

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
(МИНОБРНАУКИ РОССИИ)

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

ОТЧЁТНАЯ
НАУЧНАЯ СЕССИЯ
ПО ИТОГАМ РАБОТ 2024 г.

ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ

9–11 апреля 2025 г.

Санкт-Петербург
2025

РЕКОНСТРУКЦИЯ ФИЛОГЕНИИ И ЭВОЛЮЦИОННОЙ ИСТОРИИ ПОЛЕВОЧЬИХ: ОТ ОТДЕЛЬНЫХ ГЕНОВ К ГЕНОМНЫМ ИССЛЕДОВАНИЯМ

**Н.И. Абрамсон, Е.К. Скалон, Т.В. Петрова, И.А. Двояшов,
С.Ю. Бодров, В.А. Паницина**

Полевки и лемминги (подсемейство Arvicolinae) в течение многих лет оставались одной из самых сложных групп в плане анализа эволюционной истории и филогенетических связей. Это связано с двумя основными причинами: а) группа испытала очень быструю, взрывную адаптивную радиацию в течение последних 7 млн лет, б) представители подсемейства распространены во всех природных зонах и ландшафтах северного полушария и освоили все возможные экологические ниши, включая обитание под землей, в высокогорных районах и арктических тундрах. Вследствие этого одна из сложнейших задач для любого исследователя, нацеленного на решение этих проблем, – получение представительной выборки для анализа. Предыдущие многочисленные попытки выявления родственных связей надвидовых таксонов подсемейства с использованием отдельных локусов и неполной выборки таксонов не дали надежных результатов. При анализе митохондриальных геномов (Abramson et al., 2021) нам удалось собрать всеобъемлющую выборку, включающую почти все роды и подроды подсемейства за счет исследования музейных образцов. Анализ конкатенированного выравнивания 11 391 п.н. белок-кодирующих митохондриальных генов позволил получить почти полностью разрешенное дерево с высокими поддержками основных узлов, но порядок дивергенции и взаимосвязи таксонов на уровне триб в основании подсемейства (пределах первой волны радиации) и в кроновой группе (третьей, самой большой волны радиации) остались не разрешенными. К тому же, несмотря на то, что полные митогеномы широко использовались в последние десятилетия для реконструкции филогенетических связей многих групп животных и были получены филогенетические деревья с хорошей поддержкой ветвей, к филогенетическим выводам, сделанным только на основе митогеномов, следует относиться с большой осторожностью. Филогенетические реконструкции на основе анализа митогеномов могут быть сильно искажены, прежде всего, из-за возможных событий древней гибридизации и интрогрессии генов, насыщения и сильного давления отбора.

В настоящей работе мы продолжили тестировать филогенетические связи надвидовых таксонов в пределах подсемейства Arvicolinae, используя два источника информации по ядерному геному: анализ транскриптомов (29 видов Arvicolinae, 1069 генов общей длиной 786 579 п.н.) и данные quaddRADseq (15 899 SNP для 52 видов). В ходе проведенного исследования мы проверили: 1) насколько согласуются топологии и времена дивергенции основных линий (родов и подродов) по данным анализа ядерного и митохондриального геномов; 2) относительную роль количества используемых признаков и количества таксонов при реконструкции быстрых радиаций; 3) бъективные ограничения при анализе «жестких» политомий у основания дерева.

Данные полногеномного секвенирования впервые позволили разрешить отношения в пределах третьей волны радиации подсемейства, а именно триб Arvicolini, Lagurini и Ellobiusini, в то же время «жесткая» политомия у основания подсемейства осталась не разрешенной. Мы полагаем, что вымирание значительного числа таксонов этой радиации ограничивает возможности реконструкции. Наши данные также показывают, что на молекулярные датировки сильно влияют количество и положение точек калибровки на дереве.

Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда, грант № 19-74- 20110-П.

БИОЛОГИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И БИОЛОГИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ ОСТАТОЧНЫХ ВОДОЕМОВ АРАЛЬСКОГО МОРЯ

**Н.В. Аладин, В.И. Гонтарь, Л.В. Жакова,
И.С. Плотников, А.О. Смуров**

Аборигенная фауна Аральского моря изначально была очень бедна: в водоеме обитало около 250 видов беспозвоночных и 20 видов рыб, а водные млекопитающие отсутствовали. В результате падения уровня моря и его осолонения большинство видов выпали из фауны. Наряду с процессом обеднения фауны происходил запущенный человеком процесс ее обогащения в результате плановых и случайных вселений видов беспозвоночных и рыб в это озеро. В период с 1954 по 1986 гг. в Арал было вселено 13 видов беспозвоночных и 17 видов рыб, из которых только некоторым удалось закрепиться в фауне водоема.

В начале XX в. уловы рыбы по всему морю достигали в отдельные годы 40 тыс. т; при этом объемы вылова в Малом и Большом Арале были сопоставимы, несмотря на то, что Малый Арал имел площадь и объем воды в 10 раз меньшие, чем Большой Арал. По мере осолонения, из состава фауны стали исчезать аборигенные виды рыб, а их уловы снижаться. Почти все вселенные виды рыб не играли большой роли в промысле, за исключением камбалы глоссы. Этот вид был единственным добываемым во время пика осолонения единого Аральского моря.

В настоящее время Аральское море, бывшее некогда единым водоемом, представляет собой комплекс из четырех постоянных остаточных водоемов, три из которых являются гипергалинными, а один мезогалинным. Периодически восстанавливающийся Восточный Большой Арал критически зависит от стока реки Сырдарьи через Кок-Аральскую плотину и регулярно высыхает. После постройки этой плотины соленость Малого Арала стала снижаться, что сделало возможным возвращение в море из реки Сырдарьи пресноводных бентосоядных и хищных рыб. В настоящее время видовой состав аборигенных рыб практически тот же самый, что был до начала регрессии и осолонения моря. Большинство плановых рыб-вселенцев встречается только в приустьевых районах Малого Арала и в промышленных уловах не играет большой роли. В целом можно признать, что программа акклиматизации рыб в Аральском море, за исключением вселения камбалы глоссы, оказалась не особо успешной, а вот акклиматизированные донные беспозвоночные *Hediste diversicolor* и *Abra segmentum* играют сейчас очень значительную роль в питании бентосоядных рыб.

В настоящее время Малое Аральское море, наряду с Каспийским морем и оз. Балхаш, имеет большое значение для рыбного хозяйства Республики Казахстан. Официальные выловы на этом водоеме достигают 7 тыс. т в год и могли бы быть больше на несколько тысяч тонн, если бы не гибель большого количества рыбы, уносимой с водой при ее сливе весной через водосброс Кокаральской плотины. Согласно официальным данным, доля Малого Аральского моря в общем вылове рыбы на внутренних водоемах Казахстана составляет от 15 до 20%.

В фауне трех остаточных водоемов, образовавшихся на месте бывшего Большого Арала, присутствует только один коммерчески значимый вид – *Artemia parthenogenetica*. Добыча цист артемии в начале 2020-х гг. превысила 1700 т, и, по планам правительства Республики Казахстан, должна достигнуть в ближайшие годы 3500 т.

Работа выполнена в рамках темы государственного задания № 125012800888-5 «Разработка фундаментальных основ сохранения и рационального использования биологического разнообразия и биоресурсов континентальных водоемов России».

КОМПЛЕКСНЫЙ АНАЛИЗ СООБЩЕСТВ ИНFUЗОРИЙ – ЭНДОБИОНТОВ ПИЩЕВАРИТЕЛЬНОГО ТРАКТА НЕПАРНОКОПЫТНЫХ В УСЛОВИЯХ ДЛИТЕЛЬНОГО СОДЕРЖАНИЯ В НЕВОЛЕ

М.Е. Белоконь¹, О.А. Корнилова², М.А. Сказина³, Л.В. Чистякова⁴

¹Санкт-Петербургский государственный университет,

²Российской государственной педагогической университет им. А.И. Герцена, Санкт-Петербург,

³Санкт-Петербургский НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера,

⁴Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург

Сообщества инфузорий-эндобионтов пищеварительного тракта различных растительноядных млекопитающих, в том числе содержащихся в неволе непарнокопытных, являются удобным модельным объектом для изучения влияния на видовое разнообразие данных протистов определенных факторов окружающей среды, а также внутривидовой изменчивости инфузорий из популяций, изолированных в течение длительного времени. Кроме того, в зоопарках предоставляется возможность для изучения фауны эндобионтных инфузорий редких видов животных из труднодоступных областей. В ходе выполнения проекта было изучено видовое разнообразие инфузорий-эндобионтов в пробах фекалий зебр *Equus grevyi* и кiangов *E. kiang* из Московского зоопарка, зебр *E. quagga burchellii* из зоопарков Вены и Владивостока, зебр *E. quagga chatmani* из зоопарков Старого Оскола и Ростова-на-Дону, кулана *E. hemionus* и лошади Пржевальского *E. ferus przewalskii* из зоопарка Ростова-на-Дону, белого носорога *Ceratotherium simum* из зоопарков Ростова-на-Дону и Старого Оскола и черного носорога *Diceros bicornis* из Таллинского зоопарка. В целом, в неволе наблюдается снижение видового разнообразия эндобионтных инфузорий. Практически полностью отсутствуют здесь мелкие инфузории-бактериофаги из семейства Buetschliidae, что, предположительно, объясняется антимикробными обработками животных. Кроме того, не были обнаружены многие виды инфузорий, специфичные для определенного хозяина и встречающиеся в природных место-

обитаниях, что может быть связано с изменением пищевого рациона животных-хозяев. Однако отдельные специфические виды инфузорий в составе сообществ сохраняются. Так, у всех исследованных зебр был обнаружен вид *Spirodinium nanum*, а в пробах фекалий черного носорога были выявлены исключительно виды эндобионтов, специфичные для данного хозяина. Согласно полученным данным, эндобионтные инфузории у черного носорога в неволе успешно передаются от родителей потомкам, поскольку в семейной группе этих животных видовой состав эндобионтов оказался идентичным. Нами были обнаружены также два новых для науки вида инфузорий, что свидетельствует о недостаточной изученности фауны эндобионтов черного носорога.

Мы впервые предприняли попытку оценить уровень внутривидовой изменчивости отдельных видов эндобионтных инфузорий из семейств Spirodiniidae и Cycloposthiidae. Для этого было выбрано три модельных вида – *Cycloposthium edentatum*, *Tripalmaria dogieli* и *Cochliatoxum periachtum* из кишечника лошадиных. Образцы тотальной ДНК были получены для различных изолятов этих видов инфузорий, выделенных из проб фекалий зебр, куланов, ослов, киангов и домашних лошадей из разных локаций. Анализ нуклеотидных последовательностей 18S рРНК показал, что уровень межвидовых различий значительно отличается у представителей разных семейств, что необходимо учитывать при оценке внутривидовой изменчивости. Полученные данные свидетельствуют о том, что различия между изолятами *C. edentatum* и *C. periachtum* соответствуют ожидаемым, в то время как для *T. dogieli* их величина сопоставима с различиями между отдельными видами в семействе Spirodiniidae. Последовательность ITS-региона исследованных видов эндобионтных инфузорий по сравнению с последовательностью гена 18S рРНК оказалась более консервативной: в пределах вида были идентичны или отличались не более чем на два нуклеотида. Сходные данные были получены и для некоторых других видов. К сожалению, на настоящий момент данных для полноценного анализа уровня внутри- и межвидовой изменчивости эндобионтных инфузорий по данному маркеру недостаточно.

Работа выполнена при поддержке гранта Российского научного фонда № 23-24-00240 (<https://rscf.ru/project/23-24-00240/>).

ПИЩЕВЫЕ ЦЕПИ В СУБАРКТИЧЕСКОМ ОЗЕРЕ КРИВОЕ (СЕВЕРНАЯ КАРЕЛИЯ) В ПЕРИОДЫ ОТКРЫТОЙ ВОДЫ И ПОДО ЛЬДОМ

Н.А. Березина

Изучение структуры и функционирования пищевых цепей в озерных экосистемах важно для сохранения их биологического разнообразия и бережного использования биологических ресурсов. Прибрежное оз. Кривое (средняя глубина 12 м, максимальная 32 м) – чистое, прозрачное, стратифицированное олиготрофное озеро, расположенное на севере России (66°21' с.ш., 33°38' в.д.) на берегу Белого моря у мыса Картеш; его прибрежная зона глубиной 0–3 м занимает 20% общей площади (0.5 км²). С начала изучения (1968 г.) озеро сохраняет олиготрофный статус пелагиали (по содержанию фито пигмента *Chl a*: 0.2–3.0 (≈1) мг/м³).

В 2019–2024 гг. в периоды открытой воды (летоосень) и подо льдом (зима–весна) было проведено исследование структуры трофической сети озера от продуцентов (фитопланктон и фитобентос) к консументам высшего порядка (рыбам) с использованием анализа стабильных изотопов углерода и азота. По составу этих изотопов в тканях продуцентов и консументов стояла задача установить источники поступления питательных веществ в трофическую сеть озера, оценить трофические позиции консументов и рассмотреть сезонную изменчивость структуры пищевых цепей.

Изотопная метка организма может использоваться в качестве индикатора его комплексного питания на разных трофических уровнях с течением времени (Kling et al., 1992, Ponsard, Arditi 2000). Тяжелые изотопы (¹⁵N и ¹³C), как правило, обогащаются в пищевых цепях озер по отношению к более легким изотопам (¹⁴N и ¹²C) на 3–5 ‰ (для δ¹⁵N) и 0–1 ‰ на трофический уровень (для δ¹³C), но уровень фракционирования может меняться в зависимости от видовой принадлежности и физиологического состояния консументов. Проведенный анализ выявил сильную вариабельность, множественные источники и широкие трофические ниши у разных консументов, особенно у рыб. Вместе с тем четко выделились цепь прибрежной зоны, где основным источником был перифитон, и пелагическая цепь, идущая от фитопланктона. Кроме этого, летнее обеднение азотом и осеннее углеродом свидетельствует о возможном вкладе диатрофного азота цианобактерий и углерода

метанотрофных бактерий в трофические сети озера. Одним из путей, по которым углерод, полученный из метана, может попасть в водные пищевые сети, является водосбор гумуса и переработка его метанотрофными бактериями. Величины $\delta^{13}\text{C}$ зоопланктона понижены (от -42 до -31‰), что может указывать на вклад бактериального углерода, происходящего от метана, в пищевые цепи озера.

Значительные сезонные различия в величинах $\delta^{15}\text{N}$, высокий уровень всеядности и смешанный характер питания были выявлены у хищных и факультативно хищных потребителей. Значения $\delta^{13}\text{C}$ ряпушки варьировали от -30.5 до -26.7‰ , что приближало ее к пелагическим источникам. Ниши других рыб (колюшки и окуня) также были промежуточными, но их значения $\delta^{13}\text{C}$ были ближе к перифитонной и литоральной пищевой цепи, чем у ряпушки. Следовательно, все рыбы и другие потребители (личинки подёнок, двустворчатые моллюски) с промежуточными значениями $\delta^{13}\text{C}$ могли получать ресурсы как из пелагических, так и из литоральных источников углерода. Среди пищевых объектов рыбы отдавали предпочтение амфиподам, личинкам подёнок и веслоногим рачкам, которые считаются объектами питания высокого биохимического качества.

Работа выполнена в рамках темы государственного задания № 125012800888-5 «Разработка фундаментальных основ сохранения и рационального использования биологического разнообразия и биоресурсов континентальных водоемов России» и при поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (2019–2022 гг.).

НЕПОЛНАЯ СОРТИРОВКА ЛИНИЙ И ИНТРОГРЕССИЯ В ЭВОЛЮЦИОННОЙ ИСТОРИИ ДВУХ РОДОВ *CLETHRIONOMYS* И *ALTICOLA* (RODENTIA, CRICETIDAE)

С.Ю. Бодров, И.А. Двояшов, Т.В. Петрова, Н.И. Абрамсон

Скальные полевки рода *Alticola* Blanford, 1881 приспособлены к обитанию в каменистых ландшафтах и встречаются в горных районах Центральной и Восточной Азии от Северного Пакистана до полуострова Чукотка. В ходе работы над системой и эволюционной историей этого рода, при сравнении результатов анализа данных ядерного и митохондриального геномов было обнаружено несоответствие в топологии филогенетических реконструкций (Cook et al., 2004; Kohli et al., 2014; Lebedev et al., 2007; Bodrov et al., 2016): род лесных полевок

Clethrionomys Tilesius, 1850 оказывался парафилетичным в отношении рода скальных полевков, а скальные полевки – полифилетичными. Такое несоответствие топологий может указывать на неполную сортировку линий или гибридизацию с последующей интрогрессией.

Большинство исследований по гибридизации и последовательной интрогрессии описывают случаи между видами в пределах одного рода, в то время как гибридизация и интрогрессия между разными родами крайне редка. В данной работе мы представляем первое геномное исследование двойного несоответствия филогенетических реконструкций на основе ядерных и митохондриальных данных для родов лесных и скальных полевков; при этом были использованы полногеномные данные (RNAseq и quaddRAD-seq), а также данные по митохондриальным геномам. В первую очередь мы провели филогенетическую реконструкцию для всех двенадцати видов рода *Alticola* и получили поддержанную филогенетическую гипотезу, которая в очередной раз подтвердила и монофилию рода, и самостоятельность отдельных его видов. Сравнение оценок времени дивергенции митохондриального и ядерного геномов показало, что в эволюционной истории двух родов имели место и интрогрессия, и сохранение предкового полиморфизма. Дивергенция митохондриального генома *A. lemminus* Miller, 1899 примерно совпадает по времени с дивергенцией родов *Alticola* и *Clethrionomys*, что косвенно указывает на сохранение предкового полиморфизма. В то же время митохондриальные геномы *A. macrotis* Radde, 1862 и *C. centralis* Miller, 1906 расходятся значительно позже, разделения родов *Alticola* и *Clethrionomys*, а также подразделение рода *Alticola* на подроды *Alticola* и *Aschizomys*. Такая картина позволяет предположить, что митохондриальный геном был интрогрессирован от предка *C. centralis* к предку *A. macrotis*. Более того, произошло два разных по времени события гибридизации. Первое привело к интрогрессии митогенома *C. centralis* в *A. macrotis*, а второе – от *A. macrotis* с уже интрогрессированным митогеномом в некоторые перипатрические популяции *A. lemminus*. Несмотря на предлагаемую гипотезу формирования разнообразия митохондриальных геномов в группе *Clethrionomys–Alticola*, ни один из тестов на интрогрессию (DCT, BLT, ABBA-BABA) не выявил ее следов в ядерном геноме, которые мы ожидали обнаружить. По всей видимости, события, которые отразились на митохондриальных геномах, произошли на начальных этапах эволюции группы и были затерты в череде последующих поколений при возвратных скрещиваниях.

ОТ ФИЛОГЕНИИ АМОЕВОЗОА К ПАТТЕРНАМ АМЕБОИДНОГО ДВИЖЕНИЯ ЧЕРЕЗ ТРАНСКРИПТОМЫ И БЕЛКИ ЦИТОСКЕЛЕТА

Е.Н. Волкова¹, И.Р. Поздняков¹, В.А. Полежаева¹, М.Г. Петухов²

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург,

²НИЦ «Курчатовский Институт»

Представители крупных таксонов Амoebozoa различаются между собой локомоторной формой клетки и особенностями паттернов амебоидного движения. Однако особенности организации и функционирования цитоскелета в разных таксонах, которые и «задают» особую локомоторную форму, характеризующую каждую конкретную группу, по-прежнему не исследованы. В основе амебоидного движения лежит взаимодействие белков актина и миозина, регулируемое огромным количеством других белков. Одним из таких белков является актин-связывающий белковый комплекс Agr2/3, обуславливающий так называемое «ветвление» актиновых филаментов. В нашем исследовании мы попытались найти связь между устройством молекул белкового комплекса Agr2/3 и локомоторными формами различных видов амeб методами молекулярной динамики, а также дополнить представление о строении их цитоскелета методами иммуноцитохимии. Нами были предсказаны 3D-модели неактивного комплекса связанных субъединиц Agr2 и Agr3 для 30 видов Амoebozoa и, на основе полученных данных, выявлены сайты взаимодействия субъединиц, а также показаны конкретные аминокислоты в последовательностях Agr2 и Agr3, принимающие участие во взаимодействии, и определен тип этих взаимодействий, который вносит вклад в стабильность комплекса. Удалось показать, что в сайтах взаимодействия есть как консервативные участки, так и таксон-специфичные, которые по-разному влияют на стабильность комплекса. На основе полученных 3D-моделей нами были рассчитаны значения энергии свободной связи (ΔG) неактивированного комплекса субъединиц Agr2 и Agr3 для 28 видов Амoebozoa. Анализ и сопоставление морфологии амeб со значениями ΔG позволил выявить следующую закономерность: чем ниже значение ΔG , тем больше у локомоторной формы амeб образований гиалоплазмы. Самое низкое значение ΔG у

амеб рода *Vannella*, где фронтолатеральная зона гиалоплазмы может занимать более половины тела клетки. Самые высокие значения ΔG оказались у *Arcella* (гиалиновая область представлена в виде колпачка на конце псевдоподий) и *Pelomyxa* (выраженная зона гиалоплазмы отсутствует). Исследуемые виды были разделены на морфологические группы по признаку наличия структур гиалоплазмы, которые были сопоставлены с группами по значениям ΔG при помощи однофакторного дисперсионного анализа. Результат анализа показал, что в основном морфологические группы различаются между собой, за исключением самых близких по морфологии групп. Вероятно, амебам с гиалиновыми структурами, которые участвуют в движении, необходимы низкие значения энергии свободного связывания между субъединицами, что, вероятно, обеспечивает стабильность комплекса Atp2/3 , который, в свою очередь, обеспечивает стабильность актиновой сети, участвующей в образовании и поддержании зоны гиалоплазмы.

Таким образом, можно сделать следующие выводы: (1) фибриллярный актин отвечает за формирование и поддержание гиалиновых структур – фронтолатеральной зоны гиалоплазмы, субпсевдоподий и дорсальных гребней; (2) цитоплазматические микротрубочки располагаются в гранулоплазме и, по-видимому, не являются обязательным и постоянным элементом цитоскелета у некоторых видов амеб, например, у *Paramoeba atlantica*; (3) методами молекулярной динамики показано, что чем ниже ΔG связи неактивного комплекса связанных частиц Atp2 и Atp3 , тем сложнее переход из неактивной формы комплекса в активную и, соответственно, тем стабильнее комплекс. Более стабильный комплекс Atp2/3 , вероятно, может обеспечивать стабильность сети актина, необходимой для поддержания гиалиновых структур локомоторных форм.

Работа выполнена с использованием оборудования ЦКП «Таксон» при поддержке гранта РФФИ № 23-24-00508 (<https://rscf.ru/project/2324-00508/>).

**АНАТОЛИЙ ПЕТРОВИЧ АНДРИЯШЕВ –
ОСНОВОПОЛОЖНИК РОССИЙСКИХ АНТАРКТИЧЕСКИХ
ИССЛЕДОВАНИЙ (К 115-ЛЕТИЮ СО ДНЯ РОЖДЕНИЯ И
70-ЛЕТИЮ УЧАСТИЯ В ПЕРВОЙ САЭ)**

О.С. Воскобойникова, Н.В. Чернова

В 1955 г. во время Международного геофизического года А.П. Андрияшев, к тому времени уже известный исследователь фауны рыб Арктики, принял участие в первой, а в 1957 г. – в третьей комплексных Советских антарктических экспедициях (САЭ) на борту дизельэлектрохода «Обь». Дату первой из этих экспедиций можно считать вехой начала российских антарктических исследований, ныне отмечающих свой 70-летний юбилей. В этой и последующих экспедициях были собраны обширные материалы по фауне рыб Антарктики и сопредельных вод Южного полушария, послужившие основой для написания в 1964 г. предварительного обзора фауны антарктических рыб, в котором А.П. Андрияшевым было дано краткое представление об изученности и составе ихтиофауны Антарктики, об особенностях экологии рыб, их распространения и происхождении. За создание «Атласа Антарктики» А.П. Андрияшев с коллективом соавторов в 1971 г. был удостоен Государственной премии СССР; второе издание Атласа с расширенным разделом «Биология» вышло в 2005 г.

В 1986 г. А.П. Андрияшев опубликовал обзор, в котором были впервые обобщены сведения по видовому составу антарктических рыб и его зоогеографической оценке, особенностям вертикального распределения видов, значению криопелагических видов в экосистеме, адаптациям к жизни при температурах замерзания воды и в контакте со льдом, проблемам белокровных рыб и пелагизации видов донных семейств. Здесь же были намечены дальнейшие цели и задачи исследований антарктической ихтиофауны, в том числе коллективом созданной в лаборатории ихтиологии Зоологического института антарктической научной группы, в состав которой вошли ученый старшего поколения дбн В.М. Коровина и ученики Анатолия Петровича: кбн А.В. Неелов, В.П. Природина, кбн А.В. Балушкин, кбн О.С. Воскобойникова, а также кбн Н.В. Чернова (с 1992 г.).

В конце 80-х гг. А.П. Андрияшев совместно с американским ученым Д. Стейном принял участие в написании раздела по липаровым

рыбам в книге «Fishes of the Southern Ocean» – фундаментальной сводке, включающей подробные характеристики различных семейств антарктических рыб, выполненные ведущими учеными, в настоящее время – классиками антарктической ихтиологии. В дальнейшем А.П. Андрияшев продолжил изучение обширного семейства липарид, посвятив его систематике две сводки (Andriashev, 1986; Andriashev, Stein, 1998) и обширную монографию на русском языке (2003), в которой он подвел итог своих исследований липаровых рыб Южного океана и сопредельных вод.

Не прекращал Анатолий Петрович и работы по обобщению сведений и решению научных проблем, связанных с антарктической ихтиофауной в целом. За период с 1958 по 2003 гг. им были сформулирован целый ряд концепций: вертикальной зональности полярных морей и Мирового океана; гляциальной субмергенции; фаунистической зональности пелагиали Южного океана по мезопелагическим рыбам; особой жизненной формы рыб ледовитых морей – криопелагическим видам; вторичной пелагизации донных рыб; географического и батиметрического распространения примитивных форм в ареале группы; биогеографического районирования Антарктики по ареалам морских рыб; биономической биполярности; трансокеанского (неарктического) расселения вторичноглубоководных видов бореально-тихоокеанского происхождения до глубин северной Атлантики и Арктики.

А.П. Андрияшев – ученый с мировым именем, почетный член Европейского союза ихтиологов и Американского общества ихтиологов и герпетологов, член Национального Географического общества США, которого отличали энциклопедичность знаний, исключительное трудолюбие и глубокая интеллигентность.

ФАУНА И СИСТЕМАТИКА РОДА *ISSUS* F., 1803 (HEMIPTERA, ISSIDAE) КАНАРСКИХ ОСТРОВОВ И МАДЕЙРЫ

В.М. Гнездилов¹, Э. Лопес², Д.Д. Дербиков³, П.А. Джелали¹

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург,

²Институт натуральных продуктов и агробиологии, Ла Лагуна, Испания,

³НИЦ «Курчатовский институт» – ГосНИИгенетика», Москва

Issus Fabricius, 1803 – один из крупнейших родов цикадовых семейства Issidae в Западной Палерктике с важным центром видо-

образования на Канарских островах. Начало изучению фауны этого семейства архипелага было положено Л. Мелихаром, описавшим *Issus canariensis* Melichar, 1906 с острова Тенерифе (Melichar, 1906). Через полвека Х. Линдберг добавил к списку канарских эндемиков *Issus dispersus* Lindberg, 1954, *I. distinguendus* Lindberg, 1954 и *I. rarus* Lindberg, 1954 с островов Лансароте, Гран Канария, Тенерифе, Ла Гомера, Эль Иерро и Ла Пальма, а также *I. maderensis* Lindberg, 1954 с острова Мадейра (Lindberg, 1954). Наконец, Р. Ремане выполнил монографический обзор рода *Issus* Канарских островов и Мадейры с описанием 11 новых видов и выдвижением эволюционной гипотезы происхождения островных фаун (Remane, 1985). Вскоре Р. Сергел описал с Тенерифе еще один вид, *Issus canalaurisi* Sergel, 1986, и установил новый подрод, *Archissus* Sergel, 1986, для канарских видов (Sergel, 1986), позже сведённый в синонимы к *Issus* F. (Гнездилов, 2003).

Целью нашего исследования было проведение филогенетического анализа рода *Issus* на материале фауны Канарского архипелага и Мадейры с установлением источника ее происхождения и вторичных центров видообразования на островах. Для реализации поставленных задач были задействованы материалы по 11 видам рода из Средиземноморья, с Кавказа, Мадейры и пяти Канарских островов – Гран Канария, Тенерифе, Ла Гомера, Эль Иерро и Ла Пальма, собранных в ходе экспедиционной поездки весной 2022 г. и полученных из агробиологического института Ла Лагуны (Тенерифе, Испания). Впервые для проведения филогенетического анализа (Bayesian и Maximum Likelihood) рода *Issus* были использованы данные по четырем генным маркерам (COI, CytB, H3, 16S). Наряду с молекулярным анализом, был предпринят также морфологический анализ всего рода *Issus*, результатом которого стало подразделение его на девять групп видов. В итоге выявлена хорошо поддержанная базальная дихотомия рода на две клады, соответствующие средиземноморским и канарским видам, что подтверждает монофилию канарского комплекса видов, распадающегося в свою очередь на четыре клады, соответствующие группам видов *Issus canariensis*, *I. rarus*, *I. bimaculatus* и *I. hidipus* (Gnezdilov et al., 2024). Полученные данные опровергают опубликованную ранее гипотезу о примитивности канарского комплекса (Sergel, 1986); напротив, они дают основания считать эти виды продуктом недавней островной радиации. Также подтверждена синонимия *Issus* и *Archissus* и впервые установлена синонимия *Issus canalaurisi* Sergel, 1986 и *I. cagola* Remane, 1985, а также *I. maderensis* Lindberg, 1954 и *I. climacus*

Fieber, 1876. Выдвинуто предположение о том, что колонизация иссидами Мадейры происходила с Канарских островов, а Гран Канария и Тенерифе могут рассматриваться в качестве основных доноров видов для других островов архипелага.

Исследование выполнено при поддержке гранта РФФИ № 22-24-00565 (<https://rscf.ru/project/22-24-00565/>).

ТЕЛОМЕРНЫЕ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ДНК В ХРОМОСОМАХ КЛОПОВ (HETEROPTERA): ДАННЫЕ, ПОЛУЧЕННЫЕ МЕТОДОМ FISH И АНАЛИЗОМ ХРОМОСОМНЫХ СБОРОК ГЕНОМОВ

Н.В. Голуб, В.Г. Кузнецова, В.А. Лухтанов, Б.А. Анохин

Теломеры представляют собой нуклеопротеиновые комплексы, расположенные на концах хромосом и обеспечивающие стабильность генома и защиту хромосом от разрушений и слияний. Теломерные последовательности ДНК (мотивы) консервативны и характеризуют таксоны высоких рангов. Например, теломерный мотив, состоящий из пяти нуклеотидов TTAGG, рассматривается как наиболее характерный и исходный в эволюции насекомых и членистоногих в целом. Однако, у ряда видов и надвидовых таксонов насекомых этот мотив отсутствует; предполагается, что он был либо заменен другим мотивом, либо другим механизмом поддержания целостности хромосом.-

Отсутствие канонического, типичного для насекомых мотива было неоднократно отмечено для разных видов Heteroptera (клопы) – подотряда, включающего более 40000 видов, около 100 семейств и 7 инфраотрядов. В результате изучения теломер с использованием метода FISH (флюоресцентная гибридизация ДНК *in situ*) или анализа хромосомных сборок генома (chromosome-level genome assemblies), у клопов были выявлены, помимо канонического 5-bp мотива (TTAGG)_n, три производных 10-bp мотива – (TTAGGGATGG)_n, (TTAGGGGTGG)_n и (TTAGGGTGGT)_n. Предполагаемый анцестральный мотив (TTAGG)_n был обнаружен в базальном инфраотряде Nepomorpha (семейства Belosomatidae и Nepidae) и в семействе Reduviidae из эволюционно продвинутого инфраотряда Cimicomorpha. Все производные мотивы были выявлены в инфраотряде Petnatomomorpha, сестринском по отношению к Cimicomorpha.

В нашем исследовании, мы использовали оба метода, FISH с зондами (TTAGG)_n и (TTAGGGATGG)_n, и анализ хромосомных сборок геномов, для изучения теломерных мотивов в хромосомах 19 видов клопов (18 родов, 9 семейств) из инфраотрядов Cimicomorpha (Reduviidae, Anthocoridae и Miridae) и Pentatomomorpha (Alydidae, Blissidae, Lygaeidae, Pentatomidae и Rhopalidae). В целом, у изученных видов мы выявили 3 варианта мотивов, в том числе анцестральный канонический (TTAGG)_n (только у Reduviidae) и два производных мотива, (TTAGGGGTGG)_n (только в Pentatomomorpha) и (TTAGGGATGG)_n (в обоих инфраотрядах).

Анализ распределения всех известных к настоящему времени теломерных мотивов на филогенетическом древе Heteroptera (по Weirauch et al., 2019) позволяет высказать три альтернативные гипотезы: (1) мотив (TTAGG)_n является исходным для клопов, мотив (TTAGGGATGG)_n возник независимо в инфраотрядах Cimicomorpha и Pentatomomorpha; мотивы (TTAGGGGTGG)_n и (TTAGGGGTGG)_n являются результатом вторичных независимых эволюционных преобразований у Pentatomomorpha; (2) мотив (TTAGGGATGG)_n является исходным для ветви Cimicomorpha + Pentatomomorpha, а канонический мотив (TTAGG)_n возник в семействе Reduviidae в результате реверсии; (3) семейство Reduviidae не является частью инфраотряда Cimicomorpha, при этом мотив (TTAGGGATGG)_n интерпретируется как синапоморфия Cimicomorpha (без Reduviidae) и Pentatomomorpha и возник у общего предка этих инфраотрядов.

Цитогенетическая часть работы выполнена в рамках тем государственного задания № 125012901042-9 и № 125012800918-9. Анализ хромосомных сборок геномов проведен при поддержке гранта РФФИ № 24-14-00047 (<https://rscf.ru/project/24-14-00047/>).

ТРАЛОВО-ДРАЖНЫЕ СБОРЫ И СТЕПЕНЬ ИЗУЧЕННОСТИ МЕГАБЕНТОСА КАРСКОГО МОРЯ

С.Г. Денисенко

Большое количество экспедиций, выполненных в Карском море в прошлом столетии, позволяет утверждать, что мегабентос этого водоема изучен достаточно хорошо, хотя основной объем траловых и дражных работ был выполнен там еще в 30-е годы XX в., в непродолжительный период потепления Арктики. Поэтому общие представления о донной мегафауне моря до сих пор базируются преимущественно

на материалах траловых сборов первой половины прошлого столетия (Горбунов, 1937; Пергамент, 1946) и, отчасти, на материалах последнего десятилетия (Галкин и др., 2015; Зимина, Сёмин, 2015). К сожалению, даже после тщательной идентификации и подсчёта особей каждого вида в траловых уловах невозможно достоверно подсчитать численность или биомассу того или иного таксона, оценить биоразнообразие или продукционный потенциал, выявить доминирующие формы. Для количественного анализа таких данных может быть использован метод «разряжения», или построения «кривых собирателя» (кумулятивных кривых), позволяющий оценивать потенциально возможное количество видов или таксонов в уловах в зависимости от количества проб или количества пойманных особей.

Обработка материалов траловых сборов 1930-х годов вышеуказанным методом и экстраполяция полученных данных асимптотическими уравнениями Михелиса-Ментена и Ричардса показала, что максимальное теоретически возможное количество видов мегабентоса в Карском море могло составлять 1410 ± 16 при учете таксонов, не определенных до вида, и 1270 ± 15 для таксонов, определенных до вида. Последнее значение почти совпадает с экспертной оценкой 2001 г. (List of species, 2001), полученной в результате объединения всех ранее известных сведений на основе анализа именно траловых и дражных уловов зообентоса.

По относительной разности реально обнаруженного и теоретически возможного количества видов мы оценили степень недоизученности видового состава во всех конкретных локациях траловых сборов. «Недоизученность» продемонстрировала четкие негативные тренды в зависимости от роста глубины для отдельно взятых экспедиций. Для всей совокупности данных обнаружился аналогичный, но более слабый тренд с небольшим показателем детерминации. Линеаризация этого тренда в логарифмических координатах путем деления значений ординаты на значения абсциссы трансформирует исходное облако точек в вытянутый овал с очень хорошей регрессией ($R^2 = 0.7949$). Зависимая переменная в данном случае может рассматриваться как усредненный для конкретной глубины показатель уменьшения недоизученности биоразнообразия зообентоса буксируемыми орудиями лова при увеличении глубины опробования на 1 м. Нанесение полученного показателя на карту формирует континуальные поля градаций, демонстрирующие явную зависимость от рельефа дна или глубины: чем глубже зона обследования, тем меньше степень недоизученности

зообентоса. Выявленная закономерность легко объясняется уменьшением количества биотопов (~экологических ниш) в водоемах на единице площади дна при увеличении глубины из-за снижения придонной гидродинамической активности.

Для выявления абиотических регрессоров недоизученности зообентоса была проанализирована вся доступная информация по основным гидрологическим, гидрохимическим и геоморфологическим параметрам окружающей среды в Карском море. Из 16 переменных моделированием множественной регрессии и с помощью нейронной сети были выявлены шесть значимых предикторов: содержание алевро-пелитовой фракции в осадке; внутригодовая вариация температуры придонной воды; глубина; внутригодовая вариация содержания кислорода в придонной воде; степень гранулометрической однородности донного осадка; среднегодовая придонная соленость.

СРАВНИТЕЛЬНАЯ МОРФОЛОГИЯ СЕЙСМОСЕНСОРНОЙ СИСТЕМЫ РЫБ СЕМЕЙСТВА BOVICHTIDAE (NOTOTHENIOIDEI, PERCIFORMES)

С.В. Жданов

Представители семейства Bovichtidae распространены в нотальных водах Южного полушария. В составе семейства на данный момент известно 12 видов из трёх родов, монотипичных *Halaphritis* Last, Balushkin et Hutchins, 2002 и *Cottoperca* Steindachner, 1875 и политипичного *Bovichtus* Valenciennes, 1832. Рыбы эти преимущественно придонные, обитают в прибрежных водах и ведут малоподвижный образ жизни. В подотряде Notothenioidei семейство занимает базальное положение (Воскобойникова, 2010; Near et al., 2019). Сейсмосенсорная система (далее – CCC) большинства семейств этого подотряда была хорошо изучена, дополнены диагнозы валидных таксонов, некоторым присвоен новый ранг (Андряшев, Якубовски, 1971). Для Bovichtidae CCC охарактеризована, как сложная структура с развитыми кожными структурами (Воскобойникова, 2010) и рассматривалась у отдельных представителей рода *Bovichtus* (Балушкин, 2016). Было сделано предположение о конвергентной эволюции CCC у представителей Bovichtidae и Cottidae, сходных по экологии, но далёких по систематическому положению (Неелов, 1979). Целью нашей работы было составление

характеристики ССС семейства Bovichtidae с диагностическими признаками видов и родов.

Сейсмосенсорная система изучена у 31 экземпляра восьми видов трех родов семейства Bovichtidae из фондовой коллекции Зоологического института РАН и Западно-Австралийского музея (WAM). Для сравнения использованы фотографии типовых экземпляров из коллекций Британского музея естественной истории (BMNH) и Парижского Национального музея естественной истории (MNHN). Впервые изучено строение сейсмосенсорной системы и установлена топография сейсмосенсорных каналов у видов *Bovichtus diacanthus* Carmichael, 1810, *B. psychrolutes* Günther, 1861, *B. angustifrons* Regan, 1913 и *B. oculus* Hardy, 1988, а также у представителей двух родов *Cottoperca* и *Hala-phritis*, обитающих в нотальных водах Южного полушария. Проведено сравнение топографий каналов у изученных родов и видов семейства Bovichtidae и установлены их диагностические признаки и различия. Особое внимание уделено строению костей, через которые проходят каналы, а именно, костным элементам окологлазничного кольца, плечевого пояса (posttemporale и supratemporale), нев록раниума (parietale, supra-occipitale, extrascapulare laterale и nasale) и периферийным структурам (канальцам и порам). Обнаружены качественные апоморфные признаки строения сейсмосенсорной системы *B. psychrolutes*, отличающие его от *B. oculus*, который ранее был с ним синонимизирован. Для рода *Bovichtus* выявлено следующие направления эволюционных преобразований: редукция периферийных структур на голове; редукция костной крыши на большей части затылочной комиссуры; вытянутая форма члеников с выемкой для канальца сбоку. Неотенические признаки обнаружены у *B. oculus*. Функциональное значение обнаруженных преобразований предположительно связано с местом и глубиной обитания рыб, а также со способом поиска пищи.

МОРФОЛОГИЧЕСКИЕ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АДАПТАЦИИ РЫБ РОДА *TRIGLOPSIS* (PISCES, COTTIDAE), ВОЗНИКАЮЩИЕ ПРИ ПЕРЕХОДЕ ОТ МОРСКОГО К ПРЕСНОВОДНОМУ ОБРАЗУ ЖИЗНИ

З.В. Жидков, В.Г. Сиделева, Н.В. Анненкова

Одним из последних результативных вселений морских рыб в пресные воды считается колонизация крупных послеледниковых

озерных систем представителями рода *Trigloopsis*, которые смогли преодолеть барьер солености и образовать изолированные популяции во многих послеледниковых пресноводных водоемах, среди которых Ладожское и Онежское озера, а также система Великих Американских озер. Поскольку геологический возраст этих водоемов хорошо известен, виды рода представляют собой удобную модель для тестирования гипотез о темпах и формах адаптивной эволюции.

Формы *T. quadricornis* из Ладожского и Онежского озер обитают в условиях крайне низкой минерализации воды (0.06‰ и 0.03‰, соответственно), которая на два порядка ниже, чем в Балтике (3–7‰). Адаптации к принципиально новым условиям привели к сравнительно быстрым (за ~10 000 лет) трансформациям остеологических признаков (редукция отдельных костей, увеличение полостей для прохождения каналов сейсмодатчиковой системы), снижению скелетной массы, а также общей миниатюризации тела. При этом, ладожская форма имеет промежуточные состояния признаков между таковыми у балтийской и онежской форм. Методом озоления выявлено, что доля минерального остатка у *T. quadricornis* из Ладожского озера в сравнении с балтийской формой снижается на 20%; для онежской формы это различие составило 43%. Облегчение скелета также выражалось в последовательном снижении средней плотности костной ткани: от 0.155 г/см² у особей из Балтийского моря до 0.041 г/см² у особей из Онежского озера. Параллельно аналогичные морфологические трансформации произошли у *T. thompsonii* из пресноводного озера Мичиган (минерализация 0.2‰). В отличие от форм из Северной Европы, американский вид вдвое дольше был изолирован от предковой морской популяции, однако направление морфологических изменений у него очень сходно: редукция отдельных костных элементов и увеличение просветов сейсмодатчиковых каналов. Кроме того, по сравнению с арктической морской формой средняя плотность костной ткани уменьшается в 2.5 раза, а доля минерального остатка снижается на 52%. Таким образом, выявленные морфологические трансформации в филогенетически независимых линиях имеют адаптивную природу, а не являются результатом длительной изоляции.

Наличие отбора протестировано для представителей *Trigloopsis* и близкородственных родов *Argyrocottus*, *Megalocottus*, *Microcottus*, *Myoxocephalus* и *Porocottus* с использованием нуклеотидных последовательностей *CYTB* и *COI*. Эти гены кодируют белки, входящие в состав трансмембранных комплексов, связанных с энергетическим

метаболизмом, и являются одними из наиболее часто используемых ДНК-маркеров. Комбинация тестов BUSTED и RELAX позволила обнаружить в кладе «*Trigloporis*+*Megalocottus*» свидетельства *CYTB*-специфического положительного отбора, сила которого достоверно выше, чем в других изученных кладах коттоидных рыб. Это указывает на важную роль *CYTB* в эволюции родов *Trigloporis* и *Megalocottus*, которые способны обитать в условиях низкой солености. Проведенные тесты показали, что процесс отбора в изученной группе находится на начальной стадии. Это согласуется с тем фактом, что в состав рода *Trigloporis* входят близкородственные формы, которые слабо генетически изолированы друг от друга, но уже хорошо адаптированы к условиям низкой минерализации.

Работа выполнена в рамках гранта РФФИ № 23-24-00406 (<https://rscf.ru/project/23-24-00406/>).

НЕРВНАЯ И СЕНСОРНЫЕ СИСТЕМЫ МИНИАТЮРНЫХ PROTODRILIDAE (ANNELIDA): РЕГРЕСС ИЛИ ПРОГРЕСС?

О.В. Зайцева, А.А. Петров, Р.В. Смирнов, С.А. Петров

Семейство Protodrilidae Hatschek, 1888 объединяет несколько десятков видов мелких аннелид, населяющих интерстициаль литоральных и сублиторальных зон мирового океана. Эти миниатюрные животные имеют узкое вытянутое тело без пароподий и щетинок и интра-эпителиальную нервную систему. Положение Protodrilidae и всей клады Protodriliformia в составе Annelida остается дискуссионным. Важную роль в выяснении филогенетических связей играют не только молекулярно-генетические исследования, но и данные морфологии, особенно касающиеся особенностей организации нервной и сенсорных систем. Еще в 90-е годы прошлого века на основе морфологических исследований этих систем Protodrilidae были объединены с Protodriloididae и Saccocirridae в отряд Protodrilida (Purschke, Jouin, 1988; Purschke, 1990, 1993), и только относительно недавно данные филогеномного анализа подтвердили правомерность существования этой группы аннелид (Andrade et al., 2015; Struck et al., 2015; Helm et al., 2018). К сожалению, нервная и сенсорные системы Protodrilida остаются почти неизученными, а положение этой группы среди эррантных аннелид – дискуссионным.

Впервые проведенное нами комплексное исследование распределения катехоламинов (КА), серотонина и FMRFамидоподобных пептидов (FaRP) в нервной и сенсорной системах Protodrilidae на примере *Lindrilus flavocapitatus* позволило выявить значительно более сложную, чем предполагалось ранее, организацию их центральной нервной системы и ряд особых, неописанных ранее для аннелид, сенсорных структур. Наряду с известными для аннелид пальпарными сенсорными образованиями, нухальными органами и фаосомоподобными структурами, у *L. flavocapitatus* обнаружен уникальный непарный апикальный бутоновидный сенсорный орган и гребнеобразное скопление рецепторных клеток вдоль средней линии на дорсальной поверхности тела. С помощью SEM описано разнообразие сенсорных цилиарных структур эпидермиса. Благодаря сопоставлению локализации преобладающего морфологического типа сенсорных клеток с распределением КА- и FaRP-позитивных клеток в эпидермисе *L. flavocapitatus* удалось впервые подтвердить сенсорную функцию ряда описанных ранее у других аннелид типов клеток и сделать предположения об их функции. Вследствие своей миниатюрности *L. flavocapitatus* имеет по сравнению со многими другими аннелидами небольшое количество нейронов, однако у него имеется дополнительный крупный гастроэзофагальный ганглий и подобие ганглиев в вентральных нервных стволах. Появление гастроэзофагального ганглия, по всей видимости, связано с развитием сложного плоточного аппарата, снабженного мускулистым языковидным органом. Все это свидетельствует в пользу достаточно высокого уровня развития нервной и сенсорных систем у Protodrilidae. Нельзя исключить, что выявленные на примере *L. flavocapitatus* особые отделы мозга и/или сенсорные органы имеются и у ряда других представителей группы Protodriliformia, однако их нейрональная организация пока остается неисследованной.

Работа проведена на оборудовании ЦКП «Таксон» в рамках темы государственного задания №125012800894-6.

НОВЫЕ ДАННЫЕ О ПРОМЕЖУТОЧНЫХ ХОЗЯЕВАХ И ЭВОЛЮЦИИ ТРЕМАТОД СЕМЕЙСТВА BRACHYCLADIIDAE: ДОЛГАЯ ИСТОРИЯ ОДНОГО ЖИЗНЕННОГО ЦИКЛА

Г.А. Кремнев

Одним из интереснейших аспектов в изучении трематод является расшифровка их сложных жизненных циклов, обычно протекающих с участием нескольких хозяев из числа как позвоночных, так и беспозвоночных животных. Например, впервые расшифровать жизненный цикл трематод, паразитирующих в морских млекопитающих, нам удалось в результате перепроверки данных о спектре промежуточных хозяев видов рода *Neophasis*, паразитов морских рыб (Kremnev et al., 2020). Однако этот пазл все еще не был собран полностью, поскольку тогда в анализ не были включены метацеркарии из двустворчатых моллюсков и редий с церкариями из брюхоногих моллюсков *Cryptonatica affinis*, обнаруженных в Баренцевом море (Чубрик, 1966) и отнесенных к виду *N. oculata*.

В течение последних пяти лет был собран материал из Белого, Баренцева и Печорского морей по двустворчатым моллюскам и гастроподам из семейства Naticidae, потенциальным промежуточным хозяевам трематод из семейства Brachycladiidae, паразитов морских млекопитающих. При этом удалось найти партенит и личинок трематод, сходных с описанными Г.К. Чубрик, а именно метацеркарий в двустворчатых моллюсках из семейств Cardiidae и Pectinidae, а также редий с церкариями в гастроподe *C. affinis*. Применение молекулярно-генетических методов позволило однозначно показать принадлежность этих стадий развития к трематодам из семейства Brachycladiidae. Обнаруженные метацеркарии из двустворчатых моллюсков относятся к виду *Orthosplanchnus arcticus*, паразиту тюленей и моржа, жизненный цикл которого был расшифрован нами ранее. В то же время редии и церкарии из *C. affinis* оказались стадиями развития другого вида брахикладиид, *Campula oblonga*, паразита зубатых китов. Таким образом, впервые удалось частично расшифровать жизненный цикл трематоды, использующей китообразных в качестве окончательного хозяина. Наконец, были полностью перепроверены данные о жизненном цикле *N. oculata*, который, как выяснилось, включал стадии развития трех разных видов трематод из двух близкородственных семейств: марит *N. oculata* из европейского керчака (Acanthocolpidae клада А),

редий и церкарий *C. oblonga* из гастроподы *C. affinis* (Brachycladiidae) и метацеркарий *O. arcticus* из двустворчатых моллюсков (Brachycladiidae).

В настоящем сообщении содержатся подробности текущей работы с трематодами семейства Brachycladiidae. На примере *O. arcticus* выполнено сравнение данных о зараженности вторых промежуточных хозяев и строении метацеркарий из разных видов двустворчатых моллюсков, а также приведены результаты анализа внутривидовой генетической изменчивости. Все это позволяет обсудить наличие ранее не описанных трофических связей в Арктике, а также рассмотреть популяционную структуру и связность популяций *O. arcticus* в арктических и субарктических морях. На примере *C. oblonga* проведен анализ внутривидовой генетической изменчивости образцов из Северной Атлантики, европейской Субарктики и Северной Пацифики и впервые показано наличие потенциального комплекса (псевдо) криптических видов среди Brachycladiidae. Эти данные важны для определения вероятного места зарождения видов данного комплекса и соотнесения дивергенции генетических линий паразитов с эволюцией и географическим распространением их окончательных хозяев. Показано, что специфичность к первому промежуточному хозяину может выступать в качестве важного драйвера эволюции трематод, паразитирующих в морских млекопитающих.

Работа поддержана грантом РФФ № 25-24-00386 (<https://rscf.ru/project/25-24-00386/>).

ПРЕДСТАВИТЕЛИ СЕМЕЙСТВА АМОЕВИДАЕ (АМОЕВОЗОА, ТУБУЛИНЕА) ИЗ МОРСКИХ И СОЛОНОВОДНЫХ БИОТОПОВ

А.А. Кудрявцев, Е.Н. Волкова

Настоящее сообщение посвящено новым сведениям о распространении некоторых таксонов амeboидных протистов (Амoebozoa) в солонатоводных биотопах. Представители семейства Амoebidae Ehrenberg, 1838, известные как «протеусные амёбы», в современной системе Амoebozoa представлены родами *Amoeba* Bory de St. Vincent, 1822, *Chaos* L., 1767, *Deuteramoeba* Page, 1986, *Hydramoeba* Reynolds and Looper, 1928, *Metachaos* Schaeffer, 1926 и *Trichamoeba* Fromentel,

1874. Традиционно в состав этих родов входят классические модельные объекты, используемые не только в протистологии, но и в биологии клетки. Кроме того, *Amoeba proteus* представляет собой амебоидный организм, наиболее широко применяемый в учебных целях. Вместе с тем распространение этой группы амебоидных протистов считается ограниченным пресноводными и почвенными биотопами. Все морские представители этих родов известны лишь из работ конца 19-го – первой половины 20-го веков. Многие из них были описаны в составе рода *Amoeba*, однако часть была впоследствии перенесена в другие роды, но остаются 13 морских и солоноватоводных видов (последние два были описаны в 1952 г.), которые никогда не были включены в другие роды. Из работ начала 20-го века известны также один морской вид в составе рода *Metachaos* и четыре морских вида в составе рода *Trichamoeba*. Анализ ранних описаний морских представителей рода *Amoeba* показывает, что все они должны быть либо перенесены в другие роды, либо признаны невалидными, а представители других родов никогда не были переисследованы современными методами.

Таким образом, на современном этапе среди исследователей сложилось общее мнение, что представители семейства Amoebidae в морских и солоноватоводных биотопах либо не встречаются, либо крайне редки и малочисленны, поэтому достоверно известны и детально изучены лишь пресноводные и почвенные представители этой группы. Однако результаты, полученные нами в ходе выполнения проекта по изучению разнообразия и распространения амебоидных протистов в морских биотопах, опровергают эту точку зрения. В течение последних лет нам удалось выделить и изучить два штамма амебоидных протистов из солоноватоводных и морских биотопов. Один из этих штаммов был обнаружен в пробе прибрежного грунта, отобранной на северном побережье Финского залива в районе Комарово (Санкт-Петербург), а второй выделен из материала, ассоциированного со ставромедузой *Haliclystus auricula*, собранной на побережье Восточного Мурмана (Дальние Зеленцы, Баренцево море). Оба штамма обладают локомоторной формой политактического или монотактического морфотипа, до 100 мкм в длину, и ядро везикулярного типа, с центральным ядрышком. Молекулярно-филогенетический анализ, проведенный на основе последовательностей генов 18S рРНК и субъединицы 1 цитохромоксидазы (Cox1) показывает, что оба штамма группируются внутри Amoebidae и образуют единую ветвь между базальным родом *Deuteroamoeba* и остальными родами этой группы. Таким образом, по совокупности морфологических и

молекулярных данных обнаруженных нами амёб можно отнести к новым видам в составе отдельного рода амебид. Следует отметить, что первый штамм, будучи выделенным из сильно распреснённого биотопа на побережье Финского залива, вырос только в высевах материала в воду с соленостью 18 и 30‰ и ни разу не был обнаружен в посевах той же пробы в пресную воду. Полученные результаты опровергают распространенные представления о недостоверности находок морских и солоноватоводных представителей семейства Amoebidae.

Мы благодарны В.Р. Хабибулиной за предоставленный живой материал из Баренцева моря. Исследование выполнено при поддержке гранта РФФИ № 20-14-00181 (<https://rscf.ru/project/20-14-00181/>) с использованием оборудования ЦКП «Таксон».

ОБНАРУЖЕНИЕ СВЯЗИ ВИДОВ РОДА *CYBOCERPHALUS* (COLEOPTERA, NITIDULIDAE) С ТРАВЯНИСТЫМИ РАСТЕНИЯМИ

А.С. Курочкин¹, А.Г. Кирейчук²

*¹Самарский национальный исследовательский университет
им. академика С.П. Королёва,*

²Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург

Подсемейство Cybocerphalinae – специализированная группа жуков-блестянок, представленная облигатными паразитоидами червецов, белокрылок и, возможно, растительноядных клещей в обеих активных фазах жизненного цикла (Endrödy-Younga, 1962, 1968, 1974; Kirejtshuk, 1995; Kirejtshuk et al., 1997; Kirejtshuk, Mantič, 2015 и др.). Оно имеет всесветное распространение, доходя до приполярных регионов и достигая наибольшего разнообразия в тропиках и субтропиках, и известно, начиная с самых нижних слоев эоцена из французского и балтийского янтаря (Kirejtshuk, Nel, 2008; Kurochkin, Kirejtshuk, 2010). По последним данным, подсемейство включает более 200 рецентных и вымерших видов из 16 родов, включая один вымерший (Smith, 2021, 2022; Smith, Szawaryn, 2023). Взрослые жуки и личинки имеют много особенностей строения, из-за которых некоторые исследователи рассматривают группу в ранге самостоятельного семейства, хотя основные морфологические черты свидетельствуют об их принадлежности к нитидулиной линии в семействе Nitidulidae.

В 2010 г. в Среднем Поволжье был найден новый вид рода *Cybocephalus*, обитающий в степных биотопах и характеризующийся исключительной связью со злаком *Festuca valesiaca*, на котором, как было установлено позднее, обитают червецы, паразитоидом которых он является. До этой находки считалось, что виды подсемейства *Cybocephalinae* биотопически связаны с древесно-кустарниковой растительностью и являются открытоживущими, хотя гипогейный *Hierronius madeiraensis* населяет подстилочный и почвенный слой с корнями кустарников, пораженными червецами (Kirejtshuk, Mantič, 2015). Нами показано, что жуки нового вида, в отличие от других представителей рода, характеризуются сильно редуцированными задними крыльями у большого числа особей в изученных популяциях, что сопряжено с прикорневым (подземным) образом жизни. Прослеживается структурное сходство нового вида с группой короткокрылых и бескрылых цибоцефалин родов *Apastillus*, *Hierronius*, *Pastillus* и *Pastillodes*. Зрелые личинки нового вида *Cybocephalus* характеризуются сравнительно узким и удлинённым (почти цилиндрическим) телом, в то время у других известных видов оно более или менее веретеновидное, наиболее широкое у основания брюшка и равномерно сужающееся кпереди и кзади, с пигментированными пятнами на всех сегментах тела. Следует также отметить значительные отличия в способе перемещения личинки нового вида, которая при ползании использует только ноги, по-видимому, без сокращений и изгибов тела, как это делают другие виды подсемейства. Важно отметить, что еще один вид рода *Cybocephalus*, недавно обнаруженный в Казахстане, связан с влагалищными червецами на *Festuca valesiaca* в биотопах с травянистой растительностью.

Впервые выявленная облигатная связь двух видов рода *Cybocephalus* с травянистыми растениями показывает на неизвестные ранее особенности биологии цибоцефалин и их биотопического предпочтения. Редкость такого образа жизни следует рассматривать как не прямое свидетельство сравнительно недавнего его формирования, по крайней мере, не ранее появления степных травяных биомов. Можно предполагать, что ему, как и появлению приуроченности к злаковым червецам, предшествовал образ жизни, обнаруженный у видов специализированных родов с укороченными или редуцированными задними крыльями (*Apastillus*, *Hierronius*, *Pastillus* и *Pastillodes*). Однако, поскольку укорочение метавентрита новых видов рода *Cybocephalus* не достигло той степени, какая известна у этих родов, есть основания считать, что подобные эволюционные преобразования произошли

у их предка(ов) позже. Следует отметить, что виды вымершего рода *Pastillocenicus* также имеют несколько укороченный метавентрит, и причины этого укорочения, по-видимому, аналогичны тем, которые установлены для современных представителей подсемейства.

СКОРОСТИ ФИЛЬТРАЦИИ И СЕЛЕКТИВНОЕ ПИТАНИЕ *ARCTICA ISLANDICA* (BIVALVIA) В БЕЛОМ МОРЕ

П.Я. Лаврентьев, П.А. Лезин

Двустворчатый моллюск *Arctica islandica* (L.) широко распространен в Северной Атлантике и прилегающих полярных водах, включая Белое море. Он стал объектом интенсивных исследований благодаря своему промысловому значению и чрезвычайной долговечности. Однако мало что известно о его трофическом поведении, за исключением нескольких лабораторных экспериментов, использовавших культивированные водоросли. В этом исследовании моллюскам различных возрастных категорий (длина раковины от 9 до 35 мм) в качестве пищи был предложен планктон, свежесобранный в прибрежных водах Белого моря. В ходе экспериментов *A. islandica* использовала широкий спектр кормовых объектов, от пикопланктонных цианобактерий (<2 мкм) и нано-криптофит до цепочек диатомей (>250 мкм в длину). Скорости фильтрации варьировали от 0.36 л ч⁻¹ до 5.90 л ч⁻¹, при этом максимальные удельные скорости фильтрации (6.02 л ч⁻¹ г⁻¹ сырого веса тканей) соответствовали показателям, ранее опубликованным для литоральных мидий, таких как *Mytilus edulis*. Рассчитанная селективность питания увеличивалась нелинейно с размером пищевых частиц, однако моллюски также выбирали между клетками схожего размера и таксономической принадлежности. В дополнение к предпочитаемому диатомовому фитопланктону моллюски также отфильтровывали гетеротрофных динофлагеллят и других микро-консументов. На основании скорости поглощения планктона рацион *A. islandica* равнялся ~1% углерода ее тканей в день и соответствовал рассчитанной удельной скорости роста 0.003 д⁻¹.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА БИОЛОГИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ И КОНЦЕПЦИЯ ПОЛИТИПИЧЕСКОГО ВИДА В XXI ВЕКЕ

В.А. Лухтанов

Концепция политипического вида возникла в первые десятилетия 20-го века как теоретическая конструкция, описывающая систему зарождающихся видов (=подвидов), возникших от общего предка и имеющих четкую географическую приуроченность. Основой концепции является модель аллопатрического видообразования, согласно которой подвиды (которые затем имеют шанс превратиться в виды) возникают из географических изолятов, формирующихся в результате фрагментации исходного ареала и/или дисперсии. Эта модель не только безупречна в теоретическом отношении, но и является основой многих, если не подавляющего большинства реальных актов видообразования.

Концепция политипического вида была первоначально с энтузиазмом воспринята систематиками, так как она создавала необходимые теоретические предпосылки для таксономического упорядочивания внутривидовой географической изменчивости. Но проблема состояла в том, что практическая реализация этой концепции с целью выявления конкретных подвидов была основана на анализе фенотипических признаков, которые являются плохими маркерами реальных эволюционных линий и генеалогических взаимоотношений. Их использование на протяжении почти всего прошлого столетия привело к описанию чрезмерного числа плохо обоснованных подвидов и почти всеобщему скептицизму в отношении использования подвида как таксономической категории.

Интерес к категории подвида снова возник на рубеже прошлого и нынешнего веков в связи с возникновением такой новой научной дисциплины, как филогеография. Популяционный анализ молекулярных маркеров выявил сложно подразделенную структуру гигантского числа видовых комплексов, и появилась концепция подвида как филогеографической сублинии, а не совокупности фенотипически сходных популяций (Ball, Avise, 1992; Dufresnes et al., 2023). Однако эта концепция нуждается в развитии, так как ее доказательная база до сих пор основывается преимущественно на изучении единичных маркеров, а не полных геномов.

Опираясь на оригинальные монолокусные (ДНК-баркоды) и полногеномные данные, выявляющие генетическую структуру не-

скольких видовых комплексов чешуекрылых (Lepidoptera), а также на анализ литературных источников, обосновываются следующие положения:

(1) концепция подвида как филогеографической сублинии возвращает нас к исходной идее подвида как зарождающегося вида;

(2) такая концепция является адекватным отображением реальной структуры биологического разнообразия и может использоваться в качестве универсального шаблона для описания таксонов видового уровня (Lukhtanov, 2024).

Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта Российского научного фонда № 24-14-00047 (<https://rscf.ru/project/24-14-00047/>).

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ И ГИБРИДОГЕНЕЗ В ПОПУЛЯЦИОННЫХ СИСТЕМАХ ЗЕЛЕННЫХ ЛЯГУШЕК ВОСТОЧНОЙ ЕВРОПЫ

М.И. Матюшова

Некоторые гибридогенные виды рода *Pelophylax* Fitzinger, 1843 характеризуются полуклональным воспроизводством («гибридогенез»), при котором один из родительских геномов в зародышевых клетках удаляется, а другой проходит эндорепликацию и передается в гаметы без рекомбинации (клонально). Гибридогенные виды чаще всего обитают синтопично с одним или обоими родительскими видами, образуя так называемые популяционные системы, в которых гибриды могут успешно воспроизводиться. Считается, что на востоке Европы обитают три вида зеленых лягушек: озерная *P. ridibundus* (Pallas, 1771), прудовая *P. lessonae* (Camerano, 1882), и съедобная *P. esculentus* (L., 1758). При этом последняя произошла в результате гибридизации первых двух. Однако оказалось, что на территории Восточно-Европейской равнины *P. ridibundus* представлена несколькими криптическими видами, что осложняет исследование популяционных систем, но открывает ряд новых возможностей для понимания механизмов гибридогенеза. Гибридогенные *P. esculentus* характеризуются разными вариантами гаметогенеза, и у них может элиминироваться геном как одного из родительских видов, так и другого. Иногда оба варианта сочетаются у одной и той же особи, и часть гамет несет геном озерной лягушки, тогда как другая часть – прудовой. При продвижении с севера на юг ареала

наблюдается изменение в генетической структуре озерной лягушки: возрастает доля генов анатолийской озерной лягушки, *Pelophylax* cf. *bedriagae*. Параллельно наблюдается изменение вариантов гаметогенеза у съедобной лягушки в сторону уменьшения доли гамет, несущих геном *P. ridibundus*. В связи с этим можно высказать гипотезу о влиянии генов этого криптического вида на гаметогенез гибридов.

Исследование генетической изменчивости включало в себя анализ таргетных генов (с помощью мультиплексной ПЦР) и геномных данных, в частности митохондрионов и пула ядерных генов. Для определения влияния генетической структуры родительских видов на элиминацию генома гибридов были проведены скрещивания, геномный анализ родительских видов и цитогенетические исследования головастика гибридов с использованием метода FISH. Полученные данные показали превалирование генов *P. cf. bedriagae* на Кавказе.

Длина митохондрионов зеленых лягушек без контрольного региона составляет 15380 п.н., а общая длина составляет в среднем 17900 п.н. (меняется из-за разного количества повторов в CR). Анализ 47 митохондрионов западнопалеарктических видов рода *Pelophylax* выявил 4190 мутаций, 3684 полиморфных сайтов и 1474 одиночных мутаций. Число гаплотипов составило 36 в 47 генетических линиях. Самые высокие показатели разнообразия нуклеотидов и гаплотипов отмечены для генов NADH-дегидрогеназы, цитохром-с-оксидазы и цитохрома *b*. Гены рибосомальной РНК (12S rRNA и 16S rRNA) наиболее изменчивы у прудовой лягушки. Общая топология деревьев, построенных на основе разных CDS, совпадает, за исключением некоторых позиций внутри клад. Наибольшая генетическая дистанция отмечена между *P. cretensis* и *P. shqipericus* (0,129), наименьшая – между *P. ridibundus* из Поволжья и Центральной Европы (0,001). Центральнo-европейская клада озерной лягушки характеризуется самыми низкими показателями генетической изменчивости, тогда как самые высокие отмечены для анатолийской *P. cf. bedriagae*.

Анализ элиминируемого генома в зародышевых клетках гибридных головастика показал отсутствие корреляции между вариантом гаметогенеза и генетической структурой родительских видов, что противоречит гипотезе о влиянии генетической структуры гибридов на элиминацию генома. Вероятно, будущие исследования с включением кинетохорных и центромерных генов или с детекцией эпигенетической регуляции позволят пролить свет на данный вопрос.

ГУБКИ РОДА *SUBERITES* (PORIFERA) АРКТИКИ

Г.С. Морозов

Губки рода *Suberites* Nardo, 1833 распространены всесветно, но наибольшего разнообразия достигают в северных широтах. Недавними исследованиями показано, что ряд видов, населяющих моря Северного Полушария, представляют собой видовые комплексы (Austin et al., 2014; Turner et al., 2024). Долгое время считалось, что в морях Российской Арктики обитают лишь два представителя рода, *Suberites montiniger* Carter 1880 и *S. domuncula* (Olivi, 1792). Для *S. domuncula* был выделен ряд вариететов неопределенного статуса (Колтун, 1966), в том числе *S. domuncula* var. *ficus* (Johnson, 1842) – высокополиморфная губка с панарктическим распространением.

Недавно на основе традиционного морфологического подхода было показано (Morozov et al., 2023), что североатлантический бореальный *Suberites ficus* замещен в арктической области двумя близкородственными видами: в восточной, притихоокеанской Арктике – *S. cebriones* Morozov, 2019, в западной, приатлантической Арктике – *S. luetkenii* Schmidt, 1870. В популяции *S. luetkenii* Баренцева моря был выделен ряд морфотипов неясного таксономического статуса. В настоящей работе с использованием интегративного подхода доказывается, что выделенные ранее морфы являются конспецифичными. На основе изучения митохондриального *COI* и ядерного *28S* локусов, были построены две филогении семейства Suberitidae, хорошо согласующиеся друг с другом и содержащие две хорошо поддержанные сестринские клады: кладу *Suberites sensu stricto*, включающую виды из бореальных частей Северной Атлантики и Пацифики, связанных мутуалистическими отношениями с раком-отшельником, а также ‘арктическую’ кладу.

Предполагается, что глубокая дивергенция между двумя сестринскими кладами могла развиваться в течение ледниковых/межледниковых циклов четвертичного периода (последние ~2.6 млн лет). Межледниковые трансгрессии, вероятно, способствовали обмену северотихоокеанскими и североатлантическими бореальными элементами (Несис, 1963; Колтун, 1964; Вермей, 1991; Дантон, 1992; Виноградова, 1997). Последующие разрыв и изоляция отдаленных популяций во времена полномасштабных оледенений привела к аллопатрическому видообразованию и дифференциации

североатлантических, арктических и северотихоокеанских фаун. Тесное сходство между бореальными северотихоокеанскими и североатлантическими фаунами с одной стороны, и стоящая особняком арктическая фауна – с другой, подразумевает возможность вторичных контактов между бореальными фаунами во время последних межледниковий, без фактического участия арктической фауны в этом обмене. Раз возникнув ‘арктическая’ клада продолжала развиваться независимо.

Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда в рамках проекта № 24-74-00031 (<https://rscf.ru/project/24-24-004031/>).

ПРОБЛЕМЫ РАЗДЕЛЕНИЯ ШИРОКОАРЕАЛЬНЫХ ВИДОВ НАСЕКОМЫХ НА ПРИМЕРЕ ТРАНСПАЛЕАРКТИЧЕСКОГО РОДА *APOLYGUS* (INSECTA: HETEROPTERA: MIRIDAE)

А.А. Намятова, П.А. Джелали, Д.С. Большакова

Miridae, или клопы-слепняки, – одно из самых больших семейств насекомых. В Палеарктике обитает более 2700 видов этой группы, и некоторые из них имеют широкие ареалы, простирающиеся на тысячи километров и покрывающие территорию как Европы, так и Азии. Определение видов в некоторых родах остается очень сложной задачей, и границы между ними зачастую неочевидны. Одним из таких родов является *Apolygus*, который насчитывает 73 вида; его представители распространены от Западной Европы до Восточной и Южной Азии, обитая в очень разных климатических зонах бореального пояса, субтропиков и тропиков. При этом виды *A. limbatus*, *A. lucorum* и *A. spinolae* считаются транспалеарктическими, *A. nigronasutus* известен только из Сибири, а все остальные обитают в Восточной и Южной Азии с относительно большим разнообразием на Дальнем Востоке России. Существуют сомнения в том, что *A. lucorum* и *A. spinolae* – это отдельные виды, поскольку их различают преимущественно по окраске, а работы последних лет показали, что их невозможно разделить на основе баркодинга. Эта проблема имеет еще и прикладное значение, поскольку оба вида считаются серьезными вредителями хлопчатника, фруктов и овощей в Азии, а *A. lucorum* – еще и инвазивный вид, завезенный в Северную Америку.

В нашем исследовании были две цели: (1) ревизовать фауну рода *Apolygus* России и (2) протестировать границы *A. lucorum* и *A. spinolae*

на основе молекулярных и морфологических данных. Для этого были изучены тысячи экземпляров представителей этого рода, хранящихся в Зоологическом институте РАН, выделено ДНК из 87 экземпляров 11 видов и получены последовательности двух митохондриальных (COI и 16S rRNA) и двух ядерных (ITS1 и 28S rRNA) маркеров. Последовательности COI, 16S rRNA и 28S rRNA для еще 15 видов добавлены из Генбанка. Был проведен филогенетический анализ и анализы по автоматическому разделению видов (ABGD, GMYC, PTP), построены гаплотипические сети и откалибрована филогения на основе информации о скорости эволюции используемых маркеров, чтобы понять, когда могло произойти расхождение групп внутри *Apolygus*. Оказалось, что ядерные маркеры показывают филогению, соответствующую морфологическим данным, тогда как в филогениях, построенных на основе только митохондриальных маркеров, есть заметные несоответствия, которые могут свидетельствовать о наличии псевдогенов и гибридизации. Таким образом, баркодинговый регион не подходит для разделения и определения видов внутри рода *Apolygus*.

Исследования показали, что *A. lucorum*, а также *A. nigronasutus*, *A. nigrovirens* и *A. malaisei* – это младшие синонимы *A. spinolae*. Анализы по разделению видов показали, что *A. lucorum*, а также *A. nigronasutus*, *A. nigrovirens* и *A. malaisei* следует рассматривать как младшие синонимы *A. spinolae* – вида, который мог возникнуть 2–4 млн лет назад. В пределах этого вида выделяются две клады, разделившиеся 1–2 млн лет назад; они не могут быть как-то охарактеризованы по окраске, однако одна из них включает почти все экземпляры с окраской, типичной для *A. spinolae*, а другая включает все экземпляры, прежде определявшиеся как *A. lucorum* и *A. malaisei*. Изучение генитальных структур *A. limbatus* показало, что этот вид может представлять собой комплекс из двух очень похожих видов, один из которых обитает только в Европе, а другой – только в Азии. Филогения, построенная на основе COI, также указывает, что это возможно. Однако для того, чтобы окончательно решить вопрос, в анализ надо включить ядерные маркеры экземпляров как из европейской, так и из азиатской частей ареала.

В результате проведенного исследования мы также описали один новый для науки вид, *Apolygus shikotan*, экземпляры которого находились в типовой серии другого вида, *A. infamis*. Также впервые для России отмечены два вида, ранее известные только из Японии и Кореи, *A. gotorum* и *A. subhilaris*; соответствующие экземпляры ранее были определены как *A. hilaris*.

СТРОЕНИЕ ВОДОНОСНОЙ СИСТЕМЫ ИЗВЕСТКОВЫХ ГУБОК (CALCAREA) КАК ТАКСОНОМИЧЕСКИЙ ПРИЗНАК

Е.А. Нефедова

Первая классификация известковых губок была опубликована Геккелем в 1870 г. и доработана немного позже им же и Ленденфельдом (Haeckel, 1870, 1872; Lendenfeld, 1891). Для ее построения были использованы два основных признака: строение водоносной системы и присутствие разных по количеству лучей типов спикул. Многие родовые названия до сих пор несут отпечаток той классификации: Геккель в начале названия рода указывал тип водоносной системы, а в конце – комбинацию типов спикул, встречающихся в скелете. Так, название *Sycetta* указывает на присутствие сиконоидной водоносной системы, а *Leucandra* – лейконоидной. Впоследствии принципы классификации изменились, однако признак “тип водоносной системы” сохранился в том или ином виде и используется теперь для выделения родов.

К 70-м годам XX в. стало известно, что все известковые губки после оседания личинки претерпевают метаморфозы и формируют асконоидную губку – олинтус; при этом строение личинки не имеет значения. С другой стороны, представители нескольких родов известковых губок на протяжении всей жизни имеют водоносную систему типа аскон, а остальные губки в процессе развития приобретают водоносную систему другого, более сложно устроенного типа. Для губок рода *Sycon* (Leucosolenida) был показан способ превращения асконоидной водоносной системы олинтуса в сиконоидную взрослой губки (Schulze, 1878; Maas, 1900; Tuzet, 1973). Формирование водоносных систем селейбидного и лейконоидного типа изучено не было. Не так давно, уже в этом веке, был найден новый тип водоносной системы, занимающий в отряде Clathrinida такое же промежуточное положение между асконом и лейконом, как сикон в отряде Leucosolenida. Его назвали соленоидом, и обнаружен он был у представителей двух родов: *Leucascus* и *Neoernsta* (Cavalcanti, Klutau, 2011; Sanamyan et al., 2019). Как он образуется, тоже неизвестно. Таким образом, известны пять типов водоносных систем, причем развитие трех из них в онтогенезе не было описано. Также известно, что из личинки всегда формируется асконоидный олинтус.

Однако возникает ряд вопросов. Каким образом и в течение какого времени происходит изменение строения водоносной системы у разных видов? И можем ли мы переходные стадии, полученные в процессе изменения строения водоносной системы, однозначно таксономически идентифицировать?

За последние более чем десять лет нам удалось многократно повторить опыт Тюзэ по выращиванию губки рода *Sycon* в лабораторных условиях. Образцы выращивали в больших морских аквариумах, что позволило наблюдать развитие губок на нескольких тысячах экземпляров, в том числе и происходившее одновременно, но не дало возможности отследить выход и оседание личинок. В последний год удалось также привнести в аквариумы представителей рода *Neoernsta*. Наблюдения за представителями этих родов показывают, что рост и развитие этих известковых губок может останавливаться на любой стадии по неизвестным причинам. Вместо характерных для этих видов сиконоидной и соленоидной водоносных систем мы можем видеть различные переходные стадии, такие как аскон с одним рядом радиальных камер или соленоид с недоразвившимся атриумом. По прошествии нескольких месяцев, губки могут продолжить развитие, формируя полноценную сиконоидную или соленоидную водоносную систему. Таким образом, известковые губки рассмотренных видов могут изменять строение водоносной системы от асконоидной до характерной для вида, как в течение нескольких дней, так и более продолжительное время, имея в периоды роста и развития нетипичное строение.

СЕЗОННАЯ ДИНАМИКА ГРУППИРОВОК ПАРТЕНИТ ДВУХ ВИДОВ ТРЕМАТОД РОДА *HIMASTHLA* DIETZ, 1909 (СЕМ. HIMASTHLIDAE) В ЛИТОРАЛЬНЫХ МОЛЛЮСКАХ БЕЛОГО МОРЯ

К.Е. Николаев, И.А. Левакин, К.В. Галактионов

Проведен анализ сезонной динамики возрастного состава группировок партенит (редий) двух близких видов трематод – *Himasthla elongata* (Mehlis, 1831) и *H. littorinae* Stunkard, 1966 в моллюсках *Littorina littorea* и *L. saxatilis* и *L. obtusata*, соответственно. Использована оригинальная методика оценки демографического состава группировок редий в моллюсках-хозяевах, основанная на оценке возраста эмбрионов гермафродитного поколения, развивающихся в этих партенитах.

Показано, что в группировках партенит *H. elongata* сезонные изменения выражены незначительно. В составе группировки постоянно имеется пул молодых особей, который составляет 20–25% от ее численности и не претерпевает существенных сезонных изменений. Редии, содержащие подвижных церкарий, также присутствуют на протяжении всего года, составляя 40–50% группировки, за исключением зимних месяцев, когда их доля снижается до 13%. Кроме того, в составе группировки, круглогодично имеются редии с эмбрионами церкарий (7–10%) и со сформированными, но неподвижными церкариями (поздними эмбрионами) (25–30%), доля которых остается относительно постоянной во все сезоны. Также постоянно присутствуют дегенерирующие редии, составляющие 10–15% от численности группировки и единичные редии с эмбрионами себе подобных. Молодые редии представляют собой резерв для пополнения производящей церкарий части группировки, а не касту «солдат» в «колонии» редий, которые, согласно воззрениям Хечингера и др. (Hechinger et al., 2010), истребляют партенит других видов или редий того же вида в случае повторного заражения хозяина.

Группировки партенит *H. littorinae* в моллюсках *L. saxatilis* и *L. obtusata* претерпевают более выраженные сезонные перестройки. Доля молодых редий в составе группировки, неизменная весной и летом (10–12%), значительно возрастает осенью (20%), а доля зрелых редий с подвижными церкариями, максимальная летом (30%), значительно снижается в осенние месяцы (до 4%). Присутствующие в группировках редии с эмбрионами церкарий и со сформированными, но еще неподвижными церкариями (поздними эмбрионами), формируют около 40–50% состава группировки и процент этот не испытывает значимых сезонных колебаний. То же относится и к дегенерирующим редиям, доля которых во все сезоны составляет около 10% от численности группировки, и единичным редиям с эмбрионами себе подобных.

На основании полученных данных можно предположить, что в крупных, долгоживущих моллюсках *L. littorea* имеет место постоянное самообновление группировки партенит *H. elongata* за счет имеющегося и пополняющегося пула молодых редий и гибели старых особей. Эти процессы идут постоянно за исключением зимних месяцев, когда развитие партенит приостанавливается. Обновление состава группировок редий *H. littorinae* приурочено к осенне-зимнему периоду, когда большая часть зрелых редий дегенерирует, а им на смену приходят особи следующей партеногенетической генерации. Развитие этих молодых редий проходит летом следующего года.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 23-14-00329 (<https://rscf.ru/project/23-14-00329/>) и в рамках тем государственного задания №№ 125012800889-2 и 125012800903-5.

НЕЙРОВАСКУЛЯРНЫЕ СИСТЕМЫ В ЧЕЛЮСТЯХ АКРОДОНТНЫХ ЯЩЕРИЦ (SQUAMATA: ACRODONTA) ИЗ СРЕДНЕГО ЭОЦЕНА ЮЖНОЙ МОНГОЛИИ

И.А. Парахин¹, Е.В. Сыромятникова¹, П.П. Скучас²

¹*Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург,*

²*Санкт-Петербургский государственный университет*

Нейроваскулярные системы – это системы сосудов и нервов, проходящих в каналах внутри костей позвоночных животных. Выходя наружу через нейроваскулярные отверстия, они снабжают кровью и иннервируют окружающие мягкие ткани. В костях челюстей у лепидозавров и, в частности, у чешуйчатых (Squamata) в данных каналах сосуды и нервы проходят параллельно друг другу. Через каналы верхнечелюстной кости проходят верхнечелюстные артерия и вена и верхнечелюстная ветвь тройничного нерва, в каналах зубной кости – нижнечелюстные артерия и вена и нижнечелюстная ветвь тройничного нерва (Porter, Witmer, 2015). Особое строение имеют каналы нейроваскулярных систем в челюстях акродонтных игуаний (Squamata: Iguania: Acrodonta) – группы, представленной в современной фауне ящерицами семейств Agamidae и Chamaeleonidae. Зубные каналы в челюстях акродонтных игуаний индивидуальны для каждого зуба и зачастую удлинены (как у представителей рода *Uromastix* Merrem, 1820), пульпы зубов часто уменьшены, особенно в наиболее передних зубах на челюстях. Для представителей семейства Chamaeleonidae характерны множественные анастомозы между зубными каналами. Ещё одной особенностью строения нейроваскулярных систем Chamaeleonidae является уменьшение альвеолярного канала и количества его латеральных ответвлений.

Эволюция и этапы преобразования нейроваскулярных систем у ящериц в целом, и у акродонтных игуаний в частности, недостаточно изучены. Известно, что акродонтные игуании появились во второй половине мелового периода (Alifanov, 1989; Gao, Norell, 2000; Conrad, 2008), а в палеогене стали широко распространены на территории Евразии. Одной из групп палеогеновых акродонтных игуаний являются

представители семейства Changjiangosauridae (Hou, 1974; Alifanov, 2009). Целью нашей работы было изучение строения нейроваскулярных систем ящериц этой группы и сравнение с аналогичными системами современных представителей акродонтных игуаний. С помощью микротомографа были изучены верхнечелюстная и зубная кости представителя семейства Changjiangosauridae – ящерицы *Khaichinsaurus rechetovi* (Alifanov, 2009) из среднего эоцена Южной Монголии. В качестве сравнительного материала использовались данные томографии черепов современных ящериц семейств Agamidae и Chamaeleonidae, доступные в открытых базах данных (MorphoSource).

В результате работы были выявлены сходства в строении нейроваскулярных систем *Kh. rechetovi* и современных акродонтных игуаний, такие как наличие нескольких альвеолярных отверстий на медиальной поверхности верхнечелюстной кости и наличие удлинённых анастомозирующих зубных каналов в костях как верхней, так и нижней челюсти. При этом ряд черт в строении нейроваскулярных систем отличает этот вид от современных Agamidae и Chamaeleonidae. У представителя семейства Changjiangosauridae зубные пульпы развиты даже в наиболее передних зубах. Крупными являются и альвеолярные каналы, которые несут большое количество латеральных ответвлений. Таким образом, в эволюции нейроваскулярных систем акродонтных игуаний изменения в строении зубных каналов предшествовали изменениям в строении альвеолярных каналов.

СВЯЗЬ СТВОЛОВЫХ НЕМАТОД С ЭНТОМОХОРНЫМИ ГРИБАМИ В МОНИТОРИНГЕ БИОБЕЗОПАСНОСТИ

А.Ю. Рысс¹, И.А. Казарцев², И.А. Керчев³, А.О. Селюк^{1, 4},
И.М. Кази⁵, К.С. Полянина¹, А.В. Селиховкин⁵

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург,

²Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Пушкин,

³Институт мониторинга климатических и экологических систем СО РАН,

⁴Санкт-Петербургский государственный университет,

⁵Санкт-Петербургский государственный лесотехнический университет

Стволовые нематоды (Aphelenchoididae) вызывают вилт и суховершинность лесных и парковых насаждений. Они обладают сложным циклом с метаморфозом, включающим, кроме древесного

растения-хозяина, также ксилобионтного жука-переносчика и энтомохорный гриб. Переносчик распространяет микробиом, включающий патогенных нематоду и гриб, а нематода после гибели дерева переходит от питания клетками проводящих сосудов растения к питанию за счет мицелия гриба в мертвой древесине (паразитическая фито-мико-трофика). Взаимоотношения «жук-гриб» и «жук-нематода» хорошо изучены, а связь «нематода-гриб» нуждается в исследовании в рамках рабочей гипотезы симбиоза, т.е. трофической избирательности и форезии.

Нами было проведено две серии тестов *in vitro* (инокулом 200 нематод разных стадий онтогенеза пропагативного поколения, температура 25°C, чашки Петри 6 см). В первой серии 5 видов ствольных нематод патогенного рода *Bursaphelenchus* протестированы в опытах размножения на энтомохорном грибе *Bjerkandera adusta* (BjA) из жука типографа *Ips typographus* с контролем на лабораторной линии паразитического гриба *Botrytis cinerea* (BoC) воздушно-капельной (не энтомохорной) дисперсии. Опыт показал, что тест на BjA может отличить сиблинговые виды из одной клады (размножается лишь один из двух близких видов). По соотношению коэффициента репродукции нематод $R = P_{fin}(BjA) / P_{fin}(BoC)$ виды можно охарактеризовать по шкале «олигофаг–полифаг». Истинным полифагом оказался *Bursaphelenchus willibaldis* из дуба, финальная популяция которого на BjA статистически достоверно была более многочисленной, чем на BoC (контроль). Гриб *Beauveria bassiana* из *Ips typographus* вызывал гибель всех видов нематод и может быть дополнительно исследован как агент биологического контроля. Во второй серии опытов был использован один вид ксилобионтных нематод (*Laimaphelenchus heidelbergi*, из гибнущего от златки *Agrilus planipennis* ясеня). Этот вид очень быстро размножается на контрольном грибе BoC и близко родственен видам патогенного рода *Bursaphelenchus*. Это единственный вид распространенного рода *Laimaphelenchus*, который нам впервые в мировой лабораторной практике удалось размножить на культурах грибов. Тесты с использованием 4 видов энтомохорных грибов и контрольного гриба BoC показали, что вид *L. heidelbergi* лучше всего размножается на контрольном грибе BoC ($R \geq 500$), показывает средние темпы размножения на энтомохорных патогенных грибах *Alternaria tenuissima* и *Leptographium piceardum* ($R \approx 100$), и слабые темпы размножения на *Trichoderma* sp. и *Geosmithia morbida* ($R \leq 25$). Хотя триходерма оказалась слабым питательным субстратом для нематод, она способна поддерживать успешное размножение этой условно патогенной

нематоды. Такой результат ставит под сомнение рекомендации по использованию суспензий на основе *Trichoderma* sp. как агентов биологического контроля против стволовых нематод. Более того, этот гриб устойчиво сохраняется в популяции нематод при пересеве из культуры *Trichoderma* sp. на контрольный гриб BoC, т.е. способен к форезии нематодами (нематохория) за счет прикрепления спор к телу нематод. Дальнейшие исследования заключаются в расширении спектра тестируемых энтомохорных грибов, форезии патогенных грибов нематодами как средства распространения грибной инфекции по стволу больного дерева, а также тесты размножения нематод совместно с патогенными грибами на черенках древесных растений.

Авторы благодарны С.А. Субботину (Pest Center, Sacramento, Ca, USA) за молекулярную идентификацию нематод. Работа выполнена на Коллекции нематод ЗИН РАН (125012800903-5) при финансовой поддержке грантов Российского Научного Фонда (№№ 24-16-00092 и 25-24-00043).

НЕОБЫЧНЫЕ ПАЗАЗИТЫ ВОДОРОСЛЕЙ ИЗ БЕЛОГО МОЯ

А.О. Селюк^{1,2}, С.А. Карпов^{1,2,3}

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург,

²Санкт-Петербургский государственный университет,

³Институт биологии внутренних вод им. И.Д. Папанина, пос. Борок

Среди гетеротрофных протистов немало таких, которые питаются водорослями. Одни, например, вампиреллиды и церкомонады, перфорируют клеточную стенку и выедают содержимое клетки, находясь на поверхности водоросли, а другие, как нуклеарии, заползают внутрь клетки и также фагоцитируют цитоплазму с органеллами и ядром. Известно, что аквакультуры водорослей, которые используются для получения биотоплива и выращиваются в открытых бассейнах, часто массово отмирают из-за поражения этими протистами. Поэтому их всестороннее изучение критически важно для разработки методов борьбы с ними.

Термины «хищник» и «паразит» плохо применимы к протистам, поэтому здесь мы разграничим их следующим образом: хищниками назовем тех, кто только питаются водорослями, а паразитами – те, у которых и питание, и размножение зависит от водорослей. У последних

также появляются дополнительные стадии жизненного цикла, так или иначе связанные с хозяином. А численность потомства паразита определяется размерами клетки хозяина, внутри которого паразит размножается.

Из проб, собранных в окрестностях ББС МГУ и ББС «Картеш» в 2023 и 2024 гг., нам удалось выделить два изолята необычных протистов, питающихся морскими макрофитами. Протист из изолята Kar-1.3 паразитирует на зеленой водоросли *Ulva torta*, а сиквенсы его рибосомных генов расположены, по предварительным данным, в кладе Cercozoa, представленной пока только природными последовательностями. Жизненный цикл этого паразита включает несколько стадий: зооспоры с двумя жгутиками проникают внутрь клетки водоросли и становятся амeboидными трофонтами, которые питаются ее содержимым и формируют многоядерный плазмодий; последний делится на зооспоры, покидающие пустую клетку водоросли через отверстие в ее клеточной стенке. Протист из изолята Cl-4.1 паразитирующий на зеленой водоросли *Rhizoclonium* sp., принадлежит к Opisthokonta, однако при реконструкции филогении с использованием лишь одного маркера – последовательности гена 18S рРНК – не удастся достоверно определить его позицию на дереве. Жизненный цикл также включает стадию зооспоры с одним задним жгутиком, которая проникает внутрь клетки водоросли и превращается в амebu, которая фагоцитирует содержимое водоросли и делится затем на две дочерние особи. Эти клетки превращаются в жгутиконосцев и покидают водоросль через отверстие в клеточной стенке. Первые данные по ультраструктуре зооспор обнаруживают сходство этого паразита с хищным жгутиконосцем из рода *Syssomonas*. Оба паразитических организма крайне необычны морфологически и относятся к малоизученным группам эукариот. По предварительным данным эти протисты будут выделены в новые таксоны ранга не ниже рода и существенно дополняют наши знания о разнообразии Cercozoa и ранних ветвей эволюции Opisthokonta.

Работа поддержана грантом РНФ 23-14-00280 (<https://rscf.ru/project/23-14-00280/>).и студенческим проектом СПбГУ 2411-033. Авторы благодарим РМиКТ СПбГУ и ЦКП «Таксон» ЗИН РАН за доступ к оборудованию и обеспечение работ по секвенированию и электронной микроскопии.

ЗООЛОГИЧЕСКИЙ ИНСТИТУТ АН СССР: УРОКИ ВЕЛИКОЙ ОТЕЧЕСТВЕННОЙ ВОЙНЫ (К 80-ЛЕТИЮ ПОБЕДЫ)

Н.В. Слепкина, Е.П. Тихонова

Страшные испытания, через которые прошла наша страна во время Великой Отечественной войны, неизменной болью отзываются в наших сердцах. Сбор материалов об этом времени продолжается. К 75-летию Победы авторами были сделаны доклады, опубликованные на сайте Зоологического института в разделе: «Зоологический музей. События». Существуют старые (Зернов, Шмальгаузен, 1944; Быховский, Тер-Минасян, 1967; Скарлато, Юрьев, 1985; Гусев, 1995; Красюкова, 1995) и новые публикации об этом времени (Бродская и др., 2021; Слепкина, 2010, 2014, 2015, 2022; Тихонова, 2015, 2019а, б, 2022). Мы уделим внимание не столько судьбе сотрудников в блокированном городе и в эвакуации, сколько практическим решениям, которые были приняты, чтобы сохранить людей и коллекции в экстремальных обстоятельствах войны.

Практически в день начала войны было решено перенести коллекции с верхнего этажа на нижний, менее опасный (их готовили к эвакуации). Часть коллекций была оставлена на музейном этаже, но банки в экспозиции были составлены вниз, чтобы уберечь их от падения при сотрясениях. В герметичных музейных шкафах, сохранявших постоянную влажность, пережили военное время коллекции насекомых, в китовый зал спускали великокняжеские шкафы. У института была выставлена охрана, камнями и мешками с песком были заложены окна нижнего этажа, налажена система дежурств МПВО, обеспечивавшая борьбу с зажигалками. Состояние коллекций постоянно проверяли.

Важнейшей задачей было спасение людей. В бомбоубежище был превращен подвал, созданы условия для постоянного пребывания сотрудников в институте, выработаны правила поведения при совместном проживании. В Приневском корпусе работали голландские печи, запас угля для которых был перенесен из котельной в здание института. В некоторых помещениях были сделаны нары, где сотрудники могли жить, дожидаясь эвакуации. Сначала город покинули академики Л.С. Берг, С.А. Зернов, Е.Н. Павловский. Позже самолетами эвакуировались некоторые доктора наук (в ноябре – Б.С. Виноградов, А.С. Мончадский, А.Н. Световидов, в декабре – А.М. Дьяконов, Г.У. Линдберг). Некоторые сотрудники выехали по Ладоге 8 февраля 1942 г. (25 человек), причем не всем им удалось спастись. Часть

сотрудников (21 человек) выехала летом того же года с академическим эшелоном через Елабугу.

В результате Зоологический институт разделился на Ленинградскую и Сталинабадскую группы. Работа Ленинградской группы шла под руководством Л.А. Портенко. Сотрудники охраняли коллекции, носили песок и воду на крышу здания, сбрасывали зажигалки, боролись с крысами, обтирали формалином книги, разбирали на дрова деревянные сооружения, выращивали кроликов, разводили огороды, искали новые источники питания, счищали снег с крыши здания института, а также во дворе и на набережной, работали на лесозаготовках и на оборонных пунктах, проводили работы для помощи фронту и блокадному городу, и при этом продолжали научную деятельность.

Труднейшие задачи решали и сотрудники, эвакуированные в Сталинабад, где к ним присоединились те, кто по каким-то причинам не был в Ленинграде в момент начала блокады. Условия в эвакуации были суровыми, выехали почти без вещей, места для жизни и работы было очень мало. Летом было проще – полевой сезон длился все теплое время. По возможности отправляли продуктовые посылки в Ленинград. Огромное значение для поддержания духа людей имела возможность продолжения работы, были даже проведены защиты диссертаций. И.А. Четыркина сопровождала в Сталинабад вагон с книгами и оборудованием.

НОВЫЕ ДАННЫЕ О ГЛУБОКОВОДНЫХ ВИДАХ ИГЛОКОЖИХ, СОБРАННЫХ ЭКСПЕДИЦИЕЙ «СЕВЕРНЫЙ ПОЛЮС 41» В ЦЕНТРАЛЬНОМ АРКТИЧЕСКОМ БАССЕЙНЕ

А.В. Смирнов, Е.Г. Панина, О.Л. Зимина, И.С. Смирнов

Иглокожие являются доминирующей группой морских беспозвоночных многих бентосных сообществ, поэтому исследование их видового состава, распространения, вертикального распределения, а также жизненных циклов и экологии представляет несомненный интерес. Фауна иглокожих арктических морей России и Центрального арктического бассейна исследуется уже более ста лет, но изучена все еще крайне неравномерно. Иглокожим Белого, Баренцева и Карского морей посвящены многочисленные работы, тогда как о фауне моря Лаптевых, Восточно-Сибирского и Чукотского морей наши сведения пока явно недостаточны. Менее всего изучена, что легко объяснить, фауна иглокожих

Центрального арктического бассейна. Лишь для нескольких видов иглокожих этой акватории опубликованы подробные сведения об их распространении (Миронов, 1995; Rogacheva, 2007; Rogacheva et al., 2013).

В 2022–2024 гг. в Арктике, главным образом, на батимальных и абиссальных глубинах О.Л. Зимина проводила сборы, тщательнейшая разборка и фотофиксация материала во время экспедиции «Северный Полюс 41», в ходе которой были исследованы районы к северу от Шпицбергена и Земли Франца-Иосифа, котловины Нансена и хребта Гаккеля, котловины Амундсена и хребта Ломоносова. Иглокожие были встречены в 42 количественных и 39 качественных пробах. В материалах экспедиции было обнаружено 2 вида морских лилий (Crinoidea), 2 вида морских звезд (Asteroidea), 12 видов офиур (Ophiuroidea), из которых наиболее часто встречались *Ophiostriatus striatus* и *Ophiecten* cf. *hastatum*, 2 вида морских ежей (Echinoidea) и 12 видов голотурий (Holothuroidea). Новые находки позволили уточнить распространение этих видов в Центральном арктическом бассейне и вертикальный диапазон их обитания.

Чрезвычайный интерес представляют находки эндемичного вида голотурий *Prototrochus theeli*, ранее известного только по первоописанию из типового местонахождения, что позволит составить переописание этого вида, а также уточнить его распространение в Арктике. Высокая научная ценность собранного материала определяется и впервые обнаруженными ранними стадиями развития четырех видов иглокожих, что существенно дополняет наши знания об онтогенезе как самих видов, так и более крупных таксонов в целом. Среди сделанных находок прежде всего следует отметить цистоидную и пентакриноидную стадии развития стебельчатой морской лилии *Bathycrinus carpenterii*, поскольку личиночные стадии представителей подотряда Bourgueticrinina, к которому относится данный вид, до сих пор описаны не были. Сравнительный анализ морфологии этих стадий развития и стадий развития бесстебельчатых морских лилий подтверждает правильность помещения подотряда Bourgueticrinina внутри отряда Comatulida, который ранее включал только бесстебельчатые формы. Кроме того, впервые были обнаружены постларвальные стадии развития морского ежа *Pourtalesia jeffreysi* (Pourtalesidae, отряд Holasteroidea), а также стадии пентактулы у голотурий *Elpidia* sp. (Elpidiidae, отряд Elasipodida) и *Molpadia* sp. (Molpadiidae, отряд Molpadida). Эти находки существенно дополняют имеющиеся сведения о развитии морских ежей отряда Holasteroidea, а также позволяют получить новые данные о развитии скелетных элемен-

тов голотурий отрядов Elaspodida и Molpadida. В пробах, собранных в апреле 2024 г., также отмечено большое число ювенилов рода *Ophiura* (Ophiuridae, отряд Ophiurida).

МЕТОД IRAP В ИЗУЧЕНИИ РЕТРОЭЛЕМЕНТОВ ТРЕМАТОД: НОВЫЕ ВОЗМОЖНОСТИ ДЛЯ АНАЛИЗА ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПОЛИМОРФИЗМОВ

А.И. Соловьева, А.Р. Смольянинова, К.В. Галактионов

Геномы эукариот состоят преимущественно из некодирующих элементов, большую часть которых составляют повторяющиеся нуклеотидные последовательности. Основную часть повторов генома формируют мобильные генетические элементы или транспозоны, существенно влияющие на геном посредством нарушений структуры генов, эктопической рекомбинации и эпигенетического влияния. Известно, что структурные перестройки, вызванные мобильными элементами, могут приводить к появлению новых видов. Некодирующие участки генома, в частности мобильные элементы, накапливают значительный объём информации о временной динамике генетических изменений в популяции, что делает их ценным ресурсом для исследования полиморфизма и филогеографических процессов. Разработаны методы, которые позволяют выявлять множественные генетические полиморфизмы в популяциях. Один из них – метод IRAP (inter retrotransposon amplified polymorphism), основанный на амплификации фрагментов генома, фланкированных последовательностями ретротранспозонов (одной из групп мобильных элементов). IRAP широко применяется для исследования популяционной изменчивости растений и грибов. Единичные случаи использования этого метода для анализа популяций трематод *Schistosoma japonicum* и *Clonorchis sinensis* также показали его перспективность. В отличие от других методов, IRAP обнаруживает большие изменения в геноме – до нескольких сотен или тысяч нуклеотидных пар. Секвенировано не так много геномов трематод, но известно, что в них ретроэлементы преобладают по количеству среди транспозонов.

Мы провели анализ сырых данных геномов 6 видов трематод: *Himasthla elongata*, *H. littorinae*, *H. leptosoma*, *Renicola parvicaudatus*, *R. mediovitellata* и *Cercaria pacifica*. Всего выявлено 215 кластеров повторов, часть из которых удалось аннотировать, при этом у химастид

оказалось больше общих кластеров, чем у рениколид. Для проведения тестовых IRAP среди общих между всеми видами кластеров повторов были выбраны ретроэлементы RTE-Bov, Gypsy_880, Zenon, Gypsy_59 и Penelope. Фрагментный анализ результатов IRAP *H. littorinae* на основе RTE-Bov подтвердил наличие трансарктического переноса этих паразитов, который, в свою очередь, может быть обусловлен длительным сроком жизни половозрелых стадий (марит) в окончательном хозяине – морских чайках и утках.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ №23-14-00329 (<https://rscf.ru/project/23-14-00329/>).

ОТНОШЕНИЕ К ПОНИЖЕННОЙ СОЛЕННОСТИ *MYTILUS EDULIS* И *MYTILUS TROSSULUS* ИЗ БЕЛОГО МОРЯ

А.А. Сухотин, А.А. Ковалев

Близкородственные криптические виды мидий *Mytilus edulis* Linnaeus, 1758 и *Mytilus trossulus* A. Gould, 1850 широко распространены в морях Северного полушария, где они нередко образуют смешанные поселения и ограниченно гибридизуют. Мидии играют важную роль в морских сообществах как эдификаторы среды, а также имеют существенное экономическое значение как объекты аквакультуры и обработатели гидротехнических сооружений и судов. Понимание поведенческих и физиологических различий представителей этих двух близких видов необходимо для оценки их экологического успеха как в донных сообществах, так и в условиях культивирования.

В Белом море обитает вид *Mytilus edulis*, но относительно недавно (Väinölä, Strelkov, 2011) там был обнаружен вид-вселенец *M. trossulus*. Появление *M. trossulus* порождает вопросы относительно его потенциальной конкуренции с местной мидией и дальнейшего распространения в свете изменения климата и потенциального опреснения поверхностных вод. Мы исследовали поведенческую и биохимическую реакции беломорских *M. edulis* и *M. trossulus* на понижение солёности среды – пороговые значения закрытия раковин и концентрации 35 метаболитов в тканях мидий, акклиматизированных к разной солёности (25, 16 и 10 промилле). Солёность, при которой срабатывал изолирующий рефлекс (мидии смыкали створки и закрывали раковину), был сходным у обоих изученных видов. Однако открывание раковины при повышении

солености у *M. trossulus* происходило при более низкой солености (на 0.2–0.7 промилле) по сравнению с *M. edulis*, что указывает на несколько большую его устойчивость к опреснению. Изменения содержания метаболитов, вызванные опреснением, были схожими у двух видов. Таурин оказался доминирующим осмолитом, составляющим более 50% от общего пула свободных аминокислот, а аспартат и глицин составляли 15–30%. Концентрации таурина, глицина и общее содержание свободных аминокислот закономерно снижались с уменьшением солености. Соотношение таурина к глицину (Tau:Gly) было выше у *M. edulis* и увеличивалось у обоих видов с уменьшением солености. Опреснение влияло на промежуточные продукты цикла мочевого кислоты и на содержание метионинсульфоксида, клеточного биомаркера окисления аминокислот. Различия между видами мидий наблюдались и в метаболизме пуринов, при этом более высокие уровни гуанозинмонофосфата и аденозинмонофосфата были обнаружены у *M. edulis*. Уровни ароматических аминокислот и гистидина у *M. edulis* также были выше, чем у *M. trossulus*. Несмотря на эти различия, нет доказательств, указывающих на лучшую адаптацию *M. trossulus* к гипоосмотическому стрессу по сравнению с *M. edulis*. Требуются дальнейшие исследования для выяснения функциональных особенностей тонких метаболических различий между этими представителями рода *Mytilus* и их экологических последствий в морских биотопах.

Работа выполнена в рамках проекта РФФ № 23-24-00226 (<https://rscf.ru/project/23-24-00226/>).

ЕСТЬ ИЛИ НЕ ЕСТЬ – ВОТ В ЧЕМ ВОПРОС: МОДЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА ВКЛАДА КЛЕПТОПЛАСТИИ В ПРОЛИФЕРАЦИЮ МИКСОТРОФНЫХ ПРОТИСТОВ

И.В. Телеш¹, С.О. Скарлато²

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург,

²Институт цитологии РАН, Санкт-Петербург

Трофические стратегии водных организмов в значительной степени определяют скорость их роста и эффективность размножения, конкурентные преимущества, размеры экологических ниш и возможности расширения ареала. Среди планктонных протистов многие «успешные» виды, в том числе вселенцы, способны к миксотрофному питанию, сочетая автотрофию (за счет фотосинтеза) с гетеротрофией

(в виде осмо- и фаготрофии). В последнее время у всё большего числа автотрофных микроорганизмов в фитопланктоне обнаруживается миксотрофия, повышающая устойчивость этих форм к изменению условий среды, например, к изменению состава азотсодержащих соединений или снижению освещенности, затрудняющему фотосинтез. В то же время, в прибрежных акваториях разнотипных водоемов по всему миру учащаются случаи массового размножения микроорганизмов, формирующих большие скопления биомассы в поверхностных горизонтах, называемые «цветением воды». При разложении этих скоплений ухудшается качество природных вод, что наносит вред флоре и фауне, рыболовству и рыбоводству, аквакультуре, туризму и здоровью населения.

Существует немало данных о «цветениях» миксотрофных динофлагеллят (красных приливах). Недавно нами впервые было статистически доказано на большом материале за 44 года наблюдений, что в прибрежных водах Балтийского моря виды динофлагеллят с более широкими экологическими нишами чаще дают вспышки численности и вызывают «цветения воды» (Telesh et al., 2024). Предложенная в этой работе концептуальная модель позволяет приблизиться к прогнозированию «красных приливов», однако важнейшие молекулярно-клеточные механизмы, обеспечивающие массовую пролиферацию протистов, приводящую к «цветениям», до сих пор исследованы неполно.

Одно из наименее изученных внутриклеточных явлений – клептопластия, или приобретение, накопление и использование в качестве дополнительных «реакторов» фотосинтеза «клептопластов», т.е. не ассимилированных хлоропластов микроводорослей, поглощённых клеткой миксотрофа при его фаготрофном питании. Клептопластия отмечается у широкого спектра не только одноклеточных организмов (динофлагелляты, инфузории, фораминиферы), но и у многоклеточных (морские слизи из рода *Elysia*). Установлено, что клептопласты могут не просто сохраняться, но и фотосинтезировать в клетке «хозяина» в течение многих месяцев. Однако вопрос о том, насколько велик вклад клептопластов в общий фотосинтез и рост клеток протистов, до недавнего времени оставался открытым.

Мы разработали математическую модель клептопластии на основе базовой модели Ж. Моно и оригинальной системы дифференциальных уравнений для простой биологической системы (1 клетка протиста, 1 неорганический ресурс, 1 органический ресурс) и апробировали ее на

экспериментальных данных по питанию динофлагеллят *Prorocentrum cordatum* (Ostenfeld) J.D. Dodge, 1975 микроводорослями *Teleaulax* sp. Также нами предложен Индекс клептопластии, отражающий ее вклад в формирование «цветений» миксотрофных протистов. Моделирование показало, что клептопластия может на 40% увеличить скорость деления клеток *P. cordatum*, способствуя быстрому росту их популяции и формированию вредоносных «цветений» (Telesh et al., Scientific Reports; на рецензировании).

Работа поддержана грантом РНФ № 22-14-00056 (<https://rscf.ru/project/22-14-00056/>).

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ СКРЕБНЕЙ *POLYMORPHUS PHIPPSI* И *PROFILICOLLIS BOTULUS* (ACANTHOCERPHALA: POLYMORPHIDAE) НА СЕВЕРЕ ПАЛЕАРКТИКИ

А.А. Унтилова¹, А.В. Дюмина²

¹Санкт-Петербургский государственный университет,

²Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург

Заражение перелётных птиц позволяет многим паразитам расселяться на большие территории, осваивая новые биотопы и расширяя круг хозяев. Это может способствовать видовой радиации, поэтому такие организмы – удобный объект для исследования механизмов видообразования. Особенно это актуально для паразитов с гетероксенным жизненным циклом, образующих сложные паразитарные системы, включающие комплекс удалённых друг от друга локальных очагов инвазии, степень изолированности которых может значительно варьировать. Так, для скребней рода *Profilicollis* (Acanthocephala: Polymorphidae) – *Pr. botulus*, *Pr. altmani* и *Pr. novaezealandensis* – показан интенсивный поток генов между удалёнными частями популяции. Однако *Pr. botulus* исследован в районе миграции только одной популяции окончательных хозяев – обыкновенной гаги *Somateria molissima* на побережье Ваттова и Балтийского морей. По данным молекулярной филогении в одну кладу с *Profilicollis* spp. группируется также вид *Polymorphus phippsi*, который, в отличие от остальных представителей клады, в качестве промежуточных хозяев использует амфипод Gammaridae, а не десятиногих ракообразных. Учитывая показанную для *Profilicollis* spp. относительно низкую специфичность к промежуточным

жуточным хозяевам, *Po. phippsi* мог сформироваться путём гостальной радиации. Этот вид широко распространён на севере Палеарктики, и его популяционно-генетическая структура ранее не описывалась.

Образцы *Pr. botulus* были собраны с 2019 по 2024 гг. на побережье Исландии (взрослые особи от *S. molissima*), Белого (цистакант от *Pagurus pubescens*), Баренцева (цистаканты от *P. pubescens* и *Hyas araneus*) и Печорского (цистаканты от *P. pubescens* и *H. araneus*, взрослые особи от *Somateria spectabilis*) морей. Образцы *Po. phippsi* – на побережье Белого (цистаканты от *Gammarus setosus*), Баренцева (цистаканты от *G. oceanicus*) и Печорского (цистаканты от *G. setosus* и *G. duebeni*, взрослые особи от *S. molissima*) морей. Один цистакант *Po. phippsi* обнаружен нами в *P. pubescens*. В анализ включены 48 оригинальных последовательностей гена COI от *Pr. botulus* и 42 – из GenBank (США, Дания, Нидерланды), а также 45 – от *Po. phippsi*. Длина выравнивания 365 bp для *Pr. botulus* и 404 bp для *Po. phippsi*, сети гаплотипов построены в PopArt 1.7 методом median joining.

Ни для одного из видов не было обнаружено выраженной географической структуры и приуроченности гаплотипов к какому-либо виду промежуточных хозяев. Значения Tajima's D (-2.31 для *Pr. botulus* и -2.37 для *Po. phippsi*, при $p > 0.05$), а также высокое разнообразие гаплотипов (0.97 и 0.80 соответственно) при низком нуклеотидном разнообразии (0.009 и 0.004) свидетельствуют о недавнем резком приросте численности популяции. При этом у *Po. phippsi* сеть гаплотипов имеет звёздчатую структуру, а для *Pr. botulus* можно выделить пять доминантных гаплотипов, причём для последних при включении в анализ данных только по Белому, Баренцеву и Печорскому морям центральный гаплотип также не выделяется. По *P. phippsi* в анализ были также включены 30 последовательностей ITS региона (ITS1-5.8S-ITS2). Разнообразие гаплотипов по этому маркеру (0.60) ниже, чем по COI, а нуклеотидное разнообразие (0.003) сопоставимо с таковым по COI, однако такая оценка вариативности ITS-региона занижена из-за невозможности учесть делеции. Распределение гаплотипов у образцов, для которых получено обе последовательности, не вполне согласуется по разным маркерам. У *Pr. botulus* ITS-регион оказался крайне консервативным, с полиморфизмом по единственному нуклеотиду, и потому в анализ включён не был.

Работа выполнена на базе Зоологического института РАН и РЦ СПбГУ «Развитие молекулярных и клеточных технологий» за счёт средств гранта РНФ № 23-14-00329 (<https://rscf.ru/project/23-14-00329/>).

ТАКСОНОМИЯ И ПАЛЕОНТОЛОГИЯ СЕМЕЙСТВ DIAPRIIDAE И TRUPOCHALCIDIDAE (INSECTA, HYMENOPTERA)

В.Г. Чемырева^{1,2}, А.П. Расницын²

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург,

²Палеонтологический институт РАН им. А.А. Борисяка, Москва

Всесветно распространенное рецентное семейство Diapriidae и вымершее семейство Trupochalcididae на сегодняшний день рассматриваются в составе инфраотряда Proctotrupomorpha (Insecta, Hymenoptera). В последней ревизии этого инфраотряда оба семейства на основании пяти синапоморфий и сходства жилкования были помещены в таксон Microprocta (Rasnitsyn, Öhm-Kühnle, 2020), который объединяет пять надсемейств (Chalcidoidea, Platygastroidea, Diaprioidea, Serphitoidea и Mymarommatoidea) и три семейства (Jurapriidae, Trupochalcididae и Chalscelionidae) с неясным таксономическим положением.

Семейство Trupochalcididae было описано на основании одного инклюза из мелового Таймырского янтаря (Козлов, 1975). Позднее была указан еще один инклюз, определенный как *Trupochalcis* sp., из Бирманского янтаря (Zhang et al., 2018). Кроме того, в составе семейства Trupochalcididae предлагалось рассматривать еще два рода, *Cretacoformica* Jell et Duncan и *Iberopria* Engel, Ortega-Blanco et Delclós, ранее объединенных в отдельное семейство Cretacoformicidae (Rasnitsyn, Öhm-Kühnle, 2019, 2020). В результате изучения дополнительных инклюзов меловых бирманских янтарей были обнаружены 5 новых видов семейства Trupochalcididae из 3 родов, два из которых описываются впервые. Новые данные позволили уточнить и расширить диагноз семейства, а также выявить его близкое родство с ранними представителями семейства Diapriidae. Все известные представители Trupochalcididae, очевидно, являлись паразитоидами с длинным, выступающим далеко за пределы брюшка яйцекладом с зазубренными на вершине стилетами, и сильно расширенными задними голеньями. Предположительно все они заражали скрытоживущих личинок, используя для обнаружения хозяина органы вибротекции, расположенные в увеличенных задних голеньях.

Не менее интересными оказались обнаруженные в бирмите паразитоиды нового рода, морфологически схожие с *Cretacoformica explicata* Jell et Duncan, описанному ранее по единственному отпечатку из ранне-мелового местонахождения Кунварра в Австралии. Особенности жил-

кования, строения метасомы, головы и антенн указывают на близкое родство с и тех, и других с представителями семейства Diapriidae. От диаприид они отличаются только двумя существенными особенностями: более полным жилкованием (*cu-a1* и *cu-a2* развиты), а также не сильно увеличенными вторым тергитом и стернитом брюшка, и последующими тергитами и стернитами, увеличенными по сравнению с рецентными представителями диаприид. Учитывая морфологическое разнообразие семейства Diapriidae, род *Cretacoformica*, сходный с ними *Iberopria* и новый род из Бирманского янтаря, на наш взгляд, правильнее объединить в отдельное, ныне вымершее подсемейство Cretacoformicinae Rasnitsyn et Öhm-Kühnle в составе семейства Diapriidae.

В результате проделанной работы и анализа новых находок из бирманского янтаря мы предлагаем внести следующие изменения в ранее предложенную систему таксона Microprocta: (1) семейство Cretacoformicinae вывести из синонимии с Trupochalcididae и синонимизировать с Diapriidae; (2) выделить в составе семейства Diapriidae подсемейство Cretacoformicinae, объединяющее роды *Cretacoformica*, *Iberopria* и новый род из бирманского янтаря; (3) поместить семейство Trupochalcididae в состав надсемейства Diaprioidea.

СОВРЕМЕННЫЕ ПОДХОДЫ К ИЗУЧЕНИЮ МИГРАЦИИ ДНЕВНЫХ БАБОЧЕК

Н.А. Шаповал, А.П. Шаповал

Регулярные миграции свойственны многим позвоночным и беспозвоночным животным. Канонический пример среди насекомых – бабочка монарх (*Danaus plexippus*), обитающая в Западном полушарии и совершающая ежегодные миграции из США и Канады в Мексику и обратно. Монарх стал основным модельным объектом изучения ключевых аспектов миграции как чешуекрылых, так и насекомых в целом. Однако и в Восточном полушарии есть не менее уникальный мигрант – репейница (*Vanessa cardui*), которая совершает ежегодные циклические миграции из тропической Африки в северные широты Палеарктики (достигая Скандинавии) и обратно. Общая протяженность рекордного миграционного пути, который репейница ежегодно преодолевает за 8–10 поколений составляет 12 000–14 000 км.

Следует отметить, что в отличие от позвоночных животных, изучение миграций насекомых (и в целом, беспозвоночных) представляет

собой технически гораздо более сложную задачу ввиду их малого размера и крайне непродолжительного срока жизни. Тем не менее, в последнее время совершенствуются уже существующие, а также активно разрабатываются и внедряются новые подходы и методы изучения миграций насекомых.

В нашей работе впервые в мировой практике для изучения миграций насекомых был адаптирован и применён метод метабаркодинга. Поскольку вышедшая из куколки бабочка, питаясь на цветах и накапливая необходимый запас энергии для последующей миграции, цепляет на себя пыльцу различных растений, мы предположили, что анализ ДНК пыльцевых зёрен, собранных с ног и тела бабочки, даёт возможность идентифицировать растения и найти виды, эндемичные для определенного региона. Тем самым можно установить, откуда прилетели пойманные в конкретной точке земного шара репейницы.

Данный подход был использован для анализа паттерна небывалой по численности миграции репейниц, имевшей место в 2019 г., когда бабочки в массе наблюдались в различных регионах Северной Африки, Ближнего Востока и Европы. Мы установили, что: (1) главной причиной массовой миграции стал аномально высокий уровень вегетации в аридных и полуаридных регионах Аравийского полуострова; (2) существуют два основных пути миграции репейниц, и если в Восточное Средиземноморье бабочки мигрируют с Аравийского полуострова (несут на себе пыльцу растений, характерных для аравийского региона), то в Западное Средиземноморье – из Западной Африки; (3) повторный всплеск численности репейниц, наблюдавшийся в начале-середине лета в Южной Европе, связан с обратной миграцией репейниц в Африку, поскольку пыльца, обнаруженная на этих бабочках, принадлежала растениям, распространённым в Северной Европе. Таким образом, наши исследования показали, что анализ пыльцы растений может быть эффективным инструментом в изучении путей миграции насекомых.

Работа выполнена в рамках тем государственного задания №№ 125012901042-9 и 125012800913-4.

СВЕТОЗАВИСИМОСТЬ МАГНИТНОГО КОМПАСА БЕСХВОСТЫХ АМФИБИЙ

В.В. Шахпаронов^{1,2}, Е.О. Кобликова^{1,2}

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург,

²Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва

Пространственная ориентация мигрирующих животных – одна их актуальных тем современной биологии. Было установлено, что рыбы используют во время миграций не зависящий от света полярный магнитный компас; морские черепахи – инклинационный светонезависимый, а птицы – инклинационный светозависимый. Однако сведений о магнитном компасе земноводных – животных, наиболее близких к предкам всех наземных позвоночных, – до сих пор недостаточно. В частности, мало исследований светозависимости компаса взрослых бесхвостых амфибий.

Ранее нами было показано, что травяные лягушки *Rana temporaria* Linnaeus, 1758 (Amphibia, Ranidae) могут использовать инклинационный магнитный компас для выбора миграционного направления во время нереста при освещении полного спектра. Для выяснения светозависимости компаса лягушек держали на темновой адаптации около двух часов (время, рассчитанное по регенерации родопсина), а затем тестировали в темноте в Т-лабиринте, помещённом в катушки Мерритта. Лабиринт был расположен параллельно оси миграции из реки в нерестовые пруды. Во время опыта инвертировали вертикальную компоненту магнитного поля. Контрольную группу и передерживали, и тестировали при свете. Всего в рамках предварительных (2023 г.) и основных (2024 г.) экспериментов, проведенных на Звенигородской биостанции МГУ (Московская область) были протестированы 210 самцов лягушек.

Эксперименты показали, что время передержки может оказывать влияние и на мотивацию, и на механизм ориентации лягушек. Так, лягушки контрольной группы при передержке до 90 мин статистически значимо выбирали миграционное направление по магнитному полю, а при передержке более 120 мин распределялись равномерно. В темноте лягушки распределялись относительно магнитного поля всегда равномерно, однако недостаточная темновая адаптация (менее 100 мин) приводила к стереотипному ориентационному поведению – выбору левого поворота. Учитывая это, для дальнейшего исследования

светозависимости необходимо более точно определить время темновой адаптации у интактной лягушки и/или использовать другой подход – тестирование при разном спектре освещения. Кроме того, было обнаружено, что лягушки соседних популяций не реагировали на изменение магнитного поля закономерным изменением выбора рукава лабиринта, что является первым свидетельством наличия межпопуляционной изменчивости в использовании магнитного компаса у амфибий.

Работа выполнена при поддержке гранта РНФ № 24-14-00085 (<https://rscf.ru/project/24-14-00085/>).

СОДЕРЖАНИЕ

<i>Н.И. Абрамсон, Е.К. Скалон, Т.В. Петрова, И.А. Двояшов, С.Ю. Бодров, В.А. Панищина.</i> Реконструкция филогении и эволюционной истории полевоочных: от отдельных генов к геномным исследованиям	3
<i>Н.В. Аладин, В.И. Гонтарь, Л.В. Жакова, И.С. Плотников, А.О. Смуров.</i> Биологическое разнообразие и биологические ресурсы остаточных водоемов Аральского моря	4
<i>М.Е. Белоконь, О.А. Корнилова, М.А. Сказина, Л.В. Чистякова.</i> Комплексный анализ сообществ инфузорий – эндобионтов пищеварительного тракта непарнокопытных в условиях длительного содержания в неволе	6
<i>Н.А. Березина.</i> Пищевые цепи в субарктическом озере Кривое (Северная Карелия) в периоды открытой воды и подо льдом	8
<i>С.Ю. Бодров, И.А. Двояшов, Т.В. Петрова, Н.И. Абрамсон.</i> Неполная сортировка линий и интрогрессия в эволюционной истории двух родов <i>Clethrionomys</i> и <i>Alticola</i> (Rodentia, Cricetidae)	9
<i>Е.Н. Волкова, И.Р. Поздняков, В.А. Полежаева, М.Г. Петухов.</i> От филогении Амоебозоа к паттернам амебоидного движения через транскриптомы и белки цитоскелета	11
<i>О.С. Воскобойникова, Н.В. Чернова.</i> Анатолий Петрович Андрияшев – основоположник Российских антарктических исследований (к 115-летию со дня рождения и 70-летию участия в Первой САЭ)	13
<i>В.М. Гнездилов, Э. Лонес, Д.Д. Дербилов, П.А. Джелали.</i> Фауна и систематика рода <i>Issus</i> F., 1803 (Hemiptera, Issidae) Канарских островов и Мадейры	14
<i>Н.В. Голуб, В.Г. Кузнецова, В.А. Лухтанов, Б.А. Анохин.</i> Теломерные последовательности ДНК в хромосомах клопов (Heteroptera): данные, полученные методом FISH и анализом хромосомных сборок геномов	16
<i>С.Г. Денисенко.</i> Тралово-дражные сборы и степень изученности мегабентоса Карского моря	17
<i>С.В. Жданов.</i> Сравнительная морфология сейсмочувствительной системы рыб семейства <i>Vovichtidae</i> (Notothenioidae, Perciformes)	19
<i>З.В. Жидков, В.Г. Сиделева, Н.В. Анненкова.</i> Морфологические и молекулярно-генетические адаптации рыб рода <i>Trigloporus</i> (Pisces, Cottidae), возникающие при переходе от морского к пресноводному образу жизни	20
<i>О.В. Зайцева, А.А. Петров, Р.В. Смирнов, С.А. Петров.</i> Нервная и сенсорные системы миниатюрных <i>Protodrilidae</i> (Annelida): регресс или прогресс?	22
<i>Г.А. Кремнев.</i> Новые данные о промежуточных хозяевах и эволюции трематод семейства <i>Brachycladiidae</i> : долгая история одного жизненного цикла	24
<i>А.А. Кудрявцев, Е.Н. Волкова.</i> Представители семейства Амобидеи (Amoebozoa, Tubulinea) из морских и солоноватоводных биотопов	25
<i>А.С. Курочкин, А.Г. Кирейчук.</i> Обнаружение связи видов рода <i>Suboscephalus</i> (Coleoptera, Nitidulidae) с травянистыми растениями	27
<i>П.Я. Лаврентьев, П.А. Лезин.</i> Скорости фильтрации и селективное питание <i>Arctica islandica</i> (Bivalvia) в Белом море	29
<i>В.А. Лухтанов.</i> Генетическая структура биологического разнообразия и концепция политипического вида в XXI веке	30

М.И. Матюшова. Генетическая изменчивость и гибридогенез в популяционных системах зеленых лягушек Восточной Европы	31
Г.С. Морозов. Губки рода <i>Suberites</i> (Porifera) Арктики	33
А.А. Намятова, П.А. Джелали, Д.С. Большакова. Проблемы разделения широкоареальных видов насекомых на примере транспалеарктического рода <i>Apolygus</i> (Insecta: Heteroptera: Miridae). . .	34
Е.А. Нефедова. Строение водоносной системы известковых губок (<i>Calcarea</i>) как таксономический признак	36
К.Е. Николаев, И.А. Левакин, К.В. Галактионов. Сезонная динамика группировок партенит двух видов трематод рода <i>Himasthla</i> dietz, 1909 (сем. Himasthlidae) в литоральных моллюсках Белого моря. .	37
И.А. Парахин, Е.В. Сыромятникова, П.П. Скучас. Нейроваскулярные системы в челюстях акродонтных ящериц (Squamata: Acrodonta) из среднего эоцена Южной Монголии	39
А.Ю. Рысс, И.А. Казарцев, И.А. Керчев, А.О. Селюк, И.М. Казн, К.С. Полянина, А.В. Селиховкин. Связь стволовых нематод с энтомохорными грибами в мониторинге биобезопасности.	40
А.О. Селюк, С.А. Карпов. Необычные паразиты водорослей из Белого моря	42
Н.В. Слепкова, Е.П. Тихонова. Зоологический институт АН СССР: уроки Великой Отечественной войны (к 80-летию Победы)	44
А.В. Смирнов, Е.Г. Панина, О.Л. Зимина, И.С. Смирнов. Новые данные о глубоководных видах иглокожих, собранных экспедицией «Северный полюс 41» в Центральном арктическом бассейне. . . .	45
А.И. Соловьева, А.Р. Смольянинова, К.В. Галактионов. Метод IRAP в изучении ретроэлементов трематод: новые возможности для анализа генетических полиморфизмов.	47
А.А. Сухотин, А.А. Ковалев. Отношение к пониженной солености <i>Mytilus edulis</i> и <i>Mytilus trossulus</i> из Белого моря.	48
И.В. Телеш, С.О. Скарлато. Есть или не есть – вот в чем вопрос: модельная оценка вклада клептопластии в пролиферацию миксотрофных протистов	49
А.А. Унтилова, А.В. Дюмина. Сравнительный анализ популяционно-генетической структуры скребней <i>Polymorphus phippsi</i> и <i>Profilicollis botulus</i> (Acanthocephala: Polymorphidae) на севере Палеарктики . .	51
В.Г. Чемырева, А.П. Расницын. Таксономия и палеонтология семейств Diapriidae и Trupochalcididae (Insecta, Hymenoptera)	53
Н.А. Шаповал, А.П. Шаповал. Современные подходы к изучению миграции дневных бабочек	54
В.В. Шахпаронов, Е.О. Кобликова. Светозависимость магнитного компаса бесхвостых амфибий	56

Составитель *В.В. Старунов*
Редактор *С.Ю. Синев*
Компьютерная верстка *Т.В. Дольник*

Подписано в печать 8.03.25. Формат 60×84 $\frac{1}{16}$.
Объем 3.05 п. л. Тираж 100 экз.
