека. По материалам Российско-Вьетнамских экспедиций к берегам Вьетнама и архипелага Спратли.

16.40–16.55. О.А. Юницына, А.А. Соболева, Е.П. Пестова, А.В. Кондаков, И.В. Вихрев. Генетический анализ популяции *Pseudanodonta complanata* (Rossmässler, 1835) на территории Европейской России.

16.55–17.15. КОФЕ-БРЕЙК.

Сессия IV. 17.15–18.35. Председатель – Н.Б. Ананьева

17.15–17.35. О.В. Зайцева, А.А. Петров, С.А. Петров, В.В. Старунов, Д.К. Обухов, Е.Е. Воронежская. Коллекции гистологических препаратов – цифровой информационный ресурс для образовательных и научных целей.

17.35–17.50. О.С. Воскобойникова, М.В. Назаркин. О таксономическом статусе семейства кинжалозубых рыб Anopteridae в отряде Euloriformes в свете новых морфологических данных по *Anopterus vorax* из фондовой коллекции ЗИН РАН.

17.50–18.05. С.В. Крусков, С.С. Жукова, А.А. Горбань, А.П. Юзефович, Е.Н. Соловьева. Использование материалов Зоологического музея МГУ при изучении систематики гладконосых рукокрылых (Vespertilionoidea, Chiroptera) Евразии.

18.05–18.20. Д.И. Лебедева, Д.О. Зайцев. Изучение систематики и распространения трематод рода *Diplostomum* von Nordmann, 1832 (Trematoda, Diplostomidae) с помощью интегративных методов.

18.20–18.35. А.И. Соловьева, А.А. Виноградова, К.В. Регель. Подбор метода получения ДНК и баркодинг цестод и трематод коллекций Зоологического института РАН.

18.35–18.55. КОФЕ-БРЕЙК.

Сессия V. 18.55–20.25. Председатель – В.Г. Кузнецова

18.55–19.10. В.Е. Гохман. Значение коллекций лабораторных культур для изучения взаимоотношений между близкими видами хальцидоидных наездников (Hymenoptera, Chalcidoidea).

19.10–19.25. В.Б. Голуб, Н.В. Голуб, В.А. Соболева, Е.В. Аксёненко. Комплексное использование зоологических и цитологических коллекционных материалов в решении вопросов фауногенеза полужесткокрылых семейства Tingidae (Heteroptera) Западного Кавказа.

19.25–19.40. А.В. Москаев, М.И. Гордеев, Е.Ю. Ли, В.И. Панов, Д.Н. Логинов, Б.В. Андрианов, А.Г. Бега, А.А. Бекбаева, А.Д. Антипова, И.И. Горячева. Видовая идентификация и генетическая изменчивость популяций малярийных комаров Белорусского и Российского Полесья.

19.40–19.55. М.И. Гордеев, А.В. Москаев, Е.Ю. Ли, В.И. Панов. Видовой состав и хромосомная изменчивость малярийных комаров рода *Anopheles* (Diptera, Culicidae) северной таежной зоны Палеарктики.

19.55–20.10. М.Б. Потапов, А.В. Стрючкова. Коллекция генетических клонов партеногенетической почвенной коллемболы *Parisotoma notabilis* s.l. (Collembola, Isotomidae).

20.10–20.25. И.Я. Гричанов. Динамика числа видов Dolichopodidae (Diptera) в фауне Ирана: как скоро экспонента превратится в сигмоиду?

ЗАКРЫТИЕ КОНФЕРЕНЦИИ

11.35–12.20. ПОСТЕРНАЯ СЕССИЯ

Л.О. Аганесова, Т.В. Рауэн. Коллекция марикультурных кормовых организмов как биологический ресурс и потенциальный источник молекулярно-генетических исследований.

А.В. Амолин, М.В. Рева. Диптерологическая коллекция кафедры зоологии и экологии Донецкого государственного университета.

О.В. Брандлер. Специализированная коллекция тканей животных ИБР РАН как пример источника уникальных материалов для генетических исследований.

Е.С. Булыгина, Ф.С. Шарко, Н.В. Слободова, С.В. Цыганкова, М.Ю. Чепрасов, Л.В. Григорьева, Г.П. Новгородов, А.В. Протопопов, А.Н. Тихонов, С.М. Расторгуев, Г.Г. Боевский, А.В. Недолужко. Анализ генома голоценового бурого медведя (Ursidae, *Ursus arctos*) в контексте потенциальной межвидовой гибридизации в семействе Медвежьи.

Л.Л. Войта, В.Е. Омелько, Е.П. Изварин, Ю.Э. Кропачева, Е.О. Эйдинова, Ю.А. Шемякина, В.С. Никифорова, Т.В. Струкова, Н.Г. Смирнов. Позднечетвертичные палеосообщества землероек Soricidae (Mammalia, Eulipotyphla) Урала и Дальнего Востока России: подходы к анализу многофакторного морфопространства.

В.Г. Высоцкий. Вымершие виды птиц в коллекции Зоологического института РАН.

Ю.В. Дьячков. Фауна многоножек-костянок (Chilopoda, Lithobiomorpha) Средней Азии и Казахстана.

О.А. Ермаков, А.Ю. Иванов, С.А. Луконина. Значение музейных экземпляров для решения проблем филогении и филогеографии сусликов Евразии.

В.Ю. Ильяшенко. Коллекция пуховых птенцов иммаатуронатных птиц в Зоологическом институте РАН.

Н.И. Кириченко, Н.Н. Карпун, Д.Л. Мусолин. Диагностика чужеродных видов дендрофильных насекомых на юге России на основе ДНК-баркодирования полевых образцов и изучения ранних энтомологических коллекций.

Н.И. Кириченко, С.Ю. Синева, А.Ю. Матов, С.В. Недошивина, М.Г. Волкович, Н.Н. Карпун, Д.Л. Мусолин. ДНК-баркодирование карантинных дендрофильных видов насекомых из различных регионов Азии на основе ранних энтомологических коллекций.

С.А. Луконина, О.В. Кукушкин. Применение ДНК-штрихкодирования при изучении внутривидовой структуры ящерицы Линдгольма, *Darevskia lindholmi* (Sauria, Lacertidae).

В.А. Матросова, Е.П. Симонов, Ф.Н. Голенищев, А.Д. Иванова, О.А. Ермаков. Митохондриальный геном типового экземпляра краснощекого суслика *Spermophilus erythrogenus* Brandt, 1841.

В.Е. Омелько, Е.А. Сергушева, А.В. Недолужко, М.П. Тиунов. Osteологические коллекции из археологических памятников Дальнего Востока России как основа для изучения становления животноводства в регионе в период с неолитической эпохи до средних веков.

В.С. Плеканчук, М.А. Рязанова, Т.А. Алёхина, О.И. Прокудина, О.Е. Редина, А.Л. Маркель. Селекционные линии крыс НИСАГ, МД и ГК, моделирующие заболевания человека: артериальную гипертонию, аудиогенную эпилепсию и кататонию.

А.С. Рябинин, Р.А. Быков, Ю.Ю. Илинский. Получение ДНК эндосимбиотических бактерий из коллекционных образцов насекомых различных групп.

Е.А. Сивопляс, Е.Г. Белкина, С.Ю. Сорокина, О.Е. Лазебный, А.М. Куликов. Использование коллекции дрозофил для проведения генетических экспериментов по изменению экспрессии протоонкогенов.

И.Ю. Стариков, Я.А. Редькин, М. Винк. Использование коллекций российских научных учреждений при анализе изменчивости и митохондриальной филогеографии ястреба-перепелятника *Accipiter nisus*.

А.В. Фролов, Л.А. Ахметова. Изучение питания мадагаскарских жуков-навозников (Coleoptera, Scarabaeidae, Scarabaeinae) методами высокопроизводительного секвенирования.

М.И. Шаповалов, М.А. Сапрыкин, Е.М. Еднич, А.Д. Бородин, И.Э. Храбров. Зоологические коллекции Адыгейского государственного университета: сохранение, модернизация и цифровизация.

ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ

Коллекция марикультурных кормовых организмов как биологический ресурс и потенциальный источник молекулярно-генетических исследований

Л.О. Аганесова, Т.В. Пауэн

Федеральный исследовательский центр

«Институт биологии южных морей имени А.О. Ковалевского РАН», Севастополь.

E-mail: taschi@mail.ru

Морская аквакультура – важнейшая отрасль рыбного хозяйства. Успешное выращивание большинства видов морских рыб предполагает неперенное введение в их рацион живых кормовых организмов, что обусловлено экологическими и этологическими особенностями личинок на ранних стадиях развития. Оптимизацией технологического выращивания и исследованием физиологии живых кормовых организмов длительное время занимается ФИЦ ИнБЮМ им. А. О. Ковалевского. Рабочая коллекция располагается в отделе аквакультуры и морской фармакологии группы «Культивирование рыб» и включает черноморский штамм гетеротрофных динофлагеллят *Oxyrrhis marina* (Dujardin, 1841), солоноватоводных и морских копепод Calanoida: *Calanipeda aquaedulcis* (Kritsch, 1873), *Arctodiaptomus salinus* (Daday, 1885), *Acartia tonsa* (Dana, 1849); Cyclopoida: *Oithona davisae* (Ferrari F.D. & Orsi, 1984); солоноватоводную коловратку Rotifera: *Brachionus plicatilis* (Müller, 1786) (партеногенетический клон). Монокультурные лабораторные популяции адаптированы к круглогодичному содержанию в морской воде (солёность 18‰). Для поддержания живой коллекции в качестве корма непрерывно культивируются микроводоросли разных таксономических групп: Bacillariophyceae – *Phaeodactylum tricorutum* (Bohlin, 1897), Chlorophyceae – *Dunaliella salina* ((Dunal) Teodoresco, 1905), Trebouxiophyceae – *Chlorella vulgaris* (Beyerinck (Beijerinck), 1890), Prasinophyceae – *Tetraselmis suecica* ((Kylin) Butcher, 1959), Dinophyceae – *Prorocentrum cordatum* ((Ostenfeld) J.D. Dodge, 1975), ранее именовавшийся *Exuviaella cordata*, *Prorocentrum micans* (Ehrenberg, 1834), Cryptophyceae – *Rhodomonas salina* ((Wislouch) D.R.A. Hill & R.Wetherbee, 1989), Prymnesiophyceae – *Isochrysis galbana* (Parke, 1949). На основании изучения коллекции разработаны и запатентованы уникальные способы культивирования динофлагеллят *Oxyrrhis marina*, морских циклопидных и каляноидных копепод *Oithona davisae* и *Arctodiaptomus salinus*, а также способ снижения численности бактерий-оппортунистов в средах выращивания личинок морских рыб и их кормов. Коллекция предназначена для получения массы живых организмов для использования в качестве стартовых мелкоразмерных живых кормов для питания ранних пелагических личинок ценных морских рыб, а также для проведения экспериментальных научно-исследовательских работ в области биологии, эмбриологии, генетики, физиологии, биохимии и биологического тестирования. Культивируемые организмы являются ценным биологическим ресурсом и потенциальным источником молекулярно-генетических исследований. Работа выполнена в рамках государственного задания ФИЦ ИнБЮМ по теме «Исследование механизмов управления продукционными процессами в биотехнологических комплексах с целью разработки научных основ получения биологически активных веществ и технических продуктов морского генезиса» (№ гос. регистрации 121030300149-0).

Значение коллекции пресноводного зоопланктона в исследованиях биологического разнообразия, экологии и таксономии водных беспозвоночных

В.Р. Алексеев, И.П. Николаева, Н.М. Сухих, О.А. Чабан
Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.
E-mail: alexeev@zin.ru

Коллекция зоопланктона Лаборатории пресноводной и экспериментальной гидробиологии ЗИН РАН собиралась более 100 лет и к настоящему моменту насчитывает несколько десятков тысяч образцов. Коллекция состоит из нескольких разделов: пробы зоопланктона, фиксированные формалином; препараты на стеклах; спиртовые пробы, в том числе предназначенные для молекулярно-генетических исследований. Наибольшим по объему является первый раздел – свыше 30 тыс. образцов, среди которых выделяются пробы крупных экспедиций, например, профессора Николая Михайловича Книповича по Каспийскому морю. В специальном разделе этой коллекции хранятся сборы тропического зоопланктона, переданные в дар Зоологическому Институту профессором К.Х. Фернандо (Университет Ватерлоо, Канада) – свыше 400 образцов из 43 тропических стран. Среди формалиновых проб особое место занимают материалы, связанные с именами выдающихся систематиков, их определявших – Г.О. Сарса, К. Линдберга, В.М. Рылова, С.С. Смирнова, А.Л. Бенинга, Г.Ю. Верещагина и др. Последние годы коллекция активно пополняется сотрудниками отделения систематики Лаборатории пресноводной и экспериментальной гидробиологии. Экспедиции последних лет, откуда был доставлен материал для коллекции, включали слабо изученные районы Российской Федерации: арктические районы рек Оби и Лены, Камчатка, Сахалин, Приморский край, оз. Байкал и другие недостаточно исследованные с точки зрения биоразнообразия и экологии обитающих в этих регионах организмов, прежде всего ракообразных. В коллекцию недавно поступили также материалы из ряда стран Восточной и Юго-Восточной Азии, в том числе из Вьетнама, Лаоса, Камбоджи, Таиланда, Малайзии, Тайваня, Японии, Индонезии, Китая, Монголии. Эти пробы предназначены уже для проведения исследований в том числе молекулярно-генетическими методами, они фиксированы 80–90% спиртом и хранятся при $t -26^{\circ}\text{C}$. Из них постепенно выбираются наиболее интересные организмы для проведения анализа ДНК и секвенирования. На основании исследований биологического разнообразия, особенностей морфологии и биогеографии планктонных организмов в лаборатории проводится изучение фауны гидробионтов как России и сопредельных территорий, так и более крупных географических единиц, вплоть до мировой. Эти материалы были использованы при подготовке 6-томного определителя по гидрофауне России и сопредельных стран под редакцией С.Я. Цалолихина (1994–2004), 2-томного определителя планктона и бентоса под редакцией В.Р. Алексеева и С.Я. Цалолихина (2010, 2016) и второго тома фауны Каспийского моря под редакцией Н.В. Аладина (2015). Богатая коллекция зоопланктона активно используется в том числе при выполнении исследований магистрантов, аспирантов и докторантов Зоологического института и других научных учреждений России.

Диптерологическая коллекция кафедры зоологии и экологии Донецкого государственного университета

А.В. Амолин, М.В. Рева
Донецкий государственный университет, г. Донецк.
E-mail: a.amolin@mail.ru, mvreva@mail.ru

Коллекция двукрылых насекомых (Diptera) составляет основную часть коллекции насекомых кафедры зоологии и экологии Донецкого государственного университета. Формирование коллекции насекомых было начато в 1965 году с момента создания кафедры зоологии на биологическом факультете университета благодаря усилиям д.б.н., проф. З.В. Усовой и её многочисленных учеников.

Самая крупная в коллекции насекомых кафедры зоологии и экологии – это коллекция мошек (Simuliidae), которая формировалась в течении более полувека и является одной из крупнейших университетских коллекций по этому семейству двукрылых на территории бывшего СССР. Коллекция представлена десятками тысяч экземпляров зафиксированных в спирте личинок, куколок и имаго мошек, а также готовых микропрепаратов имаго и преимагинальных фаз, и охватывает все природно-климатические зоны Украины, Крыма, Донбасса, а также отдельные регионы Сибири, Средней Азии и Кольского полуострова. В коллекции представлены преимагинальные фазы (личинки, куколки) и имаго обоих полов мошек, относящихся к родам *Gymnopsis* Stone, 1949, *Twinnia* Stone et Jamnback, 1955, *Prosimulium* Roubaud, 1906, *Helodon* Enderlein, 1921, *Stegopterna* Enderlein, 1930, *Greniera* Doby et David, 1959, *Cnephia* Enderlein, 1921, *Metacnephia* Crosskey, 1969, *Sulcicnephia* Rubzov, 1971, *Wilhelmia* Enderlein, 1921, *Hellichia* Rivossecch et Cardinali, 1975, *Byssodon* Enderlein, 1925, *Cnetha* Enderlein, 1921, *Nevermannia* Enderlein, 1921, *Eusimulium* Roubaud, 1906, *Schoenbaueria* Enderlein, 1921, *Boophthora* Enderlein, 1921, *Gnus* Rubzov, 1940, *Odagmia* Enderlein, 1921, *Argentisimulium* Rubzov et Yankovsky, 1982 и *Simulium* Latreille, 1802. В пополнении коллекции мошек большую роль сыграли проф. З.В. Усова и её ученики в ходе подготовки докторских и кандидатских диссертаций (Е.Б. Сухомлин, В.М. Каплич, Р.Д. Семущин, В.А. Булли, Е.Н. Пушкарь, М. Маске, А.П. Зинченко, Т.Л. Савустьяненко, М.В. Рева), а также студенты в ходе выполнения выпускных квалификационных работ.

Вторая по объему коллекционного материала – это коллекция комаров (Culicidae) Донбасса, составленная к.б.н. А.Е. Рязанцевой на основе собранного ею для подготовки кандидатской диссертации материала в Донецкой области. Данная коллекция включает сделанные автором микропрепараты имаго и преимагинальных фаз, обширный материал личинок и имаго комаров, хранящийся в спирте (31 тыс. личинок и около 50 тыс. имаго), а также сборы комаров на ватных слоях и смонтированный на минучиях материал взрослых комаров. Большой вклад в пополнение коллекции комаров внес в 70-ых годах XX века к.б.н. Р.Д. Семущин. Кроме Донбасса коллекция комаров включает небольшие сборы имаго и личинок из Крыма, Туркмении и некоторых областей Украины.

К диптерологической коллекции кафедры зоологии и экологии относится также смонтированный на энтомологических булавках материал по злаковым мухам (Chloropidae), типулидам (Tipulidae), тахинидам (Tachinidae), слепням (Tabanidae), ктырям (Asilidae), жужжалам (Bombyliidae), мухам-журчалкам (Syrphidae), большеголовкам (Conopidae), пестрокрылкам (Tephritidae), настоящим мухам (Muscidae) и другим семействам, собранный большей частью на территории Донбасса. В сборе указанного материала большую роль сыграли Е.А. Павленко (Chloropidae), А.А. Панченко (Tabanidae), А.Ф. Булли (Syrphidae), С.В. Коновалов (Asilidae, Syrphidae).

Размер генома (проточная ДНК-цитометрия) как индикатор цитогенетического и таксономического разнообразия (на примере амфибий)

Л.Я. Боркин¹, С.Н. Литвинчук²

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

E-mail: Leo.Borkin@zin.ru

²Институт цитологии РАН, Санкт-Петербург.

E-mail: litvinchukspartak@yandex.ru

С середины XX века было общепринято, что размер генома — это постоянная величина, характерная для вида, фундаментальный цитологический параметр вида. Отклонения от него считались биологически незначимыми методическими погрешностями. Поэтому полагали, что одна или пара особей вида достаточны для исследований по эволюции и систематике животных. Однако прецизионный метод проточной ДНК-цитометрии (Розанов, Виноградов, 1998) позволил учитывать индивидуальную вариабельность размера генома. Для *каждой* исследованной *особи* мы получали данные о её видовой принадлежности, уровне плоидности и возможном гибридном происхождении. Помимо клеток крови, с помощью проточного ДНК-цитометра можно изучать также гаметогенез у самцов. Однако с ооцитами самок технически это не получается из-за их большой величины.

В 1984 г. мы создали неформальную группу (ЗИН и ИнЦ АН СССР) по изучению размера генома у низших наземных позвоночных, ключевой фигурой которой в методическом плане стал Ю.М. Розанов (1938–2021; о нём см. Боркин, Литвинчук, 2022). В итоге размер генома (количество ядерной ДНК на клетку в пикограммах) был определён у 21763 экз. 279 видов амфибий и 2069 экз. 329 видов рептилий; в сумме 23832 экз. 608 видов; была создана база данных. Основные результаты наших исследований следующие.

1. Была разработана *модификация методов* применительно к клеткам земноводных.
2. У ряда видов хвостатых и бесхвостых амфибий была выявлена *внутривидовая изменчивость размера генома как индивидуальная* (у особей в пределах популяции), так и *межпопуляционная* изменчивость размера генома (у особей из разных популяций).
3. Была обнаружена *спонтанная ауто triploidия* в естественных популяциях целого ряда диплоидных видов амфибий и некоторых рептилий.
4. Изучался *сперматогенез* с особым вниманием к клональным и гибридным видам амфибий, для которых определялись типы гамет, передаваемых потомству.
5. *Систематика*. Размер генома оказался очень удачным параметром для различения (идентификации) видов, в том числе весьма близких, у амфибий и в ряде групп рептилий. Однако размер генома не может служить индикатором филогенетических (родственных) отношений между видами или их таксономическими группами.
6. Размер генома легко выявляет *криптические виды*, включая так называемые суперкриптические виды, неразличимые по митохондриальным генам (баркодингу).
7. Метод проточной ДНК-цитометрии был использован нами для выявления *гибридизации* в зонах контакта близкородственных видов.
8. Метод проточной ДНК-цитометрии исключительно благотворен при изучении *сетчатого видообразования* у бесхвостых амфибий, неразрывно связанного с гибридизацией видов, клональным наследованием и перманентной полиплоидией. С помощью этого метода нам удалось *впервые* получить *прямые* доказательства избирательной элиминации генома того или иного родительского вида у клональных гибридов европейских зелёных лягушек в зависимости от структуры смешанной популяции, а также обнаружить явление *гибридной амфиспермии*. На Памире и в Западных Гималаях были обнаружены популяции зелёных жаб, полностью состоящие из триплоидных самцов и самок (*деуполая триплоидия*) с особым уникальным механизмом наследования, сочетающим менделевские и клональные процессы.

Специализированная коллекция тканей животных ИБР РАН как пример источника уникальных материалов для генетических исследований

О.В. Брандлер

Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН, Москва.

E-mail: rusmarmot@yandex.ru

Сбор тканей животных для генетических исследований вошел в научную практику в конце 80х – начале 90х гг. прошлого века с появлением техники секвенирования нуклеотидных последовательностей по Сэнгеру. В начале 1990х гг. некоторые музеи естественной истории начали включать фиксированные ткани в коллекции на постоянной основе в качестве одного из сохраняемых материалов коллекционных экспонатов животных (Catzeffli, 1991). Сейчас очевидно, что развитие классических дисциплин, таких как зоология и ботаника, в области систематики биологического разнообразия и его охраны невозможны без использования методов изучения структуры ДНК. Ценность коллекций фиксированных тканей возрастает в условиях сокращения в естественной среде численности многих видов животных и усилении связанных с этим ограничений получения генетического материала из природных популяций. Особенное внимание специалисты обращают на сохранение и доступность малых коллекций, собирающихся отдельными исследовательскими группами, небольшими музеями или научными организациями (Casas-Marce et al., 2012). В таких собраниях зачастую хранятся уникальные материалы по отдельным таксономическим группам. Часто такие сборы дают возможность проводить фундаментальные эволюционные и популяционные исследования даже в условиях сокращения и исчезновения этих животных в природе.

Коллекция тканей диких животных для генетических исследований Института биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН (КТЖ ИБР) включает уникальные образцы представителей редких и широко распространенных видов, собранных как в ныне существующих, так и в уже исчезнувших популяциях. Создание коллекции было начато в 1991 г. коллективом под руководством известного зоолога, эволюциониста Н.Н. Воронцова. На начальных этапах материал собирался в виде тканей животных, хранящихся при особо низкой температуре (в жидком азоте или низкотемпературных кельвинаторах). Позже образцы стали фиксировать в этиловом спирте. К настоящему времени в КТЖ ИБР собран материал, представляющий большой интерес для исследователей в области биоразнообразия, систематики животных, эволюционной биологии. Большая часть образцов коллекции принадлежит млекопитающим (116 видов). Особенно богато представлены наземные белчицы (сурки и суслики), мышевидные, хомяковые (слепушонки). В коллекции хранятся уникальные выборки образцов из вымерших или катастрофически сократившихся популяций крапчатых сусликов из некоторых областей России и Украины. Другим примером является богатый материал уникальных разнохромосомных форм восточной слепушонки, собранный в Таджикистане в популяциях из зоны затопления Рогунской ГЭС. В коллекции также представлены птицы, земноводные и беспозвоночные. Хранение материала, принадлежащего разным представителям одной таксономической группы, позволяет легче решать задачи филогеографии и филогении этих групп. В частности, материал коллекции позволил реконструировать филогению рода *Marmota* Blümenbach, 1779 (Mills et al., 2023). Материал коллекции представляет собой базу для фундаментальных и прикладных генетических исследований природоохранной и природопользовательской направленности. Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта Минобрнауки РФ № 075-15-2021-1069 в рамках Договора на выполнение НИР № 261 от 08.11.2021 г.

Анализ генома голоценового бурого медведя (*Ursidae, Ursus arctos*) в контексте потенциальной межвидовой гибридизации в семействе Медвежьих

Е.С. Булыгина¹, Ф.С. Шарко^{1,2}, Н.В. Слободова^{1,3}, С.В. Цыганкова¹, М.Ю. Чепрасов⁴, Л.В. Григорьева⁴, Г.П. Новгородов⁴, А.В. Протопопов^{4,5}, А.Н. Тихонов⁶, С.М. Расторгуев⁷, Г.Г. Боесков⁸, А.В. Недолужко⁹

¹ Научно-исследовательский центр «Курчатовский институт», Москва.

² Федеральный исследовательский центр Биотехнологии РАН, Москва.

³ Национальный исследовательский университет «Высшая школа экономики», Москва.

⁴ Северо-Восточный федеральный университет имени М.К. Аммосова, Якутск.

⁵ Академия наук Республики Саха, Якутск.

⁶ Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

⁷ РНИМУ им. Н.И. Пирогова, Москва.

⁸ Институт геологии алмаза и благородных металлов СО РАН, Якутск.

⁹ Европейский Университет в Санкт-Петербурге, Санкт-Петербург.

E-mail: nedoluzhko@gmail.com

В докладе приводятся сведения о первичных результатах секвенирования ядерного генома бурого медведя (*Ursus arctos* L., 1758), который обитал на территории Северо-Восточной Азии в среднем голоцене (3460±40 лет назад). Туша бурого медведя (также известна как этериканская медведица), извлеченная в 2020 году из вечной мерзлоты на острове Большой Ляховский (Новосибирские острова), была использована для проведения палеогеномного анализа. Предварительные исследования внешней морфологии медведя, его аутопсии и компьютерной томографии туши свидетельствуют: это была половозрелая самка возрастом около пяти лет; размеры её тела и черепа близки к таковым современного *U. arctos* с территории Якутии, относящегося к некрупной форме; высокая упитанность животного и большое количество абдоминального жира в брюшной полости (толщиной до 4–5 см), отмеченные при вскрытии, указывают на то, что, скорее всего, зверь был готов залечь в спячку; отмечены значительные повреждения позвоночника и грудной клетки, приведшие к преждевременной гибели особи (вероятно, из-за обрушения льдистых отложений).

Анализ ядерного генома был проведён, используя ранее сгенерированные данные (535.049.211 геномных прочтений), референсный геном бурого медведя (сборка *UrsArc1.0*), а также программный конвейер PALEOMIX.

Мы показали, что мышечная ткань из вечной мерзлоты является хорошим источником эндогенной ДНК (32.8 – 46%), это в итоге позволило реконструировать геном голоценового бурого медведя с 8.4-кратным покрытием.

Ранее была продемонстрирована филпатрия по материнской линии у изучаемого образца и современных представителей бурых медведей, населяющих Северо-Восточную Азию. В данной работе, используя методы F-статистики, наши и ранее опубликованные геномные данные древних и современных представителей *U. arctos* и *U. maritimus*, обсуждается возможность межвидовой гибридизации между этими представителями семейства Медвежьих. Работа выполнена при финансовой поддержке РФФ (проект № 22-24-00282).

**Позднечетвертичные палеосообщества землероек Soricidae (Mammalia, Eulipotyphla)
Урала и Дальнего Востока России: подходы к анализу многофакторного
морфопространства**

Л.Л. Войта¹, В.Е. Омелько², Е.П. Изварин³, Ю.Э. Кропачева³, Е.О. Эйдинова³,
Ю.А. Шемякина¹, В.С. Никифорова¹, Т.В. Струкова³, Н.Г. Смирнов³

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

E-mail: leonid.voyta@zin.ru

²Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО
РАН, Владивосток.

³Институт экологии растений и животных Уральского отделения РАН, Екатеринбург.

В докладе представлен оригинальный протокол анализа позднелайстоценовых и голоценовых палеосообществ землероек с использованием современных подходов к анализу морфологических данных. Мы оценили разрешающую способность коллекций ископаемых землероек из местонахождений Урала и Дальнего Востока для комплексного межрегионального анализа фенотипической изменчивости. В соответствии с этим в докладе приводится видовой список и хронологическое положение ископаемых выборок уральских и дальневосточных землероек с точки зрения межрегиональных и внутрирегиональных сопоставлений для выявления общих и частных реакций палеосообществ на климатические флуктуации. На основе 182 трехмерных цифровых моделей нижних челюстей или изолированных зубов (m1) было построено морфопространство формы m1 для семи видов бурозубок *Sorex* из верхнелайстоценового слоя МК1-13 и среднеголоценового слоя МК1-7 пещеры Медвежий Клык (Южное Приморье, Россия). Современные выборки из Восточной Сибири ("холодные" условия обитания) и Южного Приморья ("теплые" условия) были включены в морфопространство для актуализации возможных откликов ископаемых выборок на позднечетвертичные колебания климата. Наш анализ выявил: (i) слабую реакцию формы m1 почти всех видов на "холодные" и "теплые" условия среды, кроме *S. daphaenodon* и *S. caecutiens*; (ii) две группы видов, "генерализованные" и "специализированные" по форме m1, в соответствии с представлениями о распределении трофических ниш среди синтопирующих землероек; (iii) диагностический признак для видового определения материала по *S. unguiculatus* и *S. isodon* в ископаемых выборках. В исследовании использованы уникальные коллекции ископаемых и рецентных выборок Soricidae УФК ЗИН РАН, ФНЦ Биоразнообразия ДВО РАН и ИЭРиЖ УрО РАН, а также оборудование ЦКП "Таксон" ЗИН РАН (micro-СТ сканер Neoscan N80; <http://www.ckp-rf.ru/ckp/3038/>). Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта РНФ (№ 22-24-00510).

О таксономическом статусе семейства кинжалозубых рыб *Anotopteridae* в отряде *Eulopiformes* в свете новых морфологических данных по *Anotopterus vorax* из фондовой коллекции ЗИН РАН

О.С. Воскобойникова, М.В. Назаркин
Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.
E-mail: olga.voskoboinikova@zin.ru

Редкое, всемирно распространенное, глубоководное семейство *Anotopteridae* изначально рассматривалось как самостоятельная таксономическая группа отряда *Eulopiformes*. Представления о систематическом положении кинжалозубых неоднократно менялись. Их включали в семейства *Alepizauridae* или *Paralepididae*, рассматривали как самостоятельное семейство в подотряде *Alepizauroidi*. Нами впервые изучено строение скелета половозрелой особи южноокеанского кинжалозуба *Anotopterus vorax*, в основном соответствующее описаниям скелета *A. pharao* разных авторов. Различия этих двух видов касаются деталей строения жаберных дуг, челюстей, черепа и осевого скелета, а также наличия у *A. vorax* ряда признаков, не описанных ранее у рода *Anotopterus* и уникальных для костистых рыб. К ним относится наличие значительного числа костных рёбер (*epineuralia* и *epicentralia*), прикреплённых к костям неврокраниума (*epioticum*, *intercalare*, *exooscapitale*), а также удлинённых и прерывистых латеральных килевидных костей, расположенных по обе стороны от центральной килевидной кости. Последние особенности, по-видимому, не были обнаружены в связи с небольшими размерами исследованных особей *A. pharao*. На основании остеологических данных выполнен кладистический анализ рыб отряда *Eulopiformes*, в результате которого *A. vorax* объединился в одной кладе с *A. pharao* и ископаемым родом *Polymerichthys*. Полученная клада заняла промежуточное положение между семействами *Alepizauridae* и *Paralepididae*. Высказано предположение о валидности семейственного статуса *Anotopteridae*. Исследование выполнено в рамках Гостемы № 122031100285-3.

Вымершие виды птиц в коллекции Зоологического института РАН

В.Г. Высоцкий

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

E-mail: vadim.vysotsky@zin.ru

В соответствии с наиболее авторитетными современными сводками (Hume, 2017; del Hooy, 2020; HBW-BirdLife Checklist ver. 7 Dec 2022) после 1500 года в мировой орнитофауне 160–162 вида птиц отнесено к категории вымерших (Extinct) и около 230 видов находятся сейчас под критической угрозой исчезновения (Critically Endangered). Среди вымерших видов преобладают островные формы (94%). Больше всего вымерло птиц на островах Океании, Карибского моря и Гавайях. В соответствии с указанными списками в коллекции ЗИН РАН на сегодняшний день выявлено 39 экземпляров вымерших птиц 15 видов, из которых 4 вида являются островными. Со времени написания последней сводки (Нейфельдт, 1978), в которой для коллекции ЗИН РАН указывалось 11 видов вымерших птиц, произошло заметное увеличение их числа за счет отнесения некоторых видов к категории «вымерший» или изменения таксономического статуса. Изначально большинство экземпляров, относящихся теперь к вымершим видам птиц, демонстрировалось в экспозиции Зоологического музея. Позднее почти все вымершие виды были переведены в фондовую коллекцию для обеспечения лучших условий хранения.

Наибольшее число из имеющихся в ЗИН РАН вымерших птиц (14 экземпляров 6 видов) было собрано немецким натуралистом, художником и философом Ф. Киттлицем (F. H. von Kittlitz (1799–1874)), который занимал пост в Императорской академии наук и в 1826–1829 гг. совершил кругосветное путешествие на российском шлюпе «Сенявин» в качестве зоолога. В 1830 г. 734 экземпляра птиц было передано в Академию наук Киттлицем, который занимался их обработкой и описал ряд новых видов. Небольшая часть этих птиц, включая типовые экземпляры и впоследствии вымершие виды, попала по обмену в разные музеи Европы. Все вымершие виды птиц из сборов Киттлица являются островными формами. Исключительную редкость представляют хорошо сохранившиеся, единственные в мире, два типовых экземпляра вымершего нелетающего пастушка *Zapornia monaza* (Kittlitz, 1858), обитавшего на о. Кусаие из группы Каролинских островов. Только в двух музеях мира есть скворец вороний аплонис *Aplonis corvina* (Kittlitz, 1833), из которых три экземпляра высокого качества хранятся в ЗИН РАН. Здесь же находятся два очень редких экземпляра бонинского земляного дрозда *Zoothera terrestris* (Kittlitz, 1830), имеющегося еще только в трех европейских музеях. Большую редкость представляет один из четырех сохранившихся в мире экземпляров бонинского голубя *Columba versicolor* (Kittlitz, 1832). Сравнительно недавно (1983 г.) была признана вымершей гуамская мухоловка *Myiagra freicineti* (Oustalet, 1881), три экземпляра которой из сборов Киттлица оказались в фондовой коллекции ЗИН РАН. Всего в мировых коллекциях имеется шесть стеллеровых бакланов *Urile perspicillatus* (Pallas, 1811), из числа которых два экземпляра наилучшего качества и сохранности находятся в ЗИН РАН. Чучело мадагаскарской кукушки Делаланда *Coua delalandei* (Temminck, 1827) отличной сохранности – один из четырнадцати оставшихся в мире экземпляров. Еще восемь вымерших видов птиц не столь редки в музейных собраниях. Кроме того, в коллекции имеется ряд скорее всего уже вымерших видов птиц, которые пока формально имеют статус находящихся под угрозой исчезновения.

Генетическое своеобразие кавказского благородного оленя *Cervus elaphus maral* по данным полиморфизма митохондриального гена цитохрома *b* и микросателлитных локусов ядерной ДНК

О.С. Голосова¹, М.В. Холодова¹, С.А. Трепет², А.С. Мурадов³

¹Институт проблем экологии и эволюции им. А. Н. Северцова РАН, Москва.

E-mail: golosova95@yandex.ru

²Кавказский государственный природный биосферный заповедник им. Х.Г. Шапошникова, Сочи.

³Илисуйский Государственный Природный Заповедник, Гах, Республика Азербайджан.

Внутривидовая структура европейского благородного оленя (*Cervus elaphus*, Linnaeus, 1758) отражает сильное влияние последнего оледенения, во времена которого вид сохранялся в нескольких рефугиумах. На данный момент описано пять митохондриальных линий (А–Е), чье современное распространение частично отражает естественное расселение вида по европейской части континента после окончания оледенения. На территории России обитает два подвида европейского благородного оленя: завезенный в середине XIX в. воронежский благородный олень, номинально относящийся к подвиду *C.e. hippelaphus*, и кавказский благородный олень *C.e. maral*, образующий автохтонную популяцию Кавказа. Последний представляет большой интерес ввиду отсутствия генетических данных о его структуре и положении относительно других популяций европейского благородного оленя. На данный момент подвид сохранил очаговый ареал, приуроченный к горнолесным местообитаниям ООПГ. Известно, что масштабная реинтродукция благородного оленя на Кавказе во второй половине XX в. проводилась как за счет местного благородного оленя из Кавказского заповедника, так и за счет других европейских благородных оленей, в том числе воронежского. Кроме того, воронежский олень был расселен в Краснодарском крае, что могло привести к его естественной интродукции в кавказскую популяцию. Целью нашей работы стало описание генетического своеобразия кавказского благородного оленя на основании данных анализа полиморфизма фрагмента митохондриального гена цитохрома *b* (1104 п.н.) и 8–11 микросателлитных локусов ядерной ДНК. Выборка кавказского оленя включала в себя как современные образцы из разных районов Кавказа (21 шт.), так и образцы первой половины XX в. из коллекций Зоологического музея МГУ (17 шт.). Для оценки возможной интрогрессии мы включили в анализ 33 образца воронежского благородного оленя. Анализ по гену цитохрома *b* показал отсутствие общих гаплотипов у кавказского и воронежского оленей. Была выявлена неоднородность, присущая благородному оленю Кавказа: часть гаплотипов (современных из Адыгеи, Дагестана, Осетии, Азербайджана и первой половины XX в. из Кавказского заповедника) образовали одну гаплогруппу (Е) с гаплотипами воронежского оленя, тогда как современные гаплотипы из Кавказского заповедника, Карачаево-Черкессии и Осетии образовали обособленную гаплогруппу (D) вместе с гаплотипами реликтового итальянского подвида – оленя Мезолы *C. e. italicus*. Один из современных гаплотипов из Кавказского заповедника оказался близок гаплотипам митохондриальной линии В, к которой относятся благородные олени Корсики и Сардинии. Не было выявлено близких гаплотипов у оленей из исследуемой выборки (Северного Кавказа и Закавказья) и оленей Турции и Ирана, также относящихся к *C. e. maral*. Микросателлитный анализ показал отсутствие следов интрогрессии воронежского оленя в исследуемой выборке кавказского оленя. Генетическая *Fst* дифференциация между выборками кавказского и воронежского оленей была равна 0.087 ($p < 0.001$). Таким образом, микросателлитный анализ не показал следов генетического смешения между двумя подвидами. Однако неоднородность, выявленная с помощью митохондриального анализа, может как отражать естественную структуру подвида, так и быть результатом интрогрессии воронежского оленя в кавказскую популяцию.

Комплексное использование зоологических и цитологических коллекционных материалов в решении вопросов фауногенеза полужесткокрылых семейства Tingidae (Heteroptera) Западного Кавказа

В.Б. Голуб¹, Н.В. Голуб^{1,2}, В.А. Соболева¹, Е.В. Аксёненко¹

¹Воронежский государственный университет, Воронеж.

E-mail: v.golub@inbox.ru

²Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

E-mail: nvgolub@mail.ru

Все известные с Северо-Западного Кавказа 63 аборигенных и два инвазивных североамериканских вида клопов-кружевниц (Heteroptera, Tingidae) представлены в коллекции Зоологического института РАН (ЗИН). Из них 15 видов кариотипированы; цитогенетические препараты хранятся в коллекционном фонде ЗИН. На основе комплексного использования морфологических и кариологических признаков можно констатировать формирование на Северо-Западном Кавказе, относящемуся в зоогеографическом отношении к центральной части Палеарктики, нескольких фауногенетически различающихся групп таксонов видового и родового рангов. При этом обе трибы подсемейства Tinginae, Acalyptaini и Tingini, характеризующиеся разными хромосомными механизмами определения пола ($2n = 12A + X(0)$ и $2n = 12A + XY$, соответственно), демонстрируют большое разнообразие типов ареалов видов по широтному и долготному принципам. Проведен зоогеографический анализ таксонов видового и родового рангов, обитающих на рассматриваемой территории. Рассчитано соотношение числа видов с различными типами ареалов в группах с разными хромосомными механизмами определения пола и различной локализацией сайтов генов 18S рРНК. Рассмотрены высотно-поясное распределение и приуроченность к разным ярусам растительности таксонов с учетом их хромосомного типа определения пола. На основании результатов проведенного комплексного зоогеографического, высотно-поясного и экологического анализа с использованием коллекционных материалов объектов исследования и их кариологических и цитогенетических особенностей сделаны предварительные выводы об источниках формирования генетически разнородной фауны Tingidae Северо-Западного Кавказа. Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта РНФ (№ 22-24-00556).

**Видовой состав и хромосомная изменчивость малярийных комаров
рода *Anopheles* (Diptera, Culicidae) северной таежной зоны Палеарктики**

М.И. Гордеев, А.В. Москаев, Е.Ю. Ли, В.И. Панов
Государственный университет просвещения, Московская обл., Мытищи.
E-mail: mi.gordeev@mgou.ru

В условиях потепления климата происходят значительные изменения фауны малярийных комаров рода *Anopheles* (Diptera, Culicidae) в таежной зоне Палеарктики. Изучение коллекционного материала – личинок комаров, собранных на территории Республики Карелии, Вологодской и Архангельской областей, Республики Коми, в ряде регионов Западной Сибири, позволило установить смещение на север границ ареалов ряда криптических видов малярийных комаров. Продвинулись на север таежной зоны виды *Anopheles daciae* Linton, Nicolescu & Harbach, 2004 и *An. maculipennis* Meigen, 1818. Впервые обнаружены комары *An. beklemishevi* Stegny, Kabanova, 1976 севернее 65 параллели, у Полярного круга (оз. Нигрозера, на границе Карелии и Мурманской области). Изменилась относительная численность (индексы доминирования) видов-двойников в зонах симпатрии. На юге Западной Сибири *An. daciae* вытесняет *An. beklemishevi* и *An. messeae* Falleroni, 1926. Произошла перестройка кариотипической структуры популяций хромосомно полиморфного вида *An. messeae*. Выявлено снижение частоты преобладающих на севере таежной зоны инверсий 2R1 и 3R1.

Данные по видовому и хромосомному составу малярийных комаров таежной зоны Палеарктики были получены в результате цитогенетической и молекулярно-генетической диагностики криптических видов малярийных комаров. Проведение генетических исследований предусматривает особые требования к сбору, фиксации и хранению коллекционного материала. Для цитогенетического анализа личинок 4-го возраста малярийных комаров фиксировали в спирт-уксусной смеси (3 части этанола 100%; 1 часть ледяной уксусной кислоты 99.8%). Одновременно собирали и фиксировали в 70% этаноле. Обязательным является хранение выборок в полевых условиях при низких температурах (не выше +10°C). Исследование выполнено за счет гранта РНФ № 22-24-00183 «Хромосомный полиморфизм в популяциях видов-двойников малярийных комаров таежной зоны Евразии», <https://rscf.ru/project/22-24-00183/>.

Значение коллекций лабораторных культур для изучения взаимоотношений между близкими видами хальцидоидных наездников (Hymenoptera, Chalcidoidea)

В.Е. Гохман

Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва.

E-mail: vegokhman@hotmail.com

Хальцидоидные наездники, или хальциды, – одна из крупнейших, таксономически сложных и практически важных групп паразитических перепончатокрылых. Ныне описано около 23 тысяч видов хальцид, а общее их число, вероятно, составляет не менее полумиллиона. Многие из этих наездников паразитируют на вредителях сельского и лесного хозяйства, и, следовательно, могут иметь существенное экономическое значение.

Несмотря на насущную необходимость изучения морфологического, экологического и генетического разнообразия Chalcidoidea, данные исследования заметно осложняются специфическими трудностями их видовой систематики. С одной стороны, многие близкие виды хальцидоидных наездников чрезвычайно сходны между собой, а с другой, – для представителей этой группы, как и для других паразитических Hymenoptera, характерна существенная модификационная изменчивость. В подобной ситуации работы, проводимые на культурах хальцид, могут быть весьма важными, во-первых, для распознавания и описания близких видов, а, во-вторых, – для сравнительных исследований в разных областях биологии, выполняемых на указанном материале.

Прежде всего, в лабораторных условиях можно тщательно изучить репродуктивные отношения между родственными формами хальцидоидных наездников. Исследования подобных отношений, в частности, включают выяснение особенностей пре- и посткопуляционной изоляции между такими формами. Весьма ценной является возможность детального изучения жизненных циклов близких видов Chalcidoidea. В условиях лаборатории можно задать одинаковые условия внешней среды, в которых развиваются эти насекомые, что, как правило, позволяет считать генетически обусловленными все достоверные различия по плодовитости, продолжительности развития и другим компонентам жизненного цикла. Постоянная доступность живых особей хальцид из разных популяций существенно облегчает проведение сравнительных исследований в области генетики, в том числе по молекулярно-генетическим признакам и особенностям структуры кариотипа. При этом цитогенетические работы позволяют идентифицировать хромосомные перестройки, по которым различаются близкие виды хальцидоидных наездников, а филогенетические исследования, прежде всего основанные на анализе последовательностей ДНК, показывают направления подобных перестроек.

Все вышеизложенное подтверждается на примере некоторых групп надсемейства Chalcidoidea, изученных в лабораторных условиях. Так, с помощью хромосомного анализа удалось выяснить, что под названием *Anisopteromalus calandrae* (Howard, 1881) (Pteromalidae) скрываются два всеевропейских распространенных, но при этом репродуктивно изолированных вида, паразитирующих на жесткокрылых-вредителях продуктовых запасов, причем один из них, *A. quinarius* Gokhman et Baur, 2014, оказался новым для науки. Показано, что данные виды характеризуются альтернативными стратегиями жизненного цикла, которые соответствуют особенностям биологии предпочитаемых хозяев. Два других представителя птеромалид из комплекса *Lariophagus distinguendus* (Förster, 1841) по своей экологии и распространению сходны с предыдущими, однако могут гибридизировать в условиях лаборатории и различаются по специфическому хромосомному слиянию. Полногеномное секвенирование девяти видов *Aphelinus* Dalman, 1820 (Aphelinidae) в сочетании с изучением их хромосомных наборов и размера их геномов позволило определить направления эволюции кариотипа в ряде групп этого обширного рода. Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-24-00068.

Эволюция естественно-научной коллекции и ее роль в образовательном процессе

А.И. Гранович

Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург.

E-mail: a.granovich@spbu.ru

При обсуждении общей ценности музейных коллекций как правило недостаточно подчеркивается их значимость в качестве мощного образовательного компонента. С этим связаны и недостаточное использование их потенциала в учебном процессе, и отсутствующая до настоящего времени законодательная база, позволяющая использовать коллекции, обладающие «музейным» статусом в учебном процессе.

Двухсотлетняя история развития «зоологических» кафедр Императорского Санкт-Петербургского – Петроградского – Ленинградского – Санкт-Петербургского государственного университета позволяет проследить общие закономерности формирования и развития учебно-научных коллекций учебных заведений; выделить этапы формирования коллекций; проследить меняющиеся по мере развития науки и образовательных технологий функции таких коллекций; отметить появление у них новых, эмерджентных свойств. В целом – показать закономерность появления уникальных коллекционных собраний как эпифеномен деятельности естественнонаучных и учебных подразделений.

В качестве этапов формирования учебно-научных музейных коллекций предлагается выделить ступени их становления: от совокупности полевых сборов до Учебно-методического, научного и культурно-исторического комплекса.

**Состав и распространение представителей тропического семейства морских анемон
Aliciidae (Athozoa, Actiniaria), опасных для человека. По материалам
Российско-Вьетнамских экспедиций к берегам Вьетнама и архипелага Спратли**

С.Д. Гребельный¹, Н.Ю. Иванова¹, К. До Хыу² [Q. Do Huu]

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

E-mail: sgrebelnyi@gmail.com, actinia@zin.ru

²Вьетнамско-Российский исследовательский и технологический центр, Ханой.

E-mail: dhquyet@gmail.com, dhquyet@mail.ru

В докладе будут отражены новые данные о распространении, изменчивости поведении и опасности, которую представляют представители Aliciidae для рыбаков и ныряльщиков. Дан краткий обзор изучения этих малоизвестных морских анемон, которые из-за большой изменчивости и неприметного внешнего вида редко попадают в музейные коллекции и нечасто подвергаются таксономическому изучению. Из-за мощного развития стрекательного аппарата они представляют несомненную опасность для человека и наносят существенный вред туристскому бизнесу. Наши полевые наблюдения позволили дать новую оценку особенностям их поведения и предложить отличную от ранее распространенной интерпретацию их роли в морских прибрежных сообществах. Исследование выполнено в рамках государственной программы «Таксономия, биоразнообразие и экология беспозвоночных российских и прилежащих вод мирового океана, континентальных водоемов и увлажненных акваторий» (№ 122031100275-4).

Динамика числа видов *Dolichopodidae* (Diptera) в фауне Ирана: как скоро экспонента превратится в сигмоиду?

И.Я. Гричанов

Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Санкт-Петербург.

E-mail: grichanov@mail.ru

Первые мухи-зеленушки Ирана собраны во время экспедиций Н. Зарудного (Санкт-Петербург) 1898 и 1901 гг. в Хорасан, Керман, Систан и Белуджистан: 8 преимущественно галофильных видов определили Т. Беккер, П. Штайн (Becker, Stein, 1913). В течение следующего века страна не привлекала особого внимания диптерологов. Указаний было мало, и они опубликованы в нескольких статьях и обзорах таких известных ученых как А.А. Штакельберг (Ленинград) и О.П. Негроров (Воронеж). А среди сборщиков ими были указаны академик Е.Н. Павловский, дипломат Н.Н. Филиппов (под псевдонимом Женжурист), Ж. Сойка (Soika, Venice, Italy) и Л. Матиль (Matile, Paris, France). В результате к 2008 г., т.е. до начала регулярных сборов долихоподид иранскими студентами, аспирантами и исследователями, из Ирана было известно 24 вида (Grichanov, 2016). В последующие 8 лет было опубликовано около 40 статей, посвященных иранским *Dolichopodidae*, и к 2016 г. иранский список этих мух включал 114 видов, собранных в основном в северных провинциях. С 2017 г. сборы зеленушек охватили центральные и южные провинции страны, в т.ч. с использованием ловушек Малеза и Мёрике. Самый последний список содержал уже 171 вид из 29 родов, а иранская библиография – около 60 источников (Grichanov, Gilasian, 2023). К сожалению, для ряда видов не были указаны географические сведения и прочие этикеточные данные. Как показал наш опыт, некоторые сообщения о нахождении здесь европейских видов могут относиться к неправильно определенным афротропическим, ближневосточным и центральноазиатским или даже к новым для науки видам. Автору доклада посчастливилось обработать коллекцию долихоподид, недавно собранную сотрудниками Иранского института защиты растений (Тегеран), в том числе впервые собранных методами массового лова в мангровых лесах и соседних стациях на побережье Персидского и Оманского заливов Аравийского моря в 2021 и 2022 гг. Как результат совместной работы, описаны и частично опубликованы 17 новых видов, 1 новый род, а число обнаруженных в стране видов превысило 190 из 31 рода. Определенный материал и типы новых видов будут храниться в коллекциях Зоологического института РАН (Санкт-Петербург) и иранского Музея насекомых имени Айка Мирзаяна (Hayk Mirzayans Insect Museum, Тегеран). Предполагается, что общее число иранских видов может быть доведено до 400 или 500. Исследование выполнено при финансовой поддержке госзадания (№ FGEU-2022-0002).

Фауна многоножек-косянок (*Chilopoda, Lithobiomorpha*) Средней Азии и Казахстана

Ю.В. Дьячков

Алтайский государственный университет, Барнаул.

E-mail: dyachkov793@mail.ru

Средняя Азия – физико-географический регион, включающий территории Узбекистана, Туркменистана, Киргизии, Таджикистана и юга Казахстана (по Крыжановскому, 1965; с изм.). Фауну косянок рассматриваем в пределах административных границ перечисленных стран.

Многоножки-косянки (*Lithobiomorpha*) – один из отрядов губоногих многоножек (*Mugilopoda, Chilopoda*), насчитывающий около 1100 видов. Первые сведения о косянках Средней Азии датируются концом XIX века, когда были опубликованы работы А.В. Селиванова (1881), А. Троцина (1894, 1895) и Ф. Сильвестри (1895).

К настоящему времени в рассматриваемой фауне выявлено 49 видов, относящихся к 10 родам (*Australobius* Chamberlin, 1920, *Bothropolys* Wood, 1862, *Cermatobius* Haase, 1885, *Disphaerobius* Attems, 1926, *Dzhungaria* Farzalieva, Zaleskaja & Edgecombe, 2004, *Ghilaroviella* Zaleskaja, 1975, *Hessebius* Verhoeff, 1941, *Lamyctes* Meinert, 1868, *Lithobius* Leach, 1814 и *Schizotergitius* Verhoeff, 1930) и 3 семействам (*Anopsobiidae*, *Henicopidae* и *Lithobiidae*). Два монотипических рода (*Dzhungaria* и *Ghilaroviella*) и 31 вид известны только из рассматриваемого региона; 3 вида, по-видимому, интродуценты: *Lamyctes emarginatus* (Newport, 1844), *Lithobius crassipes* L. Koch, 1862 и *L. forficatus* (Linnaeus, 1758).

Семейство *Lithobiidae* представлено 45 видами, что составляет 91.84% фауны. В *Anopsobiidae* и *Henicopidae* отмечено по 2 вида (по 4.08%). Наиболее богаты видами роды *Lithobius* (30 видов, т.е. 61.22%) и *Hessebius* (8 видов, т.е. 16.33%). Количество видов в остальных родах варьирует от 1 до 3 (от 2.04% до 6.12% фауны).

Стоит отметить, что наши знания о косянках Средней Азии и Казахстана еще далеко не полны. Многие виды известны только по первоначальному описанию, из них 4 вида – по материалу только одного пола (*Lithobius icis* Zaleskaja, 1978, *L. juniperius* Zaleskaja, 1978, *L. vinciguerrae* Silvestri, 1895 и *Schizotergitius longiventris* Verhoeff, 1930); подродовой статус двух видов до сих пор не ясен (*Lithobius icis* и *L. vinciguerrae*). Кроме того, следует ожидать нахождения таксонов, известных с сопредельных территорий, а также новых для науки видов.

Материал по рассматриваемой фауне хранится в основном в коллекциях Алтайского государственного университета (Барнаул), Зоологического института РАН (Санкт-Петербург), Зоологического музея МГУ им. М.В. Ломоносова (Москва), Пермского государственного университета (Пермь), Костанайского государственного педагогического института (Казахстан), а также в музеях естественной истории в Берлине и Мюнхене (Германия), Будапеште (Венгрия), Вене (Австрия) и Праге (Чехия). Исследование выполнено в рамках проекта FZMW-2023-0006 «Эндемичные, локальные и инвазивные членистоногие животные (*Arthropoda*) гор Южной Сибири и Центральной Азии: уникальный генофонд горячей точки биоразнообразия» Государственного задания Минобрнауки РФ.

Значение музейных экземпляров для решения проблем филогении и филогеографии сусликов Евразии

О.А. Ермаков, А.Ю. Иванов, С.А. Луконина
Пензенский государственный университет, Пенза.
E-mail: oaermakov@list.ru

Суслики – характерный элемент фауны степных сообществ, они играют важную роль в поддержании этих открытых ландшафтов. В Евразии суслики представлены 16 видами, относящимися к родам *Spermophilus* (14 видов) и *Urocitellus* (2 вида). В прошлом столетии эти грызуны были одними из основных сельскохозяйственных вредителей и важными резервуарами природно-очаговых зоонозных инфекций, что послужило причиной проведения масштабных истребительных работ, затронувших многие виды. В настоящее время из-за климатических изменений, сокращения пастбищной нагрузки и фрагментации местообитаний происходит существенное сокращение численности сусликов и редукция их ареалов, что позволяет говорить о снижении уровня биоразнообразия в этой группе и возможном исчезновении некоторых форм. Поэтому возрастает роль молекулярно-генетических исследований музейных экземпляров для прояснения вопросов филогении и филогеографии сусликов. При изучении сусликов Евразии, кроме фондов кафедры зоологии и экологии Пензенского госуниверситета, нами широко использовались экземпляры териологических коллекций Зоологического музея МГУ, Зоологического института РАН, Института систематики и экологии животных СО РАН, а также образцы «Коллекции тканей диких животных для генетических исследований» Института биологии развития РАН.

С использованием коллекционных ресурсов проведен баркодинг всех видов сусликов Евразии, показаны их митохондриальные филогенетические связи, определено влияние на них процесса гибридизации и интрогрессии, а также выявлены генетически дифференцированные формы, ранее считавшиеся конспецифическими (Ermakov et al., 2015). Определен подвидовой статус плейстоценового индигирского длиннохвостого суслика (*U. parryii glacialis*) и его родственные связи с современными беренгийскими сусликами Камчатки (Faerman et al., 2017). Исследована генетическая дифференциация и филогеография широкоареальных видов сусликов: алтайского длиннохвостого (*U. undulatus evermanni*), малого (*S. pygmaeus*), видового комплекса краснощеких сусликов (*S. erythrogenys* s.l.) (Simonov et al., 2017; Ermakov et al., 2018, 2023; Matrosova et al., 2019). В настоящее время музейные экземпляры сусликов используются нами для выявления роли рек как географических барьеров в генетической дифференциации и формообразовании рода *Spermophilus*. Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФ грант № 22-24-00913, <https://rscf.ru/project/22-24-00913/>.

Коллекции гистологических препаратов – цифровой информационный ресурс для образовательных и научных целей

О.В. Зайцева¹, А.А. Петров¹, С.А. Петров¹,
В.В. Старунов^{1,2}, Д.К. Обухов², Е.Е. Воронежская³
¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.
E-mail: ovzaitseva@inbox.ru

²Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург.

³Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН, Москва.

В докладе будут отражены особенности использования «Атласа по нейроморфологии животных», созданного на основе коллекций гистологических препаратов, хранящихся в нескольких научных Институтах и Университетах, для образовательных и научных целей. Эти препараты, как и любые другие образцы, представленные в зоологических музейных коллекциях, являются важным коллекционным материалом, требующим особых условий хранения и использования, поэтому оцифровке коллекционных образцов и созданию тематических баз данных уделяется большое внимание. В созданном на базе ЗИН РАН интерактивном Атласе оцифрован материал гистологических коллекций препаратов нервной системы представителей животных разных таксономических групп и географических зон России. Многие гистологические препараты созданы собственноручно классиками российской нейроморфологии и являются уникальными, другие получены с применением самых современных методов морфологического анализа. Представленная информация выстроена таким образом, что дает представление о разнообразии, эволюционных закономерностях и процессах развития мозга и сенсорных систем. Дается серия проекций разной плоскости резкости, а также 3D проекций. Для каждого препарата дается отсылка к методике его изготовления. Кроме этого, в Атласе представлены методы изучения нервной системы, характеристики групп животных, описаны процессы развития и эволюции нервной системы, дана рекомендуемая литература. Разработанная нами организация базы данных позволяет проводить направленный поиск по любому из разделов интереса: животному, методике, сенсорной системе и т.п. Особые разделы указывают на использование конкретных животных в качестве модельных объектов для нейробиологии, биологии развития, фармакологии и экотоксикологии. Описанные характеристики делают Атлас общедоступным информационным ресурсом, позволяющим исследовать уникальные образцы коллекционных гистологических препаратов. Фактическое наполнение и описанная организация оцифрованных данных позволяют использовать Атлас и собранные в нем коллекции гистологических препаратов в качестве дополнительного ресурса с качественной учебной и научной информацией для научных исследований и образовательного процесса самого разного уровня сложности. Хотя работа с Атласом еще полностью не завершена, он уже успешно используется в качестве дополнительного ресурса в Санкт-Петербургском государственном педиатрическом медицинском университете Минздрава России при чтении лекций и при проведении практических занятий по курсу "Гистологии и эмбриология" для студентов, в Национальном исследовательском Томском государственном университете при проведении Большого практикума по зоологии позвоночных и курса "Фундаментальная и прикладная биология" в разделе "Гистологическая техника", а также на кафедре цитологии и гистологии в Санкт-Петербургском государственном университете при чтении спецкурса по нервной системе. База данных коллекции гистологических препаратов создана при поддержке гранта РФФИ № 15-29-02650. Пополнение происходит за счет данных, полученных при выполнении работ по бюджетной теме Лаборатории эволюционной морфологии ЗИН РАН и, в частности, госзадания № 122031100281-5, а также поддержанных грантом РФФИ № 22-14-00375 от ИБР РАН.

Коллекция пуховых птенцов имматуронатных птиц в Зоологическом институте РАН

В.Ю. Ильяшенко

Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва.

E-mail: valpero53@gmail.com

Описания эмбрионального птерилогизиса, генераций пуха и перьев, разнообразия строения этих и других кожных дериватов у птенцов имматуронатных (незреловылупляющихся) представителей кукушкообразных, стрижеобразных, ракшеобразных, дятлообразных и воробьинообразных птиц обычно весьма малоинформативные, иногда противоречивые, неверные, а птенцы подавляющего большинства видов еще не описаны. Характеристики наружных покровов птенцов позволяют идентифицировать многие таксоны разного ранга и предлагать гипотезы родственных связей. Особый интерес в таксономических исследованиях представляют пуховые покровы, утратившие первоначальное адаптивное значение. Современная фототехника не позволяет оценить особенности топографии пуха на теле птенца. Проведение сравнительно-морфологического анализа покровов птенцов одного вида из разных частей ареала, а также особей разных таксонов возможно, главным образом, в коллекциях. Изучены птенцы 1088 видов имматуронатных птиц в 12 крупнейших зоологических музеях мира, в том числе России (Ильяшенко, 2015). Каждый вид, как правило, представлен одним, часто плохо сохранившимся, экземпляром. В России пуховые птенцы этой группы птиц, в основном из стран бывшего Советского Союза, хранятся только в коллекциях ЗИН РАН, БПИ ДВО РАН, Дальневосточного государственного университета и Зоомузея МГУ. В коллекции ЗИН РАН хранятся птенцы 169 видов. Из числа хранящихся в других хранилищах России отсутствуют птенцы 139 видов. Специально подчеркнуто, что птенцы 53 видов отсутствуют в коллекциях мира и еще не описаны.

Культуры протистов в изучении биоразнообразия и глобальной филогении эукариот

С.А. Карпов^{1,2,3}

¹ Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

² Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург.

³ НИИ Медицинской Микробиологии им. Н.П. Кашкина СЗГМУ, Санкт-Петербург.

E-mail: sakarpov4@gmail.com

Метагеномные исследования выявляют огромное генетическое разнообразие живых организмов, опережая бурными темпами число культивируемых видов. Между тем, без выделения и изучения культур протистов мы не сможем представить себе морфологическое разнообразие и распознавать эти организмы в природе. Пристальное изучение выделенных из природы новых изолятов позволяет открывать новые крупные группы протистов, соответствующие таксономическим рангам от типа до суперкластера. Чаще всего описание реальных организмов и переисследование их молекулярной филогении приводит к помещению их сиквенсов в ту или иную группировку из одних природных сиквенсов и дает новые представления о всей безымянной филогенетической ветви. Однако случается и обратный эффект, когда изучение культур новых организмов вынуждает нас к переисследованию баз данных природных сиквенсов, чтобы представить их распределение на планете и дополнить генетическое разнообразие эукариот. В сообщении приведены примеры тех и других исследований, которые позволяют решать вопросы не только морфологического и генетического разнообразия, но и уточнять природу общего предка таких крупных группировок, как Fungi, Metazoa, Rhodophyta, а также суперкластеров эукариот. Поддержан грантом РНФ 21-74-20089 и грантом Минобрнауки РФ № 075-15-2021-1069.

Интегративная таксономия паразитоидов сибирского шелкопряда – опасного вредителя хвойных лесов Северной Азии – с использованием вековых энтомологических коллекций

Н.И. Кириченко^{1,2}, А.А. Агеев³, С.А. Астапенко^{3,4}, А.Н. Головина³, Д.Р. Каспарян⁵, О.В. Кошелева⁶, Е.В. Целих⁵, А.В. Тимохов⁷, Е.В. Захаров⁸, С.А. Белокобыльский⁵

¹Институт леса им. В.Н. Сукачева СО РАН, Федеральный исследовательский центр «Красноярский научный центр СО РАН», Красноярск.

E-mail: nkirichenko@yahoo.com

²Сибирский федеральный университет, Красноярск.

³Филиал ФБУ ВНИИЛМ «Центр лесной пирологии», Красноярск.

⁴Филиал ФБУ «Рослесозащита» – Центр защиты леса Красноярского края, Красноярск.

⁵Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

⁶Всероссийский институт защиты растений, Санкт-Петербург-Пушкин.

⁷Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва.

⁸Центр геномики биоразнообразия, Университет Гуэлфа, Гуэлф, Онтарио, Канада.

Сибирский шелкопряд *Dendrolimus sibiricus* Tschetverikov, 1908 (Lepidoptera, Lasiocampidae) – один из важнейших массовых вредителей хвойных растений, вызывающий беспрецедентную гибель лесов в Северной Азии. По силе воздействия, экологическим и монетарным последствиям этот вид чешуекрылых справедливо считают вторым по значимости фактором гибели таежных лесов после лесных пожаров. Регуляция численности популяций сибирского шелкопряда входит в число важных задач современной науки и лесного хозяйства. Естественные враги и в первую очередь его паразитоиды – важный фактор контроля численности *D. sibiricus*. Знания о видовом разнообразии, распространении и обилии паразитоидов важны для понимания их роли в функционировании очагов шелкопряда.

Основываясь на свежесобранных и музейных образцах паразитоидов (740 экз.), выведенных из *D. sibiricus*, было исследовано таксономическое разнообразие двукрылых и перепончатокрылых насекомых, паразитирующих на яйцах, гусеницах и куколках вредителя. В работу были вовлечены экземпляры паразитоидов, выведенные из разных стадий развития шелкопряда в его современных очагах в Сибири (2018–2022 гг.), а также старые образцы (1905–1966 гг.), хранящиеся в энтомологических коллекциях Зоологического института РАН (Санкт-Петербург) и Института леса им. В.Н. Сукачева СО РАН (Красноярск). Для диагностики видов паразитоидов был использован интегративный подход, сочетающий в себе классический морфологический и современный молекулярно-генетический (ДНК-баркодирование) методы. Для старых образцов была применена технология секвенирования одиночных молекул в реальном времени (single molecule real time sequencing, или SMRT).

В результате в регионах Сибири было выявлено 16 видов паразитоидов, среди которых браконида *Meteorus versicolor* (Wesmael, 1835) впервые отмечен как паразитоид гусениц *D. sibiricus*. В азиатской части России на основе интегративной таксономии обосновано выделение нового подвида бракониды *Aleiodes esenbeckii* (Hartig, 1838) ssp. *dendrolimi* (Matsumura, 1926). Десять видов (1 вид мухи-тахины и 9 видов перепончатокрылых паразитоидов) секвенированы впервые, и их сиквенсы являются новыми для генетических баз данных BOLD и GenBank. Подготовлены видовые очерки, содержащие сведения о биологии видов, их распространении и разнообразии хозяев; для некоторых видов обобщены данные об уровне паразитизма, задокументированные в очагах *D. sibiricus* с середины прошлого века. На основе собственных сборов и литературных данных составлен наиболее полный список паразитоидов, выявленных на *D. sibiricus* в его обширном ареале в Северной Азии. Исследования поддержаны грантом РФФ (№ 22-16-00075).

Диагностика чужеродных видов дендрофильных насекомых на юге России на основе ДНК-баркодинга полевых образцов и изучения ранних энтомологических коллекций

Н.И. Кириченко^{1,2,3}, Н.Н. Карпун^{3,4}, Д.Л. Мусолин⁵

¹Институт леса им. В.Н. Сукачева СО РАН, Федеральный исследовательский центр «Красноярский научный центр СО РАН», Красноярск.

E-mail: nkirichenko@yahoo.com

²Сибирский федеральный университет, Красноярск.

³Санкт-Петербургский государственный лесотехнический университет имени С.М. Кирова, Санкт-Петербург.

⁴Федеральный исследовательский центр «Субтропический научный центр Российской академии наук», Сочи.

⁵Европейская и средиземноморская организация по карантину и защите растений, Париж, Франция.

Диагностика чужеродных видов, в особенности обнаруженных в регионах-реципиентах на преимагинальных стадиях, которые не поддаются точной морфологической идентификации, не представляется возможной без использования современных методов молекулярной генетики, в частности, ДНК-баркодинга. Энтомологические коллекции, собранные в прошлом и содержащие как идентифицированные и проверенные специалистами образцы, так и неразобранные сборы, представляют собой важный ресурс, который может быть вовлечен в исследования по выявлению чужеродных видов. Такие материалы в совокупности могут помочь датировать первые находки, установить инвазионные гаплотипы и внести понимание в изучение истории инвазии растительноядных насекомых.

Юг европейской части России – ворота для многих чужеродных видов, проникающих в страну в первую очередь в ходе хозяйственной деятельности человека, например, при интродукции растений-хозяев, случайном заносе с транспортом, грузами и т.п. Раннее выявление чужеродных видов насекомых-вредителей природных и декоративных насаждений крайне важно для оперативного принятия мер по защите растений и контролю дальнейшего распространения таких видов.

Нашим коллективом проводятся регулярные обследования древесных растений (в первую очередь декоративных, составляющих основу зеленого каркаса курортной зоны Черноморского побережья), а также ведутся работы с архивными образцами, хранящимися в государственных депозитариях и частных коллекциях, для молекулярно-генетической каталогизации и точной идентификации видов по генетическим маркерам. Благодаря таким подходам за последние два года на юге страны нами было выявлено 5 чужеродных видов из отрядов чешуекрылые (Lepidoptera) и полужесткокрылые (Hemiptera). Для них и ранее выявленных на юге европейской части России чужеродных насекомых-дендрофагов были получены ДНК-баркоды, разработаны реферируемые ДНК-библиотеки для быстрой и точной идентификации видов. Кроме практической значимости, нарабатываемые нами генетические материалы послужат важной основой для осуществления филогеографических исследований и изучения современных ареалов видов. Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 21-16-00050 «Формирование современных ареалов растительноядных насекомых-инвайдеров и их экофизиологические адаптации к условиям юга России» (<https://rscf.ru/project/21-16-00050/>).

ДНК-баркодинг карантинных дендрофильных видов насекомых из различных регионов Азии на основе ранних энтомологических коллекций

Н.И. Кириченко^{1,2}, С.Ю. Синев³, А.Ю. Матов³, С.В. Недошвина³,
М.Г. Волкович³, Н.Н. Карпун^{4,5}, Д.Л. Мусолин⁶

¹Институт леса им. В.Н. Сукачева СО РАН, Федеральный исследовательский центр
«Красноярский научный центр СО РАН», Красноярск.

E-mail: nkirichenko@yahoo.com

²Сибирский федеральный университет, Красноярск.

³Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

⁴Федеральный исследовательский центр «Субтропический научный центр Российской академии наук», Сочи.

⁵Санкт-Петербургский государственный лесотехнический университет
имени С.М. Кирова, Санкт-Петербург.

⁶Европейская и средиземноморская организация по карантину и защите растений,
Париж, Франция.

Карантинные виды насекомых – это виды, отсутствующие или ограниченно распространенные на территории той или иной страны, которые при проникновении на нее могут причинять значительный вред растениям и растительной продукции, приводя к существенным экологическим и экономическим потерям, и в отношении которых предпринимаются официальные меры борьбы.

Оперативная и точная идентификация чужеродных насекомых крайне важна для разработки мер по защите растений и реализации карантинных программ. Как правило, при экспансии чужеродные насекомые первоначально обнаруживаются на преимагинальных стадиях, диагностика которых по морфологии затруднительна, а в большинстве случаев и вовсе невозможна. Привлечение современных молекулярно-генетических методов (ДНК-баркодинга) позволяет успешно решать такие диагностические задачи. Вместе с тем, для точной идентификации видов очень важна разработка референсных (доверительных) ДНК-библиотек, основанных на секвенировании типовых образцов или образцов, достоверность определения которых подтверждена специалистами по морфологическим признакам.

Энтомологическая коллекция Зоологического института РАН (Санкт-Петербург) является крупнейшим в стране и одним из крупнейших в мире депозитарием образцов насекомых, в том числе типовых экземпляров, собранных в разные периоды времени в различных областях Земного шара. Немалую часть этой коллекции составляют сборы из Азии, в том числе из азиатской части России. Примечательно, что именно Азиатский континент является одним из основных доноров насекомых-вредителей лесного и сельского хозяйства для других стран и континентов.

Основываясь на сигнальных списках карантинных организмов Европейской и средиземноморской организации по карантину и защите растений, составлен перечень из примерно 80 карантинных видов насекомых (преимущественно чешуекрылых и жуков) из различных регионов Азии, который является предметом данной работы. В исследования вовлечены образцы из коллекции ЗИН РАН (в том числе типовые), собранные в течение XX и XXI вв. преимущественно в Восточной Азии. На основе их изучения в настоящее время создается референсная ДНК-библиотека, а также анализируются молекулярно-генетические признаки отдельных карантинных видов азиатского происхождения, в частности, сибирского шелкопряда *Dendrolimus sibiricus* Tschetverikov, 1908 (Lepidoptera, Lasiocampidae) и ясеневой изумрудной узкотелой златки *Agrilus planipennis* Fairmaire, 1888 (Coleoptera, Buprestidae) из разных географических популяций в пределах их современных ареалов. Исследования поддержаны грантом РНФ № 22-16-00075.

Использование материалов Зоологического музея МГУ при изучении систематики гладконосых рукокрылых (*Vespertilionoidea*, *Chiroptera*) Евразии

С.В. Крускоп^{1,2}, С.С. Жукова¹, А.А. Горбань³, А.П. Юзефович^{2,3}, Е.Н. Соловьева¹

¹Научно-исследовательский Зоологический музей МГУ, Москва.

E-mail: kruskop@zmmu.msu.ru

²Совместный Российско-Вьетнамский тропический научный и технологический центр, Ханой.

³Биологический факультет Московского государственного университета им. М.В. Ломоносова, Москва.

В настоящее время научная коллекция рукокрылых (*Chiroptera*), собранная в Зоологическом музее МГУ, является, по-видимому, наиболее представительной в России. В частности, благодаря многолетнему сотрудничеству с Российско-Вьетнамским тропическим центром, в ней собраны ваучерные экземпляры и пробы тканей, достаточно полно представляющие фауну рукокрылых материковой Юго-Восточной Азии. Это создает хорошую базу для проведения исследований по систематике и филогенетике ряда таксонов этого отряда, в частности, различных представителей надсем. *Vespertilionoidea*. Одним из направлений стало изучение филогенетических отношений настоящих нетопырей *Pipistrellus*. Благодаря анализу ДНК, полученной из сравнительно старого музейного образца, удалось установить систематическое положение своеобразного *P. stenopterus*, который оказался членом т.н. «восточной клады» рода *Pipistrellus*. Репрезентативная выборка материалов из Палеарктики и Юго-Восточной Азии позволила выявить парафилию *Pipistrellus* относительно широко признанных родов *Nyctalus* и *Glischropus* и вероятную необходимость его разбиения на несколько родов. Другие направления исследований касаются взаимоотношений в сложных комплексах близкородственных форм в родах *Myotis* и *Miniopterus*. Так, благодаря в первую очередь музейным материалам на нескольких ядерных маркерах подтвержден видовой статус *Myotis ater* относительно родственной *M. muricola*. У длиннокрылов *Miniopterus* выявлено несоответствие морфологической и генетической границы между *M. magnater* и *M. fuliginosus*, что может свидетельствовать о гибридизации между этими видами. В настоящее время начато изучение систематики трубконосов *Murina* связанное с обнаружением нового, еще не описанного вида. Исследования выполняются при финансовой поддержке гранта РФФИ (№ 22-24-00017).

**Изучение систематики и распространения трематод рода
Diplostomum von Nordmann, 1832 (Trematoda, Diplostomidae)
с помощью интегративных методов**

Д.И. Лебедева¹, Д.О. Зайцев²

¹Институт биологии Карельского научного центра РАН, Петрозаводск.
E-mail: daryal78@gmail.com

²Петрозаводский государственный университет, Петрозаводск.

Доклад отражает современные проблемы в изучении распространения, систематики и гостальной специфичности трематод рода *Diplostomum*, широко распространенных на территории Голарктики.

Виды рода *Diplostomum* – паразиты со сложным жизненным циклом, заканчивающие развитие в кишечнике рыбоядных птиц. Промежуточными хозяевами для них служат моллюски – лимнеиды и многие виды рыб. Однако идентификация видов *Diplostomum* spp. весьма затруднена на всех стадиях жизненного цикла паразита.

В докладе приводится краткий анализ развития систематики трематод этого рода, история возникновения необходимости использования интегративных методов и их становления, обзор результатов собственных исследований, проведенных с применением современных молекулярно-генетических методов. Исследованы как личиночные стадии паразитов, так и взрослые особи (мариты), что позволило расширить сведения об особенностях жизненного цикла некоторых видов, их промежуточных и окончательных хозяевах. Один из основных результатов работы – накопление материалов, в том числе микроскопических препаратов, для создания коллекции и базы данных по распространению гельминтов.

Подчеркивается значение в исследованиях коллекционного фиксированного материала из сборов сотрудников разных организаций (ИПЭЭ, ИБВВ, Институт озераведения, Иркутский университет). Исследование выполнено при финансовой поддержке средств федерального бюджета на выполнение государственного задания КарНЦ РАН (№ госрегистрации 122032100130-3).

Коллекция латентных яиц хищных ветвистоусых ракообразных как долгосрочный способ сохранения генетического материала

Л.Ф. Литвинчук

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

E-mail: larisalitvinchuk@yandex.ru

Представители надсемейства Polyphemoidea (Onychopoda, Cladocera) широко распространены в водоемах разного типа Голарктики. В последние десятилетия активно расселяются из Понто-Каспийского бассейна в водоемы Северной Европы и Северной Америки. Сохранению в водоеме в зимний период и расселению за пределы исходного ареала способствует наличие в жизненном цикле стадии зимующих или латентных яиц. Это гамогенетические яйца, формирующиеся в конце вегетационного сезона. После созревания в выводковой сумке самки они опускаются на дно водоема и находятся там до прогрева воды следующей весной. Латентные яйца покрыты плотной оболочкой золотистого оттенка, защищающей от неблагоприятных условий окружающей среды, таких как низкие температуры и невысокий уровень кислорода в иловых отложениях.

В результате эксперимента, начатого в июле 2000 г. и продолжающегося по настоящее время (при 8°C), по созданию и сохранению коллекций латентных яиц представителей рода *Bythotrephes* Leydig, 1860, собранных в водоемах Северо-Запада России, в том числе из озер Карелии, Верхне-Волжских водохранилищ и в тундровых водоемах Кольского полуострова, мне удалось установить, что:

1) Латентные яйца зеленого цвета с рыхлой непрозрачной оболочкой «дозревают» до старшей стадии с золотистой полупрозрачной оболочкой, через которую можно увидеть сформированного эмбриона;

2) Большая часть молодых животных родилась в начале первого для эксперимента вегетационного сезона из латентных яиц, собранных в июле-августе в популяциях *Bythotrephes* из водоемов Северо-Запада России (100%) и Кольского полуострова (72%);

3) Только из 35% латентных яиц, собранных в сентябре в водоемах Северо-Запада России, родились молодые животные в начале первого вегетационного сезона. Еще из части латентных яиц родилась молодь в течение 20 последующих лет. Примерно 30% оставшихся жизнеспособных яиц продолжают пребывать в эксперименте.

Таким образом, коллекции латентных яиц полифемид из различных водоемов можно в течение длительного времени сохранять с целью как изучения особенностей биологии различных видов, так и для получения материала для генетических исследований. Чтобы пополнять такие коллекции, необходимо собирать латентные яйца в водоемах умеренной зоны в осенние месяцы, а в арктических широтах этот период может включать и летние месяцы. Работа выполнена при поддержке Минобрнауки РФ (Гостема № 122031100274-7) и Госзадания «Фондовые коллекции Зоологического института».

Применение ДНК-штрихкодирования при изучении внутривидовой структуры ящерицы Линдгольма, *Darevskia lindholmi* (Sauria, Lacertidae)

С.А. Луконина¹, О.В. Кукушкин^{2,3}

¹Пензенский государственный университет, Пенза.

E-mail: LanochkaL@yandex.ru

²Карадагская научная станция им. Т.И. Вяземского – природный заповедник РАН – филиал Института биологии южных морей им. А.О. Ковалевского РАН, Феодосия.

³Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

ДНК-штрихкодирование (баркодирование) широко применяется для идентификации видов по коротким фрагментам ДНК. В качестве универсального штрихкода для всех групп животных используется фрагмент митохондриального гена первой субъединицы цитохромоксидазы (COI).

Ящерица Линдгольма, *Darevskia lindholmi* (Szczerbak, 1962) – единственный эндемик видового ранга среди пресмыкающихся фауны Крымского полуострова – широко распространена в его горной части и на многих участках является фоновым видом Настоящих ящериц (Кукушкин и др., 2021). Ранее, по данным анализа митохондриального гена цитохрома *b*, нами были выявлены три эволюционные линии *D. lindholmi* с почти не перекрывающимися ареалами, названия которых отражают особенности их географического распространения: Common («общая»), занимающая большую часть видового ареала, Central («центральная»), с ареалом в виде широкой полосы почти меридионального простираения в центральной части Крымских гор, и Southwestern («юго-западная»), узкоареальная, приуроченная к самой южной части Крыма (Kukushkin et al., 2021). Линия Central демонстрирует высокий уровень отличий (4.6%) от двух других, близких между собой линий *D. lindholmi*, т. е. генетическая дистанция близка к значениям, известным для населяющих Западный Кавказ видов комплекса *Darevskia (saxicola)*, хорошо дифференцирующихся по внешней морфологии (Доронин и др., 2013; Kukushkin et al., 2021).

Нами проведено ДНК-штрихкодирование 83 образцов *D. lindholmi* (Common – 50, Central – 20, Southwestern – 13). Уровень генетических отличий линии Central от Common и Southwestern составил $2.1 \pm 0.5\%$ (p-distance \pm SE), Common от Southwestern – $0.7 \pm 0.3\%$. В составе линии Common выявлено 9 гаплотипов, Central – 5, Southwestern – 3. Показатель гаплотипического разнообразия (h) равен, соответственно: 0.51, 0.46 и 0.44. При сравнении «митохондриальных» линий *D. lindholmi* с прочими видами комплекса *D. (saxicola)* наименьшая дистанция по маркеру COI ($3.1 \pm 0.6\%$) найдена между линией Southwestern и *D. braueri* (Méhely, 1909), наибольшая ($5.0 \pm 0.8\%$) – между линией Central и *D. saxicola* (Eversmann, 1834). Наименьшее значение генетической дистанции между кавказскими таксонами, как правило, превышает 3%. Исключение составляет уровень отличий *D. szczerbaki* (Lukina, 1963) от *D. saxicola* – $2.3 \pm 0.6\%$. Генетическая дистанция от 2 до 5% по COI принимается в качестве вероятного видового уровня отличий, хотя во многих группах животных «стандартный» межвидовой порог отличий сиквенсов существенно превышает данные значения (Hebert et al., 2003; Ma et al., 2022).

Результаты баркодинга *D. lindholmi* свидетельствуют в пользу таксономической самостоятельности ящериц центральной части Горного Крыма (линия Central), но окончательное решение вопроса об их таксономическом статусе (вид или подвид) возможно лишь с использованием интегративного подхода, включающего анализ ядерных маркеров, морфологической изменчивости и данных по экологии (Will et al., 2005). Работа О.В. Кукушкина выполнена в рамках научных тем Госзаданий № 121032300023-7 и № 122031100282-2, с частичным использованием ресурса УНУ ГПЗ «Карадагский».

Информационная система для работы с коллекцией паразитов рыб Мирового океана ФИЦ ИнБЮМ

А.М. Лях, Е.В. Дмитриева
Федеральный исследовательский центр
«Институт биологии южных морей имени А.О. Ковалевского РАН», Севастополь.
E-mail: me@antonlyakh.ru

В отделе паразитологической экологии ФИЦ ИнБЮМ разработана информационная система для работы с коллекцией паразитов рыб Мирового океана (collections.marine-research.ru/fishparasites).

Коллекция представляет собой сборы паразитов рыб из Черного, Азовского, Средиземного и Южно-Китайского морей следующих высших таксонов: Muxosporaea, Monogenea, Trematoda, Cestoda, Acanthocephala и Nematoda. Информационная система обеспечивает интерфейс для хранения и доступа к сведениям о коллекционных сборах. На текущий момент (начало мая 2023 года) коллекционная база данных содержит описание 1399 препаратов с представителями 174 паразитических видов, из которых 88 видов представлены типовыми экземплярами: 40 голотипами, 40 паратипами и 8 синтипам.

Информационная система выводит данные как о видах паразитов, так и о видах хозяев. На странице с описанием вида хозяина перечислены его паразиты. Страница с описанием вида паразита содержит более обширные сведения. Она включает традиционные данные о систематическом положении вида и его синонимах, описание и изображения морфологических структур представителей вида. Здесь же перечислены номера коллекционных экземпляров представителей вида и краткие данные о коллекционных экземплярах, а также публикации, где упоминается данный вид, район обитания и хозяев вида-паразита. Каждому коллекционному экземпляру присвоен осмысленный уникальный номер. Номер позволяет выяснить таксономическую группу, к которой относится экземпляр, его типовой статус и количество образцов указанного типа на препарате. По совокупности номеров можно выбрать экземпляры одного вида и определить номера препаратов, где они расположены. Таким образом, пользователь не теряется в потоке информации, а планомерно переходит от описаний видов-паразитов к их хозяевам, от коллекционных образцов к изображениям и диагнозам видов, публикациям, и обратно.

Помимо классических коллекционных особей, используемых для морфологического анализа, коллекция содержит ваучерные особи, которые применялись для секвенирования ДНК (гологенофоры). Данные о последовательностях нуклеотидов размещены в ГенБанке, а полученные номера последовательностей продублированы на страницах с описанием видов.

Работа выполнена в рамках государственного задания ФИЦ ИнБЮМ по теме «Закономерности формирования и антропогенная трансформация биоразнообразия и биоресурсов Азово-Черноморского бассейна и других районов Мирового океана» (гос. регистрационный № 121030100028-0).

**Коллекция Иоганнеса Фрича (Fritsch, Johannes) в Музее Мирового океана и
Музее янтаря (Калининград)**

А.Р. Манукян¹, Н.В. Мартынович², А.В. Смирнова¹

¹Калининградский Музей янтаря, Калининград.

E-mail: manukyan@list.ru

²Музей Мирового океана, Калининград.

Включения ископаемых насекомых в балтийском янтаре возрастом $37.2 \pm 0.1 - 33.9 \pm 0.1$ млн лет имеют важное значение для познания путей формирования современной энтомофауны. Коллекция насекомых в янтаре Иоганнеса Фрича (Fritsch, Johannes, Голдап, Германия, ныне Польша) насчитывала более 10 тыс. ископаемых организмов. Это одно из наиболее значимых частных палеоэнтомологических собраний начала XX века наряду с коллекциями Рихарда Клебса (Klebs, Richard), Отто Хельма (Helm, Otto) и Адольфа Баховена-Эхта (Bachofen-Echt, Adolf). На материалах коллекции базировались работы ведущих европейских и американских систематиков (Priesner 1924; Handschin 1926; Priesner 1929; Enderlein 1930; Alexander 1931; Brues 1933; Sidorchuk, Norton 2010; Sidorchuk, Norton 2011a,b и др.). В коллекции Фрича хранились типовые материалы таксонов, описанных почти из всех крупных отрядов насекомых: Collembola, Neuroptera (Coniopterygidae), Thysanoptera, Coleoptera (Carabidae), Hymenoptera (Braconidae, Aulacidae, Evaniidae, Megalyridae, Bethyridae, Chrysididae) и Diptera (Tipulidae, Limoniidae). В настоящее время сохранилась лишь часть коллекции, которая хранится в двух калининградских музеях: Музее Мирового океана (около 1150 артропод в 846 камнях) и Музее янтаря (102 камня); еще около 15 камней находятся в частных собраниях. В докладе дан таксономический обзор сохранившихся материалов коллекции. Особое внимание уделяется консервации, перспективам поиска и аутентификации типовых материалов, в первую очередь перепончатокрылых насекомых сем. Braconidae, Aulacidae и Megalyridae.

**Митохондриальный геном типового экземпляра
краснощекого суслика *Spermophilus erythrogenus* Brandt, 1841**

В.А. Матросова¹, Е.П. Симонов², Ф.Н. Голенищев³, А.Д. Иванова¹, О.А. Ермаков⁴

¹Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта РАН, Москва.

E-mail: v.matrosova@gmail.com

²Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва.

³Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

⁴Пензенский государственный университет, Пенза.

Секвенирование типовых экземпляров – необходимое условие для решения спорных в номенклатурном отношении вопросов. Для видового комплекса краснощеких сусликов (*Spermophilus erythrogenus* s.l.) характерна значительная морфологическая дифференциация, поэтому их рассматривали либо в качестве нескольких самостоятельных видов, либо включали в состав полиморфного вида в ранге подвидов. Ранее на основе секвенирования гена цитохрома *b* видовой статус был установлен для бледнохвостого *S. pallidicauda*, короткохвостого *S. brevicauda* и типичного краснощекого *S. erythrogenus* сусликов (Harrison et al., 2003; Helgen et al., 2009). Ареал последнего вида занимает территорию от Кулундинской степи на западе до Кузнецкой степи на востоке и разделен рекой Обь на лево- и правобережную части. Между популяциями *S. erythrogenus*, населяющими разные берега Оби, нами обнаружены значительные генетические различия в строении фрагмента контрольного региона мтДНК (Ivanova et al., 2014) и по ДНК-баркодингу гена COI (*p*-distance более 3%), что позволило предположить обитание на правом берегу Оби не типичного краснощекого суслика, а отдельной формы потенциально видового ранга (Ермаков et al., 2015). В связи с тем, что место описания типичного краснощекого суслика обозначено как «окрестности Барнаула», расположенного на берегу Оби, возникла номенклатурная проблема – к каким сусликам (право- или левобережным) относится название «*S. erythrogenus*».

В качестве генетических референсов исследованы два музейных экземпляра: неотип *S. erythrogenus*, номер в коллекции ЗИН РАН 4145 (собран в 1842 г. Ф. Геблером, окрестности г. Барнаул) и экземпляр коллекции ИСиЭЖ РАН №18828 (собран в 1965 г. в с. Конево, Новосибирская область, правый берег Оби). Геномные библиотеки подготовлены без этапа фрагментации с использованием набора NEBNext Ultra II DNA Library Prep Kit, чтение проведено на платформе Illumina NovaSeq6000 в два конца (150 п.н.), получены и проаннотированы полные митохондриальные геномы.

Для сравнения использовали выборки краснощеких сусликов с двух берегов Оби. Сиквенс цитохрома *b* типового экземпляра краснощекого суслика оказался идентичен сусликам, обитающим в окрестностях Барнаула и Рубцовска, либо отличался единичными заменами от других левобережных экземпляров. Таким образом, доказано, что название *S. erythrogenus* s.s. принадлежит краснощекому суслику, обитающему в Кулундинской степи междуречья Иртыша и Оби. Исследование выполнено при финансовой поддержке РНФ грант № 22-24-01070.

Фондовые коллекции паразитических членистоногих Зоологического института РАН

С.Г. Медведев

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

E-mail: smedvedev@zin.ru

Лаборатория по изучению паразитических членистоногих (первоначально лаборатория паразитологии) Зоологического института РАН была создана в 1930 г. по инициативе академика Е.Н. Павловского. Основные задачи лаборатории – исследования особенностей морфологии, экологии, систематики и фауны паразитических членистоногих. Актуальность таких фундаментальных исследований определяется тем, что кровососущие клещи и насекомые служат резервуарами и переносчиками возбудителей многих опаснейших инфекций, из которых для России наиболее актуальны клещевой энцефалит, болезнь Лайма, Крым-Конго геморрагическая лихорадка, чума, туляремия, риккетсиозы.

В лаборатории находится одна из крупнейших в мире коллекций, насчитывающая более 240000 экземпляров паразитических членистоногих. В частности, в коллекции представлены материалы по более чем 4000 видам 900 родов иксодовых, гамазовых, краснотелковых, волосяных, перьевых, различных почвенных клещей, а также вшам, пухоедам, блохам, мокрецам, мошкам и комарам. Коллекция создавалась несколькими поколениями специалистов на протяжении всего прошлого века. Она включает материалы по фауне Евразии – Европы, России (включая Сибирь и Дальний Восток), Казахстана, Средней Азии, Китая и Вьетнама. В ней представлены также материалы по фауне Южной и Центральной Америки, и Африки. Коллекционные фонды содержат уникальные материалы видов, собранных, определенных и описанных пионерами исследований паразитических членистоногих, начиная с конца XIX – начала XX века. В коллекции представлены 2664 типовых экземпляров 1048 видов. В целом же в коллекции представлены 5 из 5 отрядов, 131 из 297 семейств, 1064 из 3058 родов и 5142 из 30046 видов паразитических членистоногих. Виды – переносчики трансмиссивных инфекций человека, достаточно полно представлены сборами из различных регионов, что важно для тех из них, которые отличаются обширными ареалами. Эти же виды фауны России и сопредельных стран представлены в коллекции всеми активными фазами развития.

По материалам фондовой коллекции паразитических членистоногих описано более 1000 новых видов и 30 новых родов паразитических членистоногих фауны различных континентов. На примере различных групп паразитических клещей установлены особенности возникновения постоянного паразитизма и коэволюционных отношений с хозяевами. Получены новые данные о морфологическом и таксономическом разнообразии, филогении и паразито-хозяйных отношениях основных групп акариформных и паразитиформных клещей, насекомых отряда блох, а также кровососущих мошек и комаров. Опубликованы ключи для определения видов.

За 85 лет своего существования сотрудниками лаборатории (22 человека) было опубликовано более 50 монографий, включая 40 томов фундаментальных сводок серии «Фауна СССР», «Определители по фауне СССР» и «Фауна России». С 2005 г. исследования проводились в рамках девяти тем РАН и Минобрнауки, при поддержке 48 грантов РФФИ и РНФ. Исследование выполнено при финансовой поддержке Минобрнауки РФ, проект: «Разработка современных основ систематики и филогенетики паразитических и кровососущих членистоногих» (Гос. регистрационный номер 122031100263-1).

Видовая идентификация и генетическая изменчивость популяций малярийных комаров Белорусского и Российского Полесья

А.В. Москаев¹, М.И. Гордеев¹, Е.Ю. Ли¹, В.И. Панов¹, Д.Н. Логинов², Б.В. Андрианов³,
А.Г. Бега¹, А.А. Бекбаева¹, А.Д. Антипова¹, И.И. Горячева^{1,3}

¹Государственный университет просвещения, Московская обл., Мытищи.

E-mail: av.moskaev@mgou.ru

²ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам», Минск.

³Институт общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН, Москва.

В последнее время развитие методологических подходов позволило существенно пересмотреть наши представления о виде. Были выделены целые комплексы видов со сложной идентификацией. Появились такие понятия, как виды-двойники, криптические виды и гомосеквентные виды. У изучаемых в работе комаров рода *Anopheles* (Diptera, Culicidae) были выявлены виды, морфологически идентичные и имеющие перекрывающуюся инверсионную изменчивость. В связи с этим, для видовой идентификации малярийных комаров Белорусского и Российского Полесья были использованы морфологические, цитогенетические и молекулярно-генетические методы. На территории Полесья были выявлены шесть видов комаров рода *Anopheles*: *An. atroparvus* Van Theil, 1927; *An. daciae* Linton, Nicolescu et Harbach, 2004; *An. claviger* Meigen, 1804; *An. maculipennis* Meigen, 1818; *An. messeae* Falleroni, 1926; *An. plumbeus* Stephens, 1828. Выборки личинок малярийных комаров IV возраста были собраны из 19 местообитаний Российского и Белорусского Полесья и сопредельных с ним территорий. Определены кариотипы более 2000 особей. В результате цитогенетического анализа установлено, что на всей территории Белорусского и Российского Полесья доминирующим видом является *An. messeae*. В результате молекулярно-генетического анализа фрагмента ITS2 рибосомальной ДНК у 85 особей *An. messeae* s. l. было диагностировано 2 криптических вида с перекрывающимся полиморфизмом: *An. messeae* s. s. и *An. daciae*. В настоящем исследовании *An. daciae* зарегистрирован впервые для фауны Республики Беларусь. В популяциях *An. messeae* s. l. выявлен хромосомный полиморфизм по ряду инверсионных вариантов половой хромосомы и аутосом: XL₀, XL₁, XL₄, 2R₀, 2R₁, 3R₀, 3R₁, 3L₀, 3L₁. Все перечисленные инверсионные последовательности встречаются в гетеро- и гомозиготном состоянии. В популяции г. Минска нами обнаружена гетерозигота по новой уникальной инверсии 3L₀₇ (33b-36b). Видовая идентификация с применением молекулярно-генетических маркеров для выборок, собранных в предыдущие периоды, возможна лишь при использовании коллекций, образцов, проанализированных морфологически и цитогенетически. После морфологической диагностики каждая особь разделяется на два фрагмента, помещаемых в пробирки: брюшные сегменты в 70% этанол для молекулярно-генетического анализа, а голова и грудь – в фиксатор Кларка для определения хромосомной изменчивости. Полученные препараты политенных хромосом кариотипируют, и образцы с редкими, эндемичными и уникальными инверсиями фиксируют для длительного хранения. Каталогизированные образцы хранятся на кафедре общей биологии и биоэкологии факультета естественных наук ГУП и в лаборатории экспериментальной биологии и биотехнологии. Стоит отметить, что для получения качественного препарата политенных хромосом особое значение имеют условия хранения личинок и имаго до проведения камеральных исследований. При длительных экспедиционных работах следует использовать компрессорные автомобильные морозильные камеры. Кроме непосредственного хранения это позволяет фиксировать выборку в полевых условиях в растворе с отрицательной температурой. Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ и БРФФИ в рамках научного проекта № 20-54-04017.

Остеологические коллекции из археологических памятников Дальнего Востока России как основа для изучения становления животноводства в регионе в период неолитической эпохи до средних веков

В.Е. Омелько¹, Е.А. Сергушева², А.В. Недолужко³, М.П. Тиунов¹

¹Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН, Владивосток.

²Институт истории, археологии и этнографии народов Дальнего Востока ДВО РАН, Владивосток.

³Европейский Университет в Санкт-Петербурге, Санкт-Петербург.
E-mail: valeriya.omelko@biosoil.ru

Дальний Восток России не так богат различными памятниками истории и культуры, как европейская часть, однако на территории Приморского края их известно более 2000. Количество археологических памятников на Дальнем Востоке России, на которых были собраны остеологические коллекции не так велико, что в первую очередь обусловлено особенностями почв и климата, которые не способствуют хорошей сохранности костных остатков в этом регионе. Наиболее представительные коллекции собраны: на 7 памятниках неолита 7000–3200 лет назад (руднинская, бойсманская, зайсановская культуры); на 10 памятниках палеометалла 2400–1700 лет назад (янковская, кроуновская, польцевская культуры); на 15 памятниках средних веков 1100–700 лет назад (государство Бохай, империя Цинь).

Полученные на основе этих коллекций данные свидетельствуют о том, что внедрение новых видов домашних животных в сельское хозяйство древних людей, населявших территорию современного Дальнего Востока России, происходило поэтапно. В неолите здесь появились собака и одомашненная свинья, в раннем средневековье (IV–VI вв. н.э.) – лошадь. Еще позже (X–XIV вв. н.э.) здесь активно разводили и использовали крупный рогатый скот. В это же время зарегистрированы верблюды, которых, по-видимому, здесь не разводили, и они попадали сюда с товарами по торговым путям. У населения империи Цинь появляется мелкий рогатый скот, который, однако, было проблематично разводить в муссонном климате.

Эволюция материальной культуры на территории современного российского Дальнего Востока шла неразрывно с развитием материальной культуры континентальных регионов Восточной Азии. Эта территория в силу своего расположения с одной стороны была окраиной государственных образований Восточной Азии, а с другой, именно это придавало ей преимущество в виде возможности морского сообщения с островными территориями и развития морского промысла. Таким образом, есть основания полагать, что достижения, в том числе сельскохозяйственные, доходили сюда с некоторым опозданием. В связи с этим, для более емкого понимания культурных и торговых связей необходимо сравнивать полученные данные с аналогичными данными с прилегающих территорий, в первую очередь, с территорий Северо-Восточного Китая.

Собранные на территории Дальнего Востока России остеологические коллекции нуждаются в более детальной систематизации, что в дальнейшем предоставит возможность планировать и проводить их междисциплинарные исследования с использованием таких классических и новейших методов, как археологические, остеологические, геномные, изотопные и хронологические. Данные работы позволят оценить источники и направленность культурного взаимодействия в этом регионе на протяжении длительного времени, смены эпох и культуры.

Вклад отечественной цитогенетики в разработку системы видов млекопитающих

В.Н. Орлов¹, Е.А. Ляпунова², М.И. Баскевич¹,
И.В. Картавцева³, В.М. Малыгин⁴, Н.Ш. Булатова¹

¹Институт проблем экологии и эволюции имени А.Н. Северцова РАН, Москва.

E-mail: bulatova.nina@gmail.com

²Институт биологии развития имени Н.К. Кольцова РАН, Москва.

³Биолого-почвенный институт Дальневосточного отделения РАН,
Владивосток. ⁴Биологический факультет Московского государственного университета
им. М.В. Ломоносова, Москва.

Использование цитогенетических методов во многом изменило систему видов млекопитающих, первоначально основанную исключительно на морфологических подходах. Начиная с 1960-х годов классический цитогенетический анализ и развитие методов дифференциальной окраски хромосом, а в дальнейшем молекулярно-цитогенетический анализ, последовательно повышали разрешающие уровни цитогенетической дифференциации для изучения вопросов реорганизации генома и видообразования на основе хромосомных перестроек. Одновременно создавались коллекции митотических и мейотических хромосом, на базе которых удалось показать, что многие виды, традиционно считавшиеся большими политипическими, представляют собой комплексы морфологически сходных, но генетически хорошо различимых и репродуктивно изолированных видов. Выявление криптических видов (скрытых видов-двойников) – необходимое звено в описании биологического разнообразия, и в то же время привлекает внимание к обсуждению на новом уровне концепций вида и видообразования.

Вклад отечественной цитогенетики в разработку хромосомных диагнозов и системы видов млекопитающих рассмотрен нами в обзоре, посвященном 50-летию Териологического общества при РАН. На материалах цитогенетических коллекций нескольких лабораторий с давней историей исследования хромосом млекопитающих проведен таксономический анализ большинства родов млекопитающих на территории бывшего Советского Союза в тесной кооперации и с использованием основных зоологических коллекций в нашей стране. В настоящее время применение молекулярно-цитогенетических методов (FISH) дает возможность установления гомологии больших сегментов генома, плеч хромосом и целых хромосом, а также выявления точечных признаков, обнаруживающих внутривидовую генетическую дифференциацию на хромосомах на уровне ДНК.

Для внутривидовой таксономии и микроэволюционных исследований крайне важно использование хромосомных перестроек как показателей гибридных нарушений, которые могут вести к возникновению репродуктивной изоляции, а также как критериев монофилетического происхождения групп популяций. При этом появляется возможность сопоставить фенотипическое сходство популяций и их родство и оценить роль прошлой эволюции вида в формировании его современной географической изменчивости. Совершенствование системы видов млекопитающих означает повышение качества оценки видового разнообразия в экосистемах, которое рассматривается как один из трех важнейших уровней биологического разнообразия. Работа выполнена в рамках Госзадания лаборатории эволюционной зоологии и генетики ФНЦ Биоразнообразия ДВО РАН № 121031500274-4 и Госзаданий ИБР РАН № ГЗ 0088-2021-0019 и ИПЭЭ РАН № FFER-2021-0003.

Селекционные линии крыс НИСАГ, МД и ГК, моделирующие заболевания человека: артериальную гипертонию, аудиогенную эпилепсию и кататонию

В.С. Плеканчук¹, М.А. Рязанова¹, Т.А. Алёхина¹, О.И. Прокудина¹, О.Е. Редина¹, А.Л. Маркель^{1,2}

¹Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики
СО РАН, Новосибирск.

²Новосибирский государственный университет, Новосибирск.
E-mail: lada9604@mail.ru

Животные модели – важный инструмент при изучении генетико-физиологических механизмов патогенеза заболеваний человека, и особую ценность представляют линии животных, созданные путем селекционного отбора на усиление патологического признака. В ИЦиГ СО РАН были созданы линии крыс НИСАГ с наследственной индуцированной стрессом артериальной гипертонией, линия ГК, моделирующая генетическую кататонию, и линия крыс МД с проявлением аудиогенной эпилепсии и стереотипиями.

Линия крыс НИСАГ была создана путем отбора по признаку повышения артериального давления в ответ на кратковременный (30 минут) рестрикционный стресс (Markel et al., 1999) и является оригинальной моделью стресс-чувствительной формы артериальной гипертонии. Характерная черта проявления заболевания у крыс НИСАГ – генетически детерминированная повышенная стресс-реактивность гипоталамо-гипофизарно-адренортикаральной и симпатно-адреналовой систем (Markel et al., 2007).

Крысы линии ГК были получены путём селекции на усиление пассивно-оборонительной реакции застывания (ступора) в ответ на слабый стрессирующий стимул (Kolpakov, 1990). На сегодняшний день для крыс ГК характерны как реакции застывания, так и психомоторное возбуждение, т.е. симптомы кататонии – синдрома, встречающегося при шизофрении, биполярных расстройствах, аутизме и других психопатологиях. Для крыс ГК показан дефицит претимпульного торможения стартл-рефлекса, что указывает на нарушение фильтрации сенсомоторной информации в ЦНС. Кроме того, у них наблюдаются отклонения в социальном поведении, более низкая скорость прохождения лабиринта Барнс и снижение исследовательского поведения.

При создании линии МД селекция велась по признаку наличия особых стереотипных движений головы – раскачивания по принципу маятника (Kolpakov, 1996), что рассматривается как проявление кататонических реакций. Крысы МД имеют предрасположенность к судорогам, вызванным аудиогенными стимулами. У крыс МД повышена оборонительная агрессивность, что может подтверждать вероятную взаимосвязь судорожной предрасположенности и агрессивности.

Крысы линий НИСАГ, ГК и МД представляют собой модели для выявления этиопатогенеза заболеваний, для изучения природы коморбидных симптомов, а также для разработки новых подходов к лечению. Работа поддержана грантом РФФИ (№22-14-00082).

**Коллекция генетических клонов партеногенетической почвенной коллемболы
Parisotoma notabilis s.l. (Collembola, Isotomidae)**

М.Б. Потапов, А.В. Стрючкова
Московский педагогический государственный университет, Москва.
E-mail: astr2502@yandex.ru

Использование молекулярных методов позволило обнаружить большое генетическое разнообразие среди широко распространенных видов, в том числе партеногенетических. Это может создавать большую проблему для систематиков и экологов. Коллембол считают самыми многочисленными Hexapoda суши. Во многих природных и антропогенных местообитаниях Западной Палеарктики в сообществах коллембол преобладает *Parisotoma notabilis* (Schäffer, 1896). Как оказалось, *P. notabilis* представлен по меньшей мере шестью клонами. Средние генетические дистанции между этими OTU (операционные таксономические единицы) по гену COI (15–18%) соответствуют уровню межвидовой дивергенции у коллембол (16–25%). Для трех генетических линий обнаружены различные предпочтения среды обитания.

На базе кафедры зоологии и экологии МПГУ организована коллекция ваучеров и соответствующей им ДНК для 694 особей из различных местообитаний в Европейской части России и 92 особей из Армении, Грузии и Азербайджана. Коллекция продолжает пополняться материалом из Сибири и Дальнего Востока. Полученные генетические данные (область штрих-кода COI и D3-D5 регион 28S) депонируются в базу GenBank, данные о находках генетических линий размещаются в международном Глобальном информационном фонде биоразнообразия (GBIF) в формате ‘sampling event dataset’.

Изучение морфологии линий не выявило каких-либо отличий, которые могут быть применимы в их определении на практике. Небольшие отличия были найдены лишь у линии L1 (Потапов, 2022). Возможно, в экологических исследованиях не обойтись без молекулярных методов, т.к. морфологических признаков недостаточно для различений OTU. Разное распределение OTU в градиентах нарушения среды, по-видимому, отражает процесс экологического видообразования в пределах данного таксона. С учетом больших генетических дистанций между OTU *P. notabilis* s.l. предстает скорее комплексом криптических видов, чем генетически полиморфным видом. Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта РНФ (№ 22-24-00984).

Получение ДНК эндосимбиотических бактерий из коллекционных образцов насекомых различных групп

А.С. Рябинин^{1,2}, Р.А. Быков¹, Ю.Ю. Илинский¹

¹Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск.

²Институт систематики и экологии животных СО РАН, Новосибирск.

E-mail: art@bionet.nsc.ru

Микробное сообщество играет ключевую роль в физиологии насекомых и затрагивает практически все аспекты жизнедеятельности организма хозяина, в частности, может влиять на восприимчивость насекомых к инфекциям, а также принимать участие в формировании резистентности к инсектицидам различной природы. При этом взаимодействие между патогенными микроорганизмами, эндосимбиотическими бактериями и организмом хозяина может носить как положительный, так пагубный характер для последнего. До настоящего времени многие факторы данных взаимодействий остаются малоизученными. Первым шагом к пониманию этих механизмов является получение качественного генетического материала микрофлоры организма насекомого с целью точной идентификации симбиотических бактерий и дальнейшего анализа структуры микробного сообщества в кишечнике насекомого. В докладе будут отражены проблемы, возникающие на данном этапе исследования и пути преодоления этих сложностей. Отдельное внимание будет уделено получению генетического материала хорошего качества эндосимбиотических бактерий из коллекционных образцов насекомых, хранящихся в лаборатории молекулярной генетики насекомых Института цитологии и генетики СО РАН. Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта РФФИ (№ 22-76-10051).

Использование коллекции дрозофил для проведения генетических экспериментов по изменению экспрессии протоонкогенов

Е.А. Сивопляс^{1,2}, Е.Г. Белкина², С.Ю. Сорокина², О.Е. Лазебный², А.М. Куликов²

¹Московский педагогический государственный университет, Москва.

E-mail: sivoplyas-ekater@mail.ru

²Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН, Москва.

Коллекция дрозофил ИБР РАН содержит более 200 видов дрозофил, из них 4 являются уникальными. Происходит постоянное пополнение коллекции из естественных популяций, например, были получены дрозофилы с Белого моря и из Пермского края. Также представлен широкий спектр линий, содержащих различные мутации. В последние годы коллекция пополнилась дрозофилами, несущими генетические конструкции, в частности, линии с гиперэкспрессией ряда микроРНК и геном *GFP*.

Проведение сложных генетических экспериментов возможно не только на клеточных линиях или мышах, но и на классическом объекте генетики – дрозофиле. Одними из хорошо исследованных генов являются протоонкогены. Пример такого высококонсервативного гена у дрозофил – ген *Ras85D*. Его нуклеотидная последовательность мало изменчива у различных таксонов от дрожжей до млекопитающих. Продукт этого гена – белок – важный участник ферментативной реакции, участвующей в делении, который передает сигнал от рецепторов к фосфотрансферазам. Синтез данного белка осуществляется в течение всей жизни у эукариот, а степень экспрессии зависит от регулирующих механизмов. Ошибки в последовательности таких генов при делении клетки приводят к канцерогенезу.

Нами была проанализирована экспрессионная активность гена *Ras85D* на модельных объектах *D. melanogaster* и *D. virilis*, для которых были известны данные полногеномного анализа, которые не дают представлений об особенностях регуляции. Показано увеличение экспрессионной активности гена *Ras85D* в личинках старшего возраста и извлеченных из них имагинальных глазных дисках по сравнению со взрослыми особями.

В нашей работе показано влияние кластера микроРНК на регуляцию экспрессии одного из самых известных протонкогенов *Ras85D*. Предварительно проведенный биоинформационный анализ выявил сайты связывания с микроРНК. Получены генетические конструкции с *GFP* в качестве гена-мишени, несущего найденные сайты связывания микроРНК в области 3'-UTR и получены трансгенные дрозофилы. Показано влияние микроРНК на регуляцию экспрессии с помощью таких методов, как Real time PCR, цифровой ПЦР, RT-PCR, Western blot. Для подтверждения связывания микроРНК с мРНК мы использовали репортерный ген флюоресцирующего белка *GFP* под промотором *Gal4*. На конфокальном микроскопе была показана различная степень свечения у контрольной линии по сравнению с экспериментальными, несущими сайты связывания с микроРНК. Белковый анализ проводился методом вестерн-блот с использованием антител для флюоресцирующего белка *GFP*. Показано, что экспрессионная активность гена *Ras85D* различается в зависимости от стадии развития и регулируется с помощью кластера микроРНК. Данная работа поддержана грантом РФФИ № 16-34-00840 мол_а.

Подбор метода получения ДНК и баркодинг цестод и трематод коллекций Зоологического института РАН

А.И. Соловьева^{1,2}, А.А. Виноградова¹, К.В. Регель³

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

²Институт цитологии РАН, Санкт-Петербург.

³Институт биологических проблем Севера ДВО РАН, Магадан.

E-mail: orcinuca@gmail.com

Биоресурсные коллекции, охватывающие несколько десятилетий, обеспечивают фундаментальные исторические основы для измерения и понимания изменяющегося биоразнообразия. Это в полной мере касается и паразитарных систем, сочленами которых выступают популяции паразитов и их хозяев. Новые технологии, такие как секвенирование ДНК и РНК, значительно увеличили потенциал музейных образцов для решения важных вопросов, связанных с оценкой влияния изменений окружающей среды на динамику развития хозяев и паразитов. В то же время в литературе крайне немногочисленны данные о методах получения ДНК из хранящихся в коллекциях постоянных препаратов или формалиновых фиксаций таких распространенных и важных в практическом отношении паразитов как плоские черви, включая цестод и трематод, а упоминания о выделении ДНК из образцов возрастом более 50 лет единичны.

В настоящей работе проведен поиск оптимального метода выделения ДНК из архивных коллекций цестод и трематод Лаборатории по изучению паразитических червей и протистов ЗИН РАН. Для поиска оптимального метода выделения ДНК, пригодной для ПЦР, использовали постоянные препараты *Digamma interrupta* (Cestoda, Diphylobothriidae), окраска кармином, материал 1951–1955 гг., *Ligula intestinalis* (Cestoda, Diphylobothriidae), окраска кармином, материал 1951 г., спиртовые фиксации *Fasciola hepatica* (Trematoda, Fasciolidae), материал 1936 г., а также формалиновые фиксации цестод (материал 1964 г.). Мы апробировали и модифицировали протокол выделения ДНК детергентом СТАВ (цетилтриметиламмония бромид) из постоянных препаратов и формалиновых фиксаций. Далее мы сравнили классическую экстракцию фенол-хлороформом (Sambrook, Russell, 2001) с упомянутым протоколом СТАВ и коммерческим китом LumiPure genomic DNA (Lumiprobe). По результатам серийных выделений ДНК из сухих навесок (5 мг) образцов гельминтов оказалось, что коммерческий кит не подходит для данного вида образцов, из 18 образцов ДНК в следовых количествах удалось получить только для трех. Разница в выходе ДНК между фенольным методом и СТАВ не обнаружена. Для некоторых видов цестод из формалиновых фиксаций 1964 г. и постоянных препаратов с помощью гнездовой ПЦР удалось получить фрагменты генов 18S рибосомальной ДНК, *cox1* и *ITS1*, впоследствии их секвенировали и сравнили с имеющимися в базах данными. Модифицированный протокол СТАВ хорошо показал себя и при выделении ДНК с постоянных препаратов трематод *Renicola* sp. (Trematoda, Renicolidae). Работа проведена при поддержке гранта в форме субсидии из федерального бюджета на реализацию отдельных мероприятий Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019–2027 годы (II очередь. Биоресурсные коллекции, номер соглашения 075-15-2021-1069).

Использование коллекций российских научных учреждений при анализе изменчивости и митохондриальной филогеографии ястреба-перепелятника *Accipiter nisus*

И.Ю. Стариков¹, Я.А. Редькин², М. Винк³

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

E-mail: ivan.starikov@zin.ru

²Зоологический музей Московского государственного университета им. М.В. Ломоносова, Москва.

³Институт фармацевтики и молекулярных биотехнологий Гейдельбергского университета Рупрехта и Карла, Гейдельберг, Германия.

Перепелятник *Accipiter nisus* (Linnaeus, 1758) – небольшая дневная хищная птица, широко распространённая на территории Палеарктики, большая часть его гнездового ареала располагается на территории России. Географическая изменчивость вида выражена в изменчивости тональности окраски оперения и общих размерах птиц, и всегда осложнялась несколькими причинами. Первая из них – наличие чрезвычайно сильно выраженной индивидуальной изменчивости окраски, вследствие чего для корректного анализа требуется проведение сравнения больших серий качественно отпрепарированных экземпляров, что малореально в условиях какой-либо одной даже самой крупной коллекции. Тушки, переделанные из засоленных шкурок птиц этого вида, малоприспособлены для анализа окрасочных признаков из-за сильного нарушения структуры контурного оперения в процессе размачивания, стирки и дальнейшего высушивания. Кроме того, как и для прочих видов, использование соли приводит к быстрой деградации ДНК и делает практически невозможным её выделение. Вторая причина состоит в смещении птиц северных популяций далеко к югу в период сезонных кочёвок. Примерно 75% особей в коллекциях собраны в негнездовой период, т.е. вероятно на удалении от мест их размножения. Относительно приведенных в литературе данных по размерам птиц следует отметить, что размеры молодых особей анализируются вместе с промерами, выполненными по старшим экземплярам, это может существенно исказить результаты, поскольку первогодки этого вида в составе одних и тех же популяций достоверно мельче старших особей (наши данные). Для анализа филогеографической структуры данного вида в Северной Евразии использовались коллекционные материалы, полученные от 46 птиц, собранных как в гнездовой период, так и во время миграций, преимущественно из Зоологического музея МГУ (замороженная мышечная ткань и тушки), а также Института биологии развития РАН (коллекция линных перьев) и Алтайского государственного университета. Были выделены и отсекуены фрагменты мит. генов *Cyt b* и *COI*. Полученные данные свидетельствуют о низкой генетической дифференциации по данным маркерам и, очевидно, панмикстическом типе распределения перепелятника. Соответствие гаплотипов существующим подвидам не отмечено. Проведено сравнение с имеющимися данными из Генбанка, полученными из других областей ареала вида. Проявления географической изменчивости этого вида нуждаются в дополнительном исследовании и переработке с привлечением максимально возможных коллекционных материалов. В первую очередь это относится к северному континууму популяций *A. nisus nisus* – *A. n. nisosimilis*, а также пространственных отношений данных форм в Сибири, поскольку до сих пор их разграничение по долине р. Енисей носит условный характер. По предварительным (нашим) данным птицы, гнездящиеся на о. Сахалин, отличаются от особей соседних материковых популяций более тёмной окраской верхней стороны тела, что заметно при сравнении серийного материала, и, по-видимому, свойственно гнездовым популяциям Японии и южных о-в Курильской гряды. Необходимы дальнейшие исследования изменчивости данного вида с применением более вариабельных генетических маркеров. Работа выполнена в рамках темы госзадания № 122031100282-2.

**Изучение питания мадагаскарских жуков-навозников
(Coleoptera, Scarabaeidae, Scarabaeinae)
методами высокопроизводительного секвенирования**

А.В. Фролов, Л.А. Ахметова
Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.
E-mail: afrolov@zin.ru

Жуки-навозники (Coleoptera, Scarabaeidae, Scarabaeinae) относятся к наиболее удобным и информативным группам-индикаторам общего биоразнообразия и состояния биоценозов. Однако, перспективы их использования для мониторинга видов млекопитающих, которые являются основными продуцентами пищи для жуков-навозников, еще недостаточно оценены. Мы изучили питание четырех эндемичных мадагаскарских видов жуков-навозников с помощью высокопроизводительного секвенирования ДНК содержимого кишечника. Анализ ампликонов фрагментов митохондриальных генов, специфичных для млекопитающих, показал, что в исследованных образцах большая часть последовательностей принадлежат человеку и корове. Мы также обнаружили меньше, но значительное количество последовательностей шести видов лемурув, принадлежащих трем родам. Места сбора жуков хорошо согласуются с известными ареалами выявленных видов лемурув. Наши результаты показывают, что, хотя ДНК млекопитающих в кишечнике жуков-навозников сильно деградирована, даже неосновные производители пищи для жуков могут быть надежно идентифицированы методами ампликонного высокопроизводительного секвенирования. В настоящее время человек и крупный рогатый скот могут быть основными производителями пищи по крайней мере для части таксонов мадагаскарских жуков-навозников. Несмотря на то, что последовательности лемурув могут составлять небольшой процент от общего числа выявленных в кишечнике жуков последовательностей млекопитающих, они позволяют надежно идентифицировать виды лемурув, которые послужили источником пищи для жуков. Таким образом, жуки-навозники могут быть полезным инструментом для мониторинга лемурув на Мадагаскаре. Вероятно, их можно использовать и в других регионах, но необходимы дополнительные исследования для оценки видовой специфичности трофических связей между жуками и млекопитающими, а также для оценки праймеров, наиболее подходящих для целевых таксонов млекопитающих. Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ (грант 22-24-00715).

Традиционные и современные методы при работе с материалами коллекции гидробионтов Мирового океана ФИЦ ИнБЮМ

С.А. Царин, Е.Н. Скуратовская, Т.В. Царина, М.А. Ковалева
Федеральный исследовательский центр «Институт биологии южных морей имени А.О. Ковалевского РАН», Севастополь.
E-mail: tsarin@mail.ru

«Коллекция гидробионтов Мирового океана» (Коллекция) Федерального государственного бюджетного учреждения науки Федеральный исследовательский центр «Институт биологии южных морей имени А.О. Ковалевского РАН» (ФИЦ ИнБЮМ) – одна из старейших биологических коллекций России. В период с 2002 по I квартал 2014 гг. она являлась Национальным достоянием и частично финансировалась. В 2017 г. на базе Коллекции был создан научно-образовательный центр коллективного пользования с одноименным названием, и Коллекция вошла в состав биоресурсных коллекций РФ, а ее зоологическая часть, состоящая из 7 коллекций фиксированных организмов, под кураторством ЗИН РАН в течение полугода получала финансирование как музейная коллекция животных.

В эти коллекции входят экспонаты формалинной и в меньшей степени спиртовой фиксации, высушенные образцы (иногда после обработки таксидермистами) и тотальные микроскопические препараты на предметных стеклах.

Коллекция ФИЦ ИнБЮМ служит важнейшим подспорьем для выполнения Государственного задания Института и, в значительной мере, способствует проведению различных научных исследований. При выполнении подавляющего большинства биологических исследований необходимо точно знать, с каким биологическим объектом ведется работа. Для облегчения этой задачи проводится каталогизация образцов коллекции в электронном виде с разработкой удобных в пользовании семантических номеров экспонатов. Также с использованием коллекционного материала создаются электронные (компьютерные) атласы-определители по различным группам животных гидробионтов, с которыми можно работать как с базами данных уже в процессе идентификации. С такими атласами-определителями может вести работу даже неспециалист по данной систематической группе.

Одна из первостепенных задач коллекции – генетическая паспортизация коллекционных образцов. Лучшие результаты получают с использованием свежего и свежемороженого материала. После спиртовой фиксации коллекционных образцов получены весьма обнадеживающие результаты, несмотря на то, что подобная фиксация требует суточной экспозиции в растворе формалина с последующей промывкой водой перед переводом в спиртовой раствор. Наиболее сложным является генетическое секвенирование материала, фиксированного формалином. Но и при такой фиксации с коллекционным материалом в Институте ведется работа по генетическому анализу. В коллекции рыб Азово-Черноморского бассейна и в создаваемой в настоящее время коллекции пресноводных рыб Вьетнама долины реки Меконг и морских прибрежных рыб для всех видов специально берутся участки свежей ткани, которые хранятся в замороженном виде. Последняя коллекция создается в рамках совместных работ с Российско-Вьетнамским Тропическим научно-исследовательским и технологическим центром. Информацию по генетическим данным планируется внести и в атласы-определители. Обзор выполнен в рамках тем Госзадания ФИЦ ИнБЮМ № 121030100028-0, № 121040600178-6 и № 121030300149-0.

Историческая ДНК как инструмент современных филогенетических исследований чешуекрылых насекомых: опыт генетического анализа типовых экземпляров депонированных в коллекции ЗИН РАН

Г.Н. Шаповал¹, Н.А. Шаповал², А.В. Крупицкий^{3,4}, Р.В. Яковлев¹,

¹Алтайский государственный университет, Барнаул.

E-mail: galinakuftina@mail.ru

²Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

³Биологический факультет Московского государственного университета им. М.В. Ломоносова, Москва.

⁴Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва.

В ходе комплексного исследования чешуекрылых рода *Colias* (Lepidoptera, Pieridae) нами впервые проведен молекулярно-генетический анализ двух чрезвычайно сложных с точки зрения систематики таксонов, *Colias tamerlana* Staudinger, 1897 и *C. mongola* Alphéraky, 1897. Их таксономическое положение и статус, а также типовое местонахождение и точные даты выхода описания *Colias mongola* (и, соответственно, номенклатурный приоритет) в настоящее время являются предметом жарких споров среди лепидоптерологов. Для *C. tamerlana* и *C. mongola* нами впервые проанализирована большая выборка (более 100 экземпляров из 18 географических точек, охватывающих практически весь ареал) и получены молекулярные данные по митохондриальным ДНК-баркодам и трём ядерным генам (*CAD*, *CA-ATPse*, *H3*); проведён анализ на наличие эндосимбиотической бактерии *Wolbachia*; изучены фенотипически и географически близкие таксоны: *C. tyche* (Böber, 1812), *C. cocandica* Erschoff, 1874 и *C. nastes* Boisduval, 1832. Отдельным направлением исследования стало получение и анализ полногеномных данных типовых экземпляров *C. mongola* (лектотип, хранящийся в Зоологическом институте РАН) и *C. tamerlana* (паралектотип из коллекции ЗИН РАН и лектотип из Музея Естественной Истории (Берлин, Германия)), собранных в конце XIX столетия.

I. Секвенирование ДНК-баркодов выявило 12 митохондриальных гаплотипов, которые сформировали 4 филогенетически весьма далекие гаплогруппы (генетические дистанции между группами варьировали от 1.23% до 2.89%). Все 4 гаплогруппы широко распространены географически, встречаются в симпатрии, и обнаружены как в популяциях, традиционно относившихся к таксону *C. tamerlana*, так и в популяциях, относящихся к таксону *C. mongola*.

II. Анализ трех ядерных генов не выявил фиксированных замен, ассоциированных с конкретными географическими популяциями или обнаруженными митохондриальными гаплотипами.

III. Анализ данных полногеномного секвенирования выявил идентичность митохондриальных баркодов типовых экземпляров *C. mongola* и *C. tamerlana*.

IV. ДНК-скрининг на вольбахию выявил дифференциальный характер заражения: все самки одной из гаплогрупп оказались заражены, тогда как у самцов этой гаплогруппы и у всех остальных экземпляров заражение не обнаружено.

Полученные данные позволяют: (а) синонимизировать *Colias mongola* и *C. tamerlana*; (б) сделать вывод, что *C. tamerlana* является самостоятельным видом, филогенетически далеким от *C. tyche*, *C. cocandica* и *C. nastes*, к которым зачастую относили таксоны *mongola* и *tamerlana*; (в) установить, что для *C. tamerlana* характерна сложная генетическая структура митохондриальных гаплотипов, обусловленная, в том числе, заражением вольбахией. Исследование выполнено в рамках проекта FZMW-2023-0006 «Эндемичные, локальные и инвазивные членистоногие животные (Arthropoda) гор Южной Сибири и Центральной Азии: уникальный генофонд горячей точки биоразнообразия» Государственного задания Минобрнауки РФ и при финансовой поддержке гранта РФФИ (№ 22-24-01086).

Зоологические коллекции Адыгейского государственного университета: сохранение, модернизация и цифровизация

М.И. Шаповалов, М.А. Сапрыкин, Е.М. Еднич, А.Д. Бородин, И.Э. Храбров
Адыгейский государственный университет, Майкоп.
E-mail: biocollasu@yandex.ru

Кавказский экорегион – «горячая точка» в плане биологического разнообразия животного и растительного мира, а также эндемизма, имеет важное значение для сохранения биоразнообразия в глобальном масштабе. Исследования биологического разнообразия и биоресурсов направлены на получение новых результатов по оценке их современного состояния и динамики. В этой связи биологические (биоресурсные) коллекции ВУЗов Юга России – важный ресурс для изучения и сохранения биологического разнообразия Кавказа.

В настоящее время на базе Адыгейского государственного университета накоплены зоологические коллекции, имеющие следующую тематическую направленность:

1. Энтомологическая и гидробиологическая коллекции – более 100 тыс. экземпляров. Коллекционный фонд начал формироваться с 2003 г. на базе лаборатории биоэкологического мониторинга беспозвоночных животных (с 2003 г. в структуре факультета естествознания; с 2012 г. в структуре НИИ КП АГУ). Наиболее обширные материалы имеются по таким группам насекомых как Coleoptera, водные Heteroptera (Nepomorpha и Gerromorpha), Plecoptera, Ephemeroptera и Odonata. Большая часть материалов была собрана на территории Северо-Западного Кавказа (Краснодарский край и Республика Адыгея), по отдельным группам (водные Coleoptera и Heteroptera) представлены сборы из регионов: Ставропольский край, Северная Осетия, Карачаево-Черкесия, Кабардино-Балкария, Дагестан, Грузия. Коллекция гидробионтов включает сборы представителей зообентоса из водных объектов гидрографических районов Северо-Западного Кавказа (бассейн рек Азово-Кубанской равнины, бассейна реки Кубань, бассейн рек Черноморского побережья) (период основных сборов 2003–2020 гг.).

2. Зоологическая коллекция (позвоночные животные) на базе зоологического музея АГУ (формирование фонда музея началось со сборов сотрудников кафедры зоологии АГПИ в 1963 году; официальный статус музея получил приказом ректора АГУ 23 мая 2002 г.) включает фонд более 3 тыс. единиц хранения: надкласс Рыбы – 706 экземпляров, 74 вида; класс Земноводных – 752 экземпляра, 13 видов; класс Пресмыкающихся – 721 экземпляр, 31 вид; класс Птиц – 540 экземпляров, 115 видов; и класс Млекопитающих, включая палеонтологические находки – 406 экземпляров, 51 вид. Базовой методологией для научно-исследовательской работы музея является концепция биологического эффекта высотно-поясной структуры горных ландшафтов, разработанная чл.-корр. РАН А.К. Темботовым, долгие годы сотрудничавшего с музеем. Зоологический музей сочетает научную работу, формирование и хранение коллекции с учебной и просветительской деятельностью.

Зоологические коллекции АГУ послужили основой для запуска в 2023 г. комплексного проекта «Цифровая биоресурсная коллекция». Основная цель проекта – мобилизация и дигитализация (цифровизация) биоресурсных (зоологических) коллекций АГУ, для оценки биологического разнообразия и внедрения эффективной автоматизированной идентификации видов животных. В рамках проекта будет проведена оцифровка зоологических коллекций, собранных на территории Кавказа, анализ данных о биоразнообразии модельных групп животных, их размещении по территории региона. Полученная информация будет внесена в базу данных на информационном портале АГУ «Цифровая биоресурсная коллекция». Проект «Цифровая биоресурсная коллекция» реализуется на базе АГУ в рамках программы стратегического академического лидерства «Приоритет–2030».

Геномика стеллеровой коровы (*Sirenia, Hydrodamalis gigas*), динамика её численности и причины вымирания

Ф.С. Шарко^{1,2}, Е.С. Булыгина², Н.С. Слободова^{2,3}, С.В. Фомин⁴, О.А. Крылович⁵, А.Б. Савинецкий⁵, Е.Г. Мамаев⁶, А.Н. Тихонов⁷, А.В. Недолужко⁸

¹ Федеральный исследовательский центр Биотехнологии РАН, Москва.

² Научно-исследовательский центр «Курчатовский институт», Москва.

³ Национальный исследовательский университет «Высшая школа экономики», Москва.

⁴ Тихоокеанский институт географии ДВО РАН (КФ), Петропавловск-Камчатский.

⁵ Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва.

⁶ Национальный парк «Командорские острова» им. С. В. Маракова, Никольское.

⁷ Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

⁸ Европейский Университет в Санкт-Петербурге, Санкт-Петербург.

E-mail: nedoluzhko@gmail.com

Доклад посвящён последним результатам, полученным по геномике вымершей стеллеровой коровы. Будет дана краткая информация об опубликованных ранее трёх геномах представителей этого вида, чьи костные остатки были обнаружены на Командорских островах (Россия).

Предполагается, что изменение уровня Мирового океана могло привести к фрагментации ареала вида на границе плейстоцена и голоцена и возникновению небольших рефугиумов на островах Северной Пацифики. Около 5000 лет назад уровень океана стабилизировался, но к этому времени размер и количество популяций стеллеровой коровы, по-видимому, значительно сократились. Не исключено, что древние охотники-собиратели также внесли свой вклад в вымирание *H. gigas*. Показано, что последняя известная популяция стеллеровой коровы (Командорские острова) обладала пониженной гетерозиготностью и, возможно, находилась на грани вымирания к моменту прибытия на острова Второй Камчатской экспедиции Витуса Беринга.

В рамках доклада будут рассмотрены дальнейшие направления исследований, связанные с изучением причин катастрофического сокращения численности стеллеровой коровы, используя методы современной геномики, радиоуглеродный и изотопный анализ, биоинформатические подходы, разработанные и модифицированные методики выделения ДНК из музейного материала, а также костных образцов тридцати особей *H. gigas*, специально отобранные на островах Беринга и Медный (Командорские острова) в национальном парке «Командорские острова».

Генетический анализ популяций *Pseudanodonta complanata* (Rossmässler, 1835) на территории Европейской России

О.А. Юницyna, А.А. Соболева, Е.П. Пестова, А.В. Кондаков, И.В. Вихрев
Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики имени академика
Н.П. Лаверова УрО РАН, Архангельск.
E-mail: oyunitsina@mail.ru

Беззубка узкая *Pseudanodonta complanata* (Rossmässler, 1835) – двустворчатый пресноводный моллюск, ареал которого простирается по всей Европе от Британских островов до бассейна реки Волга. Данный вид занесен в Красную книгу Международного союза охраны природы и находится под охраной на национальном уровне в большинстве стран Европы.

Вид имеет очень узкий диапазон подходящих условий обитания и населяет лотические экосистемы, включая равнинные и горные реки, и крупные каналы. Беззубка узкая – это моллюск, который очень чувствителен к неблагоприятным условиям, таким как нарушение среды обитания или вторжение инвазивных видов. Малое количество зарегистрированных популяций *P. complanata*, низкая плотность на большей части ареала являются основанием для особой охраны.

Целью настоящей работы было проведение генетического анализа фрагментов двух митохондриальных генов: первой субъединицы цитохром с-оксидазы (COI) и первой субъединицы НАДН-дегидрогеназы (ND1) и поиск микросателлитных локусов для *P. complanata* на территории Европейской России.

На основе данных малакологической коллекции ЗИН РАН о местах находок *P. complanata* на территории Европейской России были проведены экспедиционные работы, в ходе которых нелетальным методом были отобраны и зафиксированы в 96% этаноле образцы тканей исследуемого моллюска. Тотальную ДНК, выделенную из тканей, использовали для амплификации предполагаемых микросателлитных локусов и двух митохондриальных генов COI и ND1. На основе полученных последовательностей был проведен филогеографический анализ. Анализ продемонстрировал, что данный вид имеет достаточно низкое генетическое разнообразие по исследуемым генам. Также в ходе анализа была выявлена дивергентная генетическая линия *P. complanata* в бассейне реки Дон.

Для анализа генетического разнообразия популяций *P. complanata* была проведена работа по поиску микросателлитных локусов для данного вида. В качестве основы для исследования были взяты аналогичные локусы и разработанные для них праймеры для ПЦР у близкородственного моллюска *Anodonta anatina*. Всего было проверено 16 локусов, 10 из которых в ходе амплификации дали продукты, и лишь 8 из них оказались микросателлитными.

Полученные данные позволили провести современный генетический анализ популяций *P. complanata* на территории Европейской России, который позволил выявить дивергентную генетическую линию вида в бассейне реки Дон. В ходе работы были выявлены 8 микросателлитных локусов в ядерной ДНК, что позволит в будущем оценить генетическое разнообразие вида в полной мере. Полевые работы и молекулярно-генетические исследования выполнены при финансовой поддержке гранта РНФ (№ 21-74-10130), камеральные работы проведены за счет средств субсидии для выполнения госзадания по теме ФНИР FUUW-2022-0056.

АВТОРСКИЙ УКАЗАТЕЛЬ

- Аганесова Л.О. 9
 Агеев А.А. 30
 Аксёненко Е.В. 19
 Алексеев В.Р. 10
 Алёхина Т.А. 44
 Амолин А.В. 11
 Андрианов Б.В. 41
 Антипова А.Д. 41
 Астапенко С.А. 30
 Ахметова Л.А. 50
 Баскевич М.И. 43
 Бега А.Г. 41
 Бекбаева А.А. 41
 Белкина Е.Г. 47
 Белокобыльский С.А. 30
 Боескорюв Г.Г. 14
 Боркин Л.Я. 12
 Бородин А.Д. 53
 Брандлер О.В. 13
 Булатова Н.Ш. 43
 Булыгина Е.С. 14, 54
 Быков Р.А. 46
 Винк М. 49
 Виноградова А.А. 48
 Вихрев И.В. 55
 Войта Л.Л. 15
 Волкович М.Г. 32
 Воронежская Е.Е. 27
 Воскобойникова О.С. 16
 Высоцкий В.Г. 17
 Голенищев Ф.Н. 39
 Головина А.Н. 30
 Голосова О.С. 18
 Голуб В.Б. 19
 Голуб Н.В. 19
 Горбань А.А. 33
 Гордеев М.И. 20, 41
 Горячева И.И. 41
 Гохман В.Е. 21
 Гранович А.И. 22
 Гребельный С.Д. 23
 Григорьева Л.В. 14
 Гричанов И.Я. 24
 Дмитриева Е.В. 37
 Дьячков Ю.В. 25
 Еднич Е.М. 53
 Ермаков О.А. 26, 39
 Жукова С.С. 33
 Зайцев Д.О. 34
 Зайцева О.В. 27
 Захаров Е.В. 30
 Иванов А.Ю. 26
 Иванова А.Д. 39
 Иванова Н.Ю. 23
 Изварин Е.П. 15
 Илинский Ю.Ю. 46
 Ильяшенко В.Ю. 28
 Карпов С.А. 29
 Карпун Н.Н. 31, 32
 Картавцева И.В. 43
 Каспарян Д.Р. 30
 Кириченко Н.И. 30, 31, 32
 Ковалева М.А. 51
 Кондаков А.В. 55
 Кошелева О.В. 30
 Кропачева Ю.Э. 15
 Крупицкий А.В. 52
 Крускоп С.В. 33
 Крылович О.А. 54
 Кукушкин О.В. 36
 Куликов А.М. 47
 Лазебный О.Е. 47
 Лебедева Д.И. 34
 Ли Е.Ю. 20, 41
 Литвинчук Л.Ф. 35
 Литвинчук С.Н. 12
 Логинов Д.Н. 41
 Луконина С.А. 26, 36
 Ляпунова Е.А. 43
 Лях А.М. 37
 Малыгин В.М. 43
 Мамаев Е.Г. 54
 Манукян А.Р. 38
 Маркель А.Л. 44
 Мартынович Н.В. 48
 Матов А.Ю. 32
 Магросова В.А. 39
 Медведев С.Г. 40
 Москаев А.В. 20, 41
 Мурадов А.С. 18
 Мусолин Д.Л. 31, 32
 Назаркин М.В. 16
 Недолужко А.В. 14, 42, 54
 Недошивина С.В. 32
 Никифорова В.С. 15
 Николаева И.П. 10
 Новгородов Г.П. 14
 Обухов Д.К. 27
 Омелько В.Е. 15, 42
 Орлов В.Н. 43
 Панов В.И. 20, 41
 Пестова Е.П. 55
 Петров А.А. 27
 Петров С.А. 27
 Плеканчук В.С. 44
 Потапов М.Б. 45
 Прокудина О.И. 44
 Протопопов А.В. 14
 Расторгуев С.М. 14
 Рауэн Т.В. 9
 Рева М.В. 11
 Регель К.В. 48
 Редина О.Е. 44
 Редькин Я.А. 49
 Рябинин А.С. 46
 Рязанова М.А. 44
 Савинецкий А.Б. 54
 Сапрыкин М.А. 53
 Сергушева Е.А. 42
 Сивопляс Е.А. 47
 Симонов Е.П. 39
 Синев С.Ю. 32
 Скуратовская Е.Н. 51
 Слободова Н.В. 14
 Слободова Н.С. 54
 Смирнов Н.Г. 15
 Смирнова А.В. 38
 Соболева А.А. 55
 Соболева В.А. 19
 Соловьева А.И. 48
 Соловьева Е.Н. 33
 Сорокина С.Ю. 47
 Стариков И.Ю. 49
 Старунов В.В. 27
 Струкова Т.В. 15
 Стрючкова А.В. 45
 Сухих Н.М. 10
 Тимохов А.В. 30
 Тиунов М.П. 42
 Тихонов А.Н. 14, 54
 Трепет С.А. 18
 Фомин С.В. 54
 Фролов А.В. 50
 Холодова М.В. 18
 Храбров И.Э. 53
 Хью К.До 23
 Царин С.А. 51
 Царина Т.В. 51
 Целих Е.В. 30
 Цыганкова С.В. 14
 Чабан О.А. 10
 Чепрасов М.Ю. 14
 Шаповал Г.Н. 52
 Шаповал Н.А. 52
 Шаповалов М.И. 53
 Шарко Ф.С. 14, 54
 Шемякина Ю.А. 15
 Эйдинова Е.О. 15
 Юзефович А.П. 33
 Юницына О.А. 55
 Яковлев Р.В. 52

Вторая всероссийская конференция «Зоологические коллекции как источник генетических ресурсов мировой фауны – классические и современные подходы к их изучению, хранению и использованию»

ПРОГРАММА И ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ

Редактор – О.Г. Овчинникова
Составитель – И.В. Доронин

Подписано в печать 30.05.2023 г.
Формат 60x84 1/16. Бумага офсетная. Печать цифровая.
Усл. печ. л. 3,2. Тираж 150 экз.
Заказ № 6000.

Отпечатано с готового оригинал-макета заказчика
в ООО «Издательство “ЛЕМА”»
199004, Россия, Санкт-Петербург, 1-я линия В.О., д.28
тел.: 323-30-50, тел./факс: 323-67-74
e-mail: izd_lemma@mail.ru
<http://www.lemaprint.ru>