

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



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

22–23 июня 2022 г.
Зоологический институт РАН
Санкт-Петербург

ПРОГРАММА, ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ И ПОСТЕРНЫХ СООБЩЕНИЙ

Всероссийская конференция «Зоологические коллекции как источник генетических ресурсов мировой фауны – классические и современные подходы к их изучению, хранению и использованию» 22–23 июня 2022 г. Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург. Программа, тезисы докладов и постерных сообщений. Санкт-Петербург: ЗИН РАН, 2022. 44 с.

Конференция приурочена к 190-летию ЗИН РАН и проводится в составе Первого научного форума «Генетические ресурсы России» в рамках гранта в форме субсидии из федерального бюджета на реализацию отдельных мероприятий Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019–2027 годы (II очередь. Биоресурсные коллекции), номер соглашения: 075-15-2021-1069, «Развитие крупнейшей биоресурсной коллекции России на базе Уникальной фондовой коллекции Зоологического института РАН: изучение, рациональное использование и ответственное хранение генетических ресурсов мировой фауны».

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

All-Russian conference "Zoological collections as the source of genetic resources of the world fauna – classical and modern approaches to its study, storage and use" June 22–23, 2022. Zoological Institute of the Russian Academy of Sciences St. Petersburg. Program, abstracts of talks and posters. St. Petersburg: ZIN RAS, 2022. 44 p.

The conference is dedicated to the 190th anniversary of the Zoological Institute, Russian Academy of Sciences and is held within the framework of the First Scientific Forum "Genetic Resources of Russia" funded by a grant in the form of a subsidy from the federal budget for the implementation of certain activities of the Federal Scientific and Technical Program for the Development of Genetic Technologies for 2019–2027 (Second stage. Bioresource collections), contract number: 075-15-2021-1069, "Development of the largest bioresource collection in Russia on the basis of the Unique Fund Collection of the Zoological Institute, Russian Academy of Sciences: study, rational use and responsible storage of the genetic resources of world fauna".

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

Организационный комитет

Председатель — Владимир Михайлович Гнездилов, д.б.н.

Секретарь — Полина Александровна Джелали

Игорь Владимирович Доронин, к.б.н.

Карина Юрьевна Ильцевич

Александр Николаевич Мясницын

Лидия Сергеевна Турсунова

Дарья Андреевна Халенёва

Роман Григорьевич Халиков

Научный комитет

Наталья Иосифовна Абрамсон, к.б.н.

Наталья Борисовна Ананьева, д.б.н., профессор

Владимир Михайлович Гнездилов, д.б.н.

Сергей Алексеевич Карпов, д.б.н., профессор

ПРОГРАММА

РЕГИСТРАЦИЯ УЧАСТНИКОВ – 22 июня, среда, 9.30–10.30, Зоологический институт РАН, Университетская наб. 1.

Сессия I. 22 июня, среда, 10.30–12.00. Председатель – В.М. Гнездилов, ЗИН РАН, Санкт-Петербург.

10.30–10.40. Открытие конференции.

10.40–11.00. Ананьева Н.Б., Мильто К.Д., Орлов Н.Л. Герпетологические коллекции Зоологического института РАН как важный инструмент и информационная основа интегративных исследований.

11.00–11.20. Бодров С.Ю. История популяций песца в Уральском регионе по данным полногеномного секвенирования позднелайстоценовых и голоценовых образцов.

11.20–11.40. Булатова Н.Ш., Павлова С.В. Значение цитогенетического коллекционирования для изучения биоресурсов млекопитающих.

11.40–12.00. Винокуров Н.Н., Бурнашева А.П., Ноговицына С.Н. Значение энтомологической коллекции Института биологических проблем криолитозоны СО РАН для оценки биоразнообразия животного мира на северо-востоке Азии.

12.00–12.30. Кофе-брейк.

Сессия II. 22 июня, среда, 12.30–13.50. Председатель – Л.Л. Войта, ЗИН РАН, Санкт-Петербург.

12.30–12.50. Гохман В.Е. Значение коллекций лабораторных культур и музейных экземпляров для исследований по цитогенетике паразитических перепончатокрылых (Hymenoptera).

12.50–13.10. Кирейчук А.Г., Смирнов И.С., Чиграй И.А. Виртуальные коллекции сайта «Жуки и колеоптерологи» – инструмент изучения биоразнообразия крупнейшего отряда животных.

13.10–13.30. Голенищев Ф.Н. Значение и перспективы использования живой коллекции мелких млекопитающих ЗИН РАН для интегративного подхода к решению проблем систематики и филогении.

13.30–13.50. Васильева Е.Д., Васильев В.П. Ихтиологические коллекции Зоологического музея МГУ как важный источник современной оценки генетических ресурсов рыб и мониторинга динамики видового разнообразия водных бассейнов.

13.50–15.00. Перерыв.

Сессия III. 22 июня, среда, 15.00–16.00. Председатель – М.В. Саблин, ЗИН РАН, Санкт-Петербург.

15.00–15.20. Кириченко Н.И., Керчев И.А., Яковлев Р.В., Мусолин Д.Л. Разработка молекулярно-генетических библиотек насекомых – вредителей древесных растений в азиатской части России: ДНК-баркодинг полевых и музейных образцов.

15.20–15.40. Лебедева Н.А., Квитко Ю.А., Чекрыгин С.А., Пенькова Е.В., Мелехин М.С., Потехин А.А. Инфузории, бактерии, водоросли и их вирусы: крупнейшая в Европе коллекция культур инфузорий и их симбионтов (CCPS).

15.40–16.00. Волнистый А.А., Семёнова А.А., Молчан В.О., Гомель К.В., Хейдорова Е.Э., Шпак А.В., Сливинска К., Лобановская П.Ю., Никифоров М.Е. Коллекция Генетического банка дикой фауны ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам» – подходы к формированию и практика использования коллекционных материалов для генетических исследований.

16.00–16.30. Кофе-брейк.

Сессия IV. 22 июня, среда, 16.30–17.30. Председатель – И.С. Смирнов, ЗИН РАН, Санкт-Петербург.

16.30–16.50. Крупницкий А.В., Шаповал Н.А., Шаповал Г.Н. По следам русских первопроходцев Китая: исторические экземпляры голубянок (Lepidoptera, Lycaenidae) из коллекции ЗИН РАН как основа для филогенетических исследований.

16.50–17.10. Рябинин А.С., Быков Р.А., Илинский Ю.Ю. Выявление бактерии *Wolbachia* в коллекции муравьев (Hymenoptera: Formicidae).

17.10–17.30. Доронин И.В., Доронина М.А., Луконина С.А., Лотиев К.Ю., Мазанаева Л.Ф. Систематика и распространение зеленых ящериц рода *Lacerta* (Squamata: Lacertidae) Кавказа: новые подходы в решении старых проблем.

Сессия V. 23 июня, четверг, 10.30–11.50. Председатель – А.А. Легалов, ИСиЭЖ СО РАН, Новосибирск.

10.30–10.50. Михайлов К.Г. Арахнологические коллекции России и стран бывшего СССР.

10.50–11.10. Лёвин Б.А. Множественные адаптивные радиации карповых рыб в реках Эфиопского нагорья: генетические данные.

11.10–11.30. Сивопляс Е.А., Белкина Е.Г., Сорокина С.Ю., Лазебный О.Е., Куликов А.М. Использование коллекции дрозофил для проведения генетических экспериментов по влиянию микроРНК на экспрессию протоонкогенов.

11.30–11.50. Царин С.А., Горбунов Р.В., Скуратовская Е.Н. Уникальная коллекция гидробионтов Мирового океана ФИЦ ИнБЮМ.

11.50–12.20. Кофе-брейк.

Сессия VI. 23 июня, четверг, 12.20–13.40. Председатель – В.Е. Гохман, МГУ, Москва.

12.20–12.40. Саблин М.В., Ильцевич К.Ю. Значение териологических коллекций ЗИН РАН для проведения фундаментальных зоологических, молекулярно-генетических и междисциплинарных исследований.

12.40–13.00. Легалов А.А., Дубатовов В.В. Коллекция Сибирского зоологического музея ИСиЭЖ СО РАН: состояние и перспективы развития.

13.00–13.20. Целих Е.В., Кошелева О.В. Коллекция хальцид (Hymenoptera: Chalcidoidea) Зоологического института РАН в Санкт-Петербурге как один из крупнейших депозитариев Европы.

13.20–13.40. Поверенный Н.М. Генетический анализ образцов скорпионов рода *Mesobuthus* (Vachon, 1950) из сборов А.А. Бялыницкого-Бирули, хранящихся в коллекции ЗИН РАН.

13.40–15.00. Перерыв.

Сессия VII. 23 июня, четверг, 15.00–16.00. Председатель – И.В. Доронин, ЗИН РАН, Санкт-Петербург.

15.00–15.20. Феоктистова Н.Ю., Мещерский И.Г., Мещерский С.И., Гуреева А.В., Сузов А.В. Использование коллекций ЗИН РАН и Зоологического музея МГУ при анализе филогеографической структуры ряда видов подсемейства Cricetinae.

15.20–15.40. Мельников Д.А., Ананьева Н.Б. Герпетологическая коллекция ЗИН РАН как источник материала для молекулярно-генетических и компьютерно-томографических исследований (на примере агам рода *Pseudotrappelus*).

15.40–16.00. Мандельштам М.Ю., Петров А.В. Обзор фауны короедов (Coleoptera: Curculionidae: Scolytinae) России.

16.00–16.30. Кофе-брейк.

Сессия VIII. 23 июня, четверг, 16.30–17.30. Председатель – В.М. Гнездилов, ЗИН РАН, Санкт-Петербург.

16.30–16.50. Петрова Т.В., Бодров С.Ю., Бондарева О.В., Генельт-Яновский Е.А., Абрамсон Н.И. Териологические коллекции ЗИН РАН в генетических исследованиях.

16.50–17.10. Сиделева В.Г. Уникальные коллекции эндемичных фаун рыб Древних озер мира в Зоологическом институте РАН.

17.10–17.30. Мазанаева Л.Ф., Гичиханова У.А., Аскендеров А.Д., Исмаилова З.С. О герпетологической коллекции Дагестанского государственного университета.

ТОРЖЕСТВЕННОЕ ЗАКРЫТИЕ КОНФЕРЕНЦИИ

ПОСТЕРНАЯ СЕССИЯ

Будет проходить параллельно с основными заседаниями с 22 по 23 июня 2022 г.

Булыгина Е.С., Шарко Ф.С., Чепрасов М.Ю., Гладышева-Азгари М.В., Слободова Н.В., Цыганкова С.В., Расторгуев С.М., Григорьева Л.В., Корр М.Е., Fernandes J.M.O., Новгородов Г.П., Боескоров Г.Г., Протопопов А.В., Тихонов А.Н., Недолужко А.В. Митохондриальный геном ископаемого бурого медведя с острова Большой Ляховский (Якутия) и его филогенетический анализ.

Кириченко Н.И., Карпун Н.Н., Мусолин Д.Л. Использование гербарных материалов и современных методов молекулярной генетики для уточнения истории инвазии каштановой минирующей моли *Cameraria ohridella* (Lepidoptera: Gracillariidae) в России.

Кириченко Н.И., Рязанова М.А., Ефременко А.А., Мусолин Д.Л., Захаров Е.В. Находки мин тополевых молей-пестрянок *Phyllonorycter* spp. (Lepidoptera: Gracillariidae) на гербаризированных листьях более чем вековой давности: идентификация видов по ДНК-баркодированию останков насекомых.

Нейморовец В.В. Оцифровка типов Hemiptera в коллекции Зоологического института РАН.

Слободова Н.В., Григорьева Л.В., Булыгина Е.С., Шарко Ф.С., Чепрасов М.Ю., Гладышева-Азгари М.В., Цыганкова С.В., Расторгуев С.М., Новгородов Г.П., Боескоров Г.Г., Тихонов А.Н., Недолужко А.В. Митохондриальная филогенетика ископаемых представителей рода *Lepus* на территории Северо-Восточной Азии.

Сухих Н.М., Алексеев В.Р. Особенности работы со спиртовыми коллекциями Soropoda (Crustacea).

ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ И ПОСТЕРНЫХ СООБЩЕНИЙ

Герпетологические коллекции Зоологического института РАН как важный инструмент и информационная основа интегративных исследований

Н.Б. Ананьева, К.Д. Мильто, Н.Л. Орлов

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.
E-mail: natalia.ananjeva@zin.ru

Приводятся сведения об истории, составе и объеме герпетологических коллекций Зоологического института РАН в Санкт-Петербурге. Дается обзор результатов и основных достижений, полученных в последние пятьдесят лет на основе интегративных исследований коллекций с применением традиционных и современных методов, включая молекулярно-генетические и морфологические, а также ГИС-технологии.

В связи с бурным развитием молекулярно-генетических методов становятся реальными исследования типовых материалов, что принципиально изменит возможности решения сложных вопросов таксономии и филогении. Обсуждаются проблемы хранения и пополнения коллекций земноводных и пресмыкающихся.

Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта РФФ (№ 22-24-00079).

История популяций песца в Уральском регионе по данным полногеномного секвенирования позднплейстоценовых и голоценовых образцов

С.Ю. Бодров

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.
E-mail: bodrovs@gmail.com

Развитие ДНК-технологий, в частности, возможность получения коротких фрагментов ДНК методами полногеномного секвенирования нового поколения, сделало доступными для работы не только современные, но и ископаемые образцы, характеризующиеся высокой степенью деградации ДНК.

В ходе изучения эволюционной истории песца (*Vulpes lagopus*) была извлечена ДНК и проведено высокопроизводительное секвенирование библиотек, полученных из костей и зубов ранее калиброванных радиоуглеродным или дендрохронологическим методами местонахождений позднего плейстоцена и голоцена Среднего и Полярного Урала и Южного Ямала. Полученные данные позволили собрать неполные митохондриальные геномы, причем для двух из них было получено высокое покрытие по всей их длине.

Результаты проведенного филогенетического и филогеографического анализа полученных данных с включением последовательностей ископаемых и современных песцов из Генбанка позволяют предположить, что в эволюционной истории песцов многократно происходили миграции с востока на запад. В пользу этого говорит генетическая общность между песцами из современных популяций Скандинавии и голоценовых песцов с Полярного Урала, возраст которых приблизительно оценивается от одной до четырёх тысяч лет. Интересно, что песцы из современных популяций Ямала, при этом, генетически не связаны с голоценовыми песцами из этого же региона. Таким образом, современные песцы, населяющие Ямал, появились там, по всей видимости, не ранее тысячи лет назад.

Полученные нами предварительные данные по истории популяций песцов Уральского региона, так же, как и предшествующие работы с анализом древней ДНК других арктических видов (Palkopoulou et al., 2016; Lagerholm et al., 2014), свидетельствуют скорее в пользу гипотезы вымирания локальных популяций, нежели их следования за отступающей на север доступной средой (habitat tracking). В то же время для убедительного подтверждения этой гипотезы или ее опровержения требуется исследования дополнительного материала.

Значение цитогенетического коллекционирования для изучения биоресурсов млекопитающих

Н.Ш. Булатова, С.В. Павлова

Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва.
E-mail: bulatova.nina@gmail.com

Цитогенетический анализ один из методов на генетической основе, успешно применяемый для совершенствования дифференциальной систематики животных, в частности, млекопитающих. В этом году исполняется 50 лет с момента признания существования в отечественной фауне млекопитающих нового вида грызунов, открытого по данным изучения кариотипа.

Морфологические виды-двойники группы Обыкновенные полевки (*Microtus arvalis*), классическая 46-хромосомная и новый 54-хромосомный вид-двойник, открыты в Ленинградской области, честь открытия принадлежит Зоологическому институту РАН.

Другие академические институты и сложившиеся центры кариологического изучения млекопитающих, а также отдельные группы исследователей нашей страны внесли свой вклад в анализ видового содержания и скрытых внутривидовых биоресурсов млекопитающих с помощью различных современных методов.

Метод сравнения кариотипов с некоторых пор стал обязательным в решении спорных вопросов систематики и оценки биоресурсов. Следовательно, вопрос цитогенетического коллекционирования в связи с проблемой сохранения природных биоресурсов также актуален. В то же время этот вопрос может иметь разные решения, в зависимости от того, что понимать под «цитогенетической коллекцией».

Во-первых, это фиксированный определенным образом клеточный материал живого организма в суспензии, но никак не заспиртованные на длительное хранение кусочки органов и тканей, пригодные для молекулярно-генетического изучения.

Во-вторых, это готовые для микрофотоирования стекла с препаратами хромосом, прошедшими окраску цитологическими красителями и сохраненными соответствующим образом.

Наконец, это коллекция изображений окрашенных, распластанных на стеклах метафазных хромосом на фото пленке или в цифровом формате.

Хранение исходного материала в виде суспензии в пробирке при глубокой заморозке практикуется в немногих крупных исследовательских центрах. При других способах хранения физические носители информации (стекла, фото пленки и фотографии) недолговечны.

Форма цитогенетической коллекции, принятая в недавно изданном 1000-страничном томе международного Атласа хромосом млекопитающих (Atlas of mammalian chromosomes (2nd edition). Eds. Graphodatsky AS, Perelman PL, O'Brien SJ. Wiley-Blackwell, USA, 2020, 1008 p.), могла бы быть основой для обсуждения общего виртуального хранилища цитогенетической информации.

Митохондриальный геном ископаемого бурого медведя с острова Большой Ляховский (Якутия) и его филогенетический анализ

Е.С. Булыгина¹, Ф.С. Шарко¹, М.Ю. Чепрасов², М.В. Гладышева-Азгари¹, Н.В. Слободова¹, С.В. Цыганкова¹, С.М. Расторгуев¹, Л.В. Григорьева², М.Е. Корр³, J.M.O. Fernandes³, Г.П. Новгородов², Г.Г. Боссков⁴, А.В. Протопопов^{2,5}, А.Н. Тихонов^{2,6}, А.В. Недолужко⁷

¹Национальный исследовательский центр «Курчатовский институт», Москва.

²Северо-Восточный федеральный университет им. М.К. Аммосова, Якутск.

³Nord University, Bodø, Norway.

⁴Институт геологии алмаза и благородных металлов СО РАН, Якутск.

⁵Академия наук Республики Саха, Якутск.

⁶Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

⁷Европейский Университет в Санкт-Петербурге, Санкт-Петербург.

E-mail: nedoluzhko@gmail.com

В работе представлен митохондриальный геном (митогеном) бурого медведя (*Ursus arctos* L., 1758), который обитал на территории Северо-Восточной Азии в среднем голоцене (3460±40 лет). В настоящее время на острове Большой Ляховский бурые медведи не обитают. Туша бурого медведя, извлеченная в 2020 году из вечной мерзлоты на острове Большой Ляховский (Новосибирские острова), была использована для проведения палеогеномного анализа.

В специально оборудованном комплексе чистых помещений Национального исследовательского центра «Курчатовский институт» было проведено выделение древней ДНК из мышечной и костной ткани животного и созданы библиотеки ДНК-фрагментов. Используя платформу Illumina, было сгенерировано 535,049,211 геномных прочтений, которые после фильтрации по качеству были использованы для *de novo* сборки митохондриального генома.

Программой SPAdes (версия 3.10) был собран полный митохондриальный геном *U. arctos*, который состоит из 16,654 пар нуклеотидов и включает 13 белок-кодирующих генов, два гена рРНК и 22 гена тРНК. Порядок генов и направление их транскрипции в митогеноме бурого медведя идентичны организации митохондриальных геномов других высших позвоночных животных.

Первичный сравнительный филогенетический анализ методом ближайшего соседа и методом максимального правдоподобия показывают значительное генетическое сходство (по материнской линии) изучаемого образца с современными представителями бурых медведей, населяющими Северо-Восточную Азию.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФ (проект № 22-24-00282).

Ихтиологические коллекции Зоологического музея МГУ как важный источник современной оценки генетических ресурсов рыб и мониторинга динамики видового разнообразия водных бассейнов

Е.Д. Васильева¹, В.П. Васильев²

¹Зоологический музей Московского государственного университета им. М.В. Ломоносова, Москва.

E-mail: vas_katerina@mail.ru

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

Приводятся сведения об объеме и составе ихтиологических коллекций Зоологического музея МГУ и о первых результатах их использования в молекулярно-генетическом анализе. Оценивается перспективность проведения мониторинговых исследований динамики видового разнообразия рыб в ряде водных бассейнов России и сопредельных территорий. Рассматриваются результаты изучения видового разнообразия вьюновых рыб (Cobitidae) Кавказа на основе музейных коллекций и генетических данных.

**Значение энтомологической коллекции Института биологических проблем
криолитозоны СО РАН для оценки биоразнообразия животного мира на
северо-востоке Азии**

Н.Н. Винокуров, А.П. Бурнашева, С.Н. Ноговицына

Институт биологических проблем криолитозоны СО РАН, Якутск.

E-mail: n_vinok@mail.ru

Приводятся сведения об энтомологической коллекции Института биологических проблем криолитозоны СО РАН – уникальном фонде, в котором представлены материалы практически из всех ландшафтно-природных зон огромной территории Якутии площадью три млн. кв. км. Объем научной коллекции составляет более 200 тыс. единиц хранения, принадлежащих к 20 отрядам насекомых, а также паукообразным, включая многие эндемичные и редкие виды, которые отсутствуют в крупнейших музеях страны. Дается обзор результатов исследований, полученных с использованием данной коллекции и перспектив на будущее. Коллекция ИБПК СО РАН зарегистрирована в информационной системе «Парус» ФАНО России. Информация о коллекции представлена на электронном портале организации: <http://ibpc.ysn.ru>.

Исследование проводится в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации по проекту «Популяции и сообщества животных водных и наземных экосистем криолитозоны восточного сектора российской Арктики и Субарктики: разнообразие, структура и устойчивость в условиях естественных и антропогенных воздействий» (тема №121020500194-9).

Коллекция Генетического банка дикой фауны ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам» – подходы к формированию и практика использования коллекционных материалов для генетических исследований

А.А. Волнистый, А.А. Семёнова, В.О. Молчан, К.В. Гомель, Е.Э. Хейдорова,
А.В. Шпак, К. Сливинска, П.Ю. Лобановская, М.Е. Никифоров

ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам», Минск, Республика Беларусь.
E-mail: volnisty.aa@yandex.ru

В работе отражена структура, объём и назначение коллекции генетического банка дикой фауны ГНПО «НПЦ по биоресурсам НАН Беларуси». Описаны использованные подходы к формированию коллекции, её хранению и каталогизации генетических образцов, а также обеспечению свободного доступа исследователей к депонируемым материалам. Приводятся примеры и результаты современных молекулярно-генетических исследований на базе коллекционных ресурсов. Декларируется необходимость широкой международной кооперации в использовании локальных коллекций генетических материалов для осуществления исследований.

**Значение и перспективы использования живой коллекции мелких млекопитающих
ЗИН РАН для интегративного подхода к решению проблем
систематики и филогении**

Ф.Н. Голенищев

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

E-mail: f_gol@mail.ru

В конце 60-х годов прошлого столетия по инициативе Марины Николаевны Мейер (1927–2001), бывшей в те годы младшим научным сотрудником лаборатории млекопитающих, был организован виварий для содержания грызунов. Это решение было связано с необходимостью установления таксономического статуса обнаруженных к тому времени морфологически слабо дифференцированных разнوخромосомных форм, ранее включаемых в состав широко распространенного вида серых полевок – обыкновенной полевки *Microtus arvalis* Pall., 1779. Эту таксономическую проблему можно было решить только по результатам экспериментальной гибридизации, с последующим изучением репродуктивного состояния их гибридов F1. В результате этих опытов был выделен первый для мировой фауны млекопитающих криптический вид полевков *M. subarvalis* Meyer, Orlov et Skholl, 1972 (в дальнейшем – *M. rossiamaridionalis* Ognev, 1924). Благодаря этим работам был сформулирован комплексный (интегративный) подход к решению проблемы видового статуса. Его методологической основой стало кариотипирование соответствующих форм с последующим изучением их пре- и посткопуляционной репродуктивной изоляции.

Полученные результаты рассматриваются в комплексе с данными сравнительного морфологического и морфометрического анализов, а также биологии размножения и постнатального онтогенеза, что дает возможность понимания видообразования как интегрированного процесса. Этот подход был применен и к другим группам полевков. Кроме работ, связанных с проблемами видообразования и таксономическим статусом форм продолжают работы по «evo-devo»: выявляются закономерности роста и развития различных костных структур грызунов. В настоящее время большое внимание уделяется поиску исходных причин нарушений синапсиса и рекомбинации хромосом на ранних стадиях мейоза, приводящих к стерильности гибридов. Одно из направлений поиска – выявление генов, ответственных за формирование репродуктивной изоляции. У млекопитающих с помощью анализа сцепления генов был идентифицирован первый и единственный ген, ответственный за стерильность гибридов, Prdm9 (PR/SET domain containing protein 9). Перспективным методом выявления таких генов является поиск дифференциально экспрессирующихся генов у фертильных и стерильных особей (родительских видов и их гибридов).

Работа частично поддержана грантом РФФ № 22-24-00782.

Значение коллекций лабораторных культур и музейных экземпляров для исследований по цитогенетике паразитических перепончатокрылых (Hymenoptera)

В.Е. Гохман

Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва.
E-mail: vegokhman@hotmail.com

Паразитические перепончатокрылые, или наездники, – одна из наиболее богатых видами, таксономически сложных и практически важных, групп насекомых. К настоящему времени в мировой фауне описано более 80 тысяч видов наездников, а общее число их потенциально различимых представителей, по современным оценкам, составляет не менее миллиона. Многие паразитоиды заражают насекомых-фитофагов, включая серьезных вредителей сельского и лесного хозяйства, и, таким образом, эти наездники имеют существенное экономическое значение.

Все вышесказанное определяет теоретическую и практическую необходимость всестороннего изучения паразитических перепончатокрылых, одной из перспективных областей которого является хромосомное исследование. Более того, результаты подобной работы могут быть использованы не только для целей систематики и филогенетики, но и в интересах собственно генетических исследований указанной группы. В частности, ныне успешно продемонстрирована важная роль хромосомных признаков в процессе выявления, разграничения и описания криптических видов наездников, прежде всего относящихся к семействам Ichneumonidae и Pteromalidae. Некоторые особенности структуры кариотипа могут рассматриваться в качестве синапоморфий, маркирующих те или иные филогенетические ветви. С другой стороны, цитогенетические исследования паразитоидов позволяют верифицировать количество групп сцепления в геноме различных видов (совпадающее с гаплоидным числом хромосом), а также проводить так называемое физическое картирование различных последовательностей ДНК. Так или иначе, для получения хромосомных препаратов обычно используются живые экземпляры наездников, а их преимагинальные стадии являются наиболее надежным и качественным источником материала для этих целей. В то же время, точное определение данных стадий по внешним признакам весьма затруднительно, и, следовательно, значение коллекций лабораторных культур для цитогенетических исследований наездников трудно переоценить. Изучение близких видов в составе подобных коллекций позволяет в сжатые сроки провести сравнительно-цитогенетические исследования различных групп паразитоидов. Кроме того, гибриды между цитогенетически отличающимися формами наездников могут легко опознаваться по хромосомным признакам. Наряду с этим, такая информация может быть дополнена результатами других исследований, в том числе молекулярно-генетическими данными, а также сведениями о размерах генома.

Необходимо отметить, что обилие трудноразличимых форм наездников, характерное для данной группы, подчеркивает необходимость депонирования справочных экземпляров (*voucher specimens*), принадлежащих к генетически изученным популяциям, в авторитетных музейных коллекциях. В противном случае может оказаться, что весь объем информации, полученный в результате подобных исследований, может полностью обесцениться вследствие некорректных таксономических определений, прежде всего за счет ошибочного объединения нескольких видов под одним названием. Для таксонов, выявленных по хромосомным признакам, и описываемых в качестве новых для науки видов, изучение музейных коллекций паразитоидов также открывает возможность детальных сравнительно-морфологических исследований, уточнения существующих ареалов и получения другой важной информации. Более того, при описании подобных видов весьма желательно выделять типовые экземпляры, включая голотипы, из числа цитогенетически изученных взрослых особей наездников.

Систематика и распространение зеленых ящериц рода *Lacerta* (Squamata: Lacertidae) Кавказа: новые подходы в решении старых проблем

И.В. Доронин¹, М.А. Доронина¹, С.А. Луконина², К.Ю. Лотиев^{3,4}, Л.Ф. Мазанаева⁵

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

E-mail: igor.doronin@zin.ru

²Пензенский государственный университет, Пенза.

³Национальный парк «Сочинский», Сочи.

⁴Национальный парк «Кисловодский», Кисловодск

⁵Дагестанский государственный университет, Махачкала.

В докладе отражены современные проблемы в изучении распространения и систематики зеленых ящериц рода *Lacerta* на Кавказе. Дан краткий анализ истории становления современных воззрений на систему рода и подвидовую дифференциацию его кавказских представителей, обзор результатов наших исследований, проведенных с применением современных ГИС- и молекулярно-генетических методов.

Одним из основных результатов работы стало создание: базы данных по распространению таксонов и ее анализ (использованы ГИС-методы и моделирование пространственного распределения), новой филогеографической концепции (показаны пути проникновения и расселения ящериц в регионе со сложной гидро- и орографией) и системы рода (предложено свести в младшие синонимы ряд подвидов *L. agilis*; не получила подтверждение гипотеза о политипичности *L. strigata*). Особое внимание уделено значению коллекции лаборатории герпетологии ЗИН РАН в данных исследованиях.

Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта РФФИ (№ 22-24-00079).

Использование гербарных материалов и современных методов молекулярной генетики для уточнения истории инвазии каштановой минирующей моли *Cameraria ohridella* (Lepidoptera: Gracillariidae) в России

Н.И. Кириченко^{1,2}, Н.Н. Карпун^{3,4}, Д.Л. Мусолин⁴

¹Институт леса им. В.Н. Сукачева СО РАН, Федеральный исследовательский центр «Красноярский научный центр Сибирского отделения Российской академии наук», Красноярск.

²Сибирский федеральный университет, Красноярск.

E-mail: nkirichenko@yahoo.com

³Федеральный исследовательский центр «Субтропический научный центр Российской академии наук», Сочи.

⁴Санкт-Петербургский государственный лесотехнический университет им. С.М. Кирова, Санкт-Петербург.

Музейные образцы растительноядных насекомых и гербарные материалы со следами их повреждений, собранные за длительный период времени, – важный источник информации о ранних ареалах инвазионных видов и последующем расширении границ их обитания. Гербарные коллекции могут служить также уникальным источником биологического материала – особи эндотрофных насекомых, в частности минирующих видов, могут быть обнаружены в своих убежищах (минах) в тканях гербаризированных листьев по прошествии не одного десятка лет. Развитие методов молекулярной генетики открывает большие возможности для изучения таких архивных образцов насекомых. Ультразвуствительный метод секвенирования нового поколения (next generation sequencing), работающий с низкими концентрациями и деградированной ДНК, позволяет получать максимально информативный пул генетических данных в сравнении с тем, который нарабатывается с использованием классического метода ДНК-баркодирования с секвенированием по методу Сэнгера, чувствительного к качеству и количеству первичного генетического материала.

В рамках проекта РФФ «Формирование современных ареалов растительноядных насекомых-инвайдеров и их экофизиологические адаптации к условиям юга России» (грант № 21-16-00050, <https://rscf.ru/project/21-16-00050/>), нами начато изучение истории инвазии каштановой минирующей моли, или охридского минера *Cameraria ohridella* Deschka & Dimić (Lepidoptera: Gracillariidae) на территории России. Согласно литературным данным, первые находки вида в стране известны с 2003 г. в Калининграде и с 2005 г. в Москве. Примерно за два десятилетия вредитель оккупировал значительную территорию европейской части России и ныне встречается в массе в крупных городах, где причиняет значительный вред основному кормовому растению – конскому каштану обыкновенному *Aesculus hippocastanum* L. (Sapindaceae). В настоящее время нами проводится исследование гербарных образцов листьев каштанов рода *Aesculus*, которые были собраны на протяжении последнего столетия в европейской части России и прилегающих странах и размещены на хранение в коллекциях отечественных ботанических садов, институтов и музеев. Обнаруженные на листьях мины позволяют уточнить время появления вредителя в европейской части страны, что, в свою очередь, даст понимание географических путей заноса и дальнейшего расширения вторичного ареала этого инвайдера в России. Собранные из мин гусеницы будут подвергнуты молекулярно-генетическому анализу с целью уточнения видовой принадлежности и гаплотипического разнообразия инвазионных популяций для уточнения филогеографической модели распространения вида.

Разработка молекулярно-генетических библиотек насекомых – вредителей древесных растений в азиатской части России: ДНК-баркодинг полевых и музейных образцов

Н.И. Кириченко^{1,2}, И.А. Керчев³, Р.В. Яковлев⁴, Д.Л. Мусолин⁵

¹Институт леса им. В.Н. Сукачева СО РАН, Федеральный исследовательский центр «Красноярский научный центр Сибирского отделения Российской академии наук», Красноярск.

²Сибирский федеральный университет, Красноярск.
E-mail: nkirichenko@yahoo.com

³Институт мониторинга климатических и экологических систем СО РАН, Томск.

⁴Алтайский государственный университет, Барнаул.

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

Инвазии растительноядных организмов – актуальная мировая проблема, в значительной степени обусловленная глобальными изменениями, происходящими в окружающей среде. Исследования, направленные на раннее выявление потенциально инвазивных и вредоносных дендрофильных видов насекомых, и изучение предпосылок их инвазий с применением молекулярно-генетических методов отвечают современным вызовам фундаментальной науки и практики.

Активное развитие ДНК-баркодинга (расшифровки митохондриального гена цитохромоксидазы 1 – COI) и возможность использования этого метода для быстрого и точного определения видов крайне важны для составления молекулярно-генетических библиотек вредоносных насекомых-фитофагов, которые чаще всего обнаруживаются при обследовании растений, товаров и грузов на преимагинальных стадиях развития, плохо поддающихся видовой идентификации по морфологическим признакам. Работа по ДНК-баркодированию вредоносной энтомофауны России находится пока в зачатке. Перспективным является ДНК-баркодирование, как свежесобранных, так и музейных образцов (в особенности типовых экземпляров) для создания референсных ДНК-библиотек – «золотых стандартов» видовой ДНК-диагностики.

В рамках проекта РФ «На страже биобезопасности: раннее выявление опасных и потенциально инвазивных видов дендрофильных насекомых в азиатской части России с применением современных экологических и молекулярно-генетических подходов (ИнвАЗИЯ)» (грант № 22-16-00075, <https://rscf.ru/project/22-16-00075/>) нами начаты масштабные работы по составлению молекулярно-генетических библиотек для идентификации вредоносных дендрофильных видов насекомых (представителей отрядов Lepidoptera, Coleoptera и Hymenoptera), регулярно выявляемых при питании на листьях, в побегах и древесине растений-интродуцентов в азиатской части России. Комплементарно такие библиотеки будут пополнены данными ДНК-баркодирования музейных образцов вредоносных и потенциально инвазивных дендрофильных видов насекомых из различных частей их ареала с использованием прорывных технологий – секвенирования нового поколения, позволяющего работать с разрушенной ДНК.

Помимо фундаментальной значимости в изучении инвазивных процессов, такие референсные ДНК-библиотеки будут важны для быстрой диагностики видов насекомых-дендрофагов, обнаруженных при пересечении границы в пунктах досмотра растительной продукции, а также при перехвате случайно занесенных карантинных растительноядных насекомых. Подобные работы все больше находят применение при разработке стратегий укрепления биологической безопасности различных регионов мира, в частности, при развитии систем раннего предупреждения и раннего действия (Early Warning Early Action Systems).

Находки мин тополевых молей-пестрянок *Phyllonorycter* spp. (Lepidoptera: Gracillariidae) на гербаризированных листьях более чем вековой давности: идентификация видов по ДНК-баркодированию останков насекомых

Н.И. Кириченко^{1,2}, М.А. Рязанова², А.А. Ефременко¹, Д.Л. Мусолин³, Е.В. Захаров⁴

¹Институт леса им. В.Н. Сукачева СО РАН, Федеральный исследовательский центр «Красноярский научный центр Сибирского отделения Российской академии наук», Красноярск

²Сибирский федеральный университет, Красноярск
E-mail: nkirichenko@yahoo.com

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

⁴Центр геномики биоразнообразия, Университет Гуэлфа, Онтарио, Канада

Роль гербарных коллекций в энтомологических исследованиях долгое время недооценивали. Несмотря на то, что традиционно в гербарные коллекции принято помещать целые образцы растений, следы поврежденных минирующих насекомых – полости в тканях листьев (мины), зрительно не нарушающие целостность листовой пластинки, могут оставаться незамеченными при сборе листьев в гербарий. В минах на засушенных листьях несложно обнаружить личинки и куколки минеров, даже по прошествии многих десятилетий. Такие образцы могут использоваться для таксономических, филогенетических и филогеографических исследований. Хотя с течением времени ДНК образцов претерпевает деградацию, развитие методов молекулярной генетики, в частности, секвенирования нового поколения, открывает большие возможности для работы с этим ценным историческим материалом.

Минирующая тополевая моль-пестрянка *Phyllonorycter populifoliella* (Treitschke) – вид, имеющий широкое распространение в Палеарктике и известный вспышками массового размножения на североамериканском тополе бальзамическом *Populus balsamifera* и его гибридах, широко используемых в озеленении в европейской части России и Сибири. Мы исследовали гербарные образцы из музейных коллекций России и Центральной Европы, собранные за последние 154 года в пределах естественного ареала моли в Палеарктике на аборигенных (*P. nigra*, *P. alba*) и чужеродном (*P. balsamifera*) видах тополей, а также в пределах естественного ареала *P. balsamifera* в Северной Америке, для уточнения распространения *Ph. populifoliella* и его трофических связей с тополями в прошлом. Останки гусениц из 22 гербарных образцов были подвергнуты молекулярно-генетическому анализу с применением технологии секвенирования одиночных молекул в реальном времени (Single molecule real time sequencing или SMRT).

По ДНК-баркодам образцы из Палеарктики были отнесены к трем видам тополевых молей-пестрянок: *Ph. populifoliella*, *Ph. pastorella* (Zeller) и *Ph. apparella* (Herrich-Schäffer). Максимальный возраст успешно секвенированных образцов составил 136 лет. Первые два вида связаны с *Populus balsamifera* и *P. nigra*, а мины последнего вида были найдены на *P. alba*. В образцах с тополя бальзамического из нескольких штатов США и Канады был идентифицирован местный вид моли – *Ph. nipigon* (Freeman). Заносов *Ph. populifoliella* в Северную Америку по исследованным материалам не отмечено. Примечательно, что на отдельных образцах *P. balsamifera* мины *Ph. nipigon* встречались в значительном количестве, что не исключает подъемов численности местного вида моли на его типичном кормовом растении в этой части света. При интродукции в Палеарктику бальзамический тополь оказался весьма благоприятной породой и для развития палеарктической *Ph. populifoliella*, которая успешно переклонила с местных тополей секций Aigeiros и Tasamahasa на *P. balsamifera* и его гибриды.

Исследование выполнено при поддержке РФФ (проект № 22-16-00075).

Виртуальные коллекции сайта «Жуки и колеоптерологи» – инструмент изучения биоразнообразия крупнейшего отряда животных

А.Г. Кирейчук, И.С. Смирнов, И.А. Чиграй

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.
E-mail: agk@zin.ru

Коллекция отделения жесткокрылых лаборатории систематики насекомых Зоологического института РАН (ЗИН) – одна из крупнейших в мире, а по материалам из Палеарктической области несомненно самая крупная. Точные подсчеты числа хранящихся в ней экземпляров сделать практически невозможно. Сейчас в коллекции содержится не менее шести миллионов смонтированных экземпляров. Коллекция берет начало от Петровской кунсткамеры, а в ее формировании принимали участие многие отечественные и зарубежные специалисты. Сайт «Жуки и колеоптерологи», размещенный на сервере ЗИН РАН, – это один из крупнейших колеоптерологических сайтов, являющийся важным справочным ресурсом по систематике, филогении, фаунистике, палеонтологии, зоогеографии и другим областям знаний. Информационное ядро сайта составляют атласы и каталоги по различным группам современных и вымерших жуков, обзоры по семействам, базы данных по фауне России, определители, очерки об историческом развитии жуков, их биологии, истории колеоптерологии и т.п. Сведения об основных российских и зарубежных коллекционных хранилищах жесткокрылых входят в различные разделы сайта и дают ориентиры для поиска материалов по этой группе животных, включая сведения о типовых экземплярах. Наибольшую известность получил «Атлас жуков России и сопредельных территорий», содержащий высококачественные фотографии представителей многих видов отечественной фауны, в том числе и типовых экземпляров, позволяющих надежно определять экземпляры без использования коллекционных фондов. Атлас включает фотографии представителей 165 ныне живущих семейств с более чем 12000 видовых страниц (при приблизительной оценке фауны России в 15000 видов). Этот атлас представляет собой виртуальную коллекцию, включающую, в основном, фотографии экземпляров, хранящихся в государственных коллекциях России. Это обстоятельство обеспечивает надежность и проверяемость определений, которые во многих случаях можно делать по фотографиям, а также с использованием определителей и другой справочной литературы, имеющейся в оцифрованном виде на сайте. Существенным достоинством этой виртуальной коллекции является возможность пользоваться ею дистанционно. На сайте есть также атласы представителей отдельных таксонов (в том числе и внепалеарктических групп и отдельных экзотических представителей), преимагинальных стадий, фотографий жуков в природе и т.д. Раздел сайта, посвященный каталогу и атласу вымерших жуков, уникален тем, что в нем дана, в отличие от всех других аналогичных ресурсов в Интернете, сбалансированная интерпретация систематических сведений по ископаемым жукам, что делает его источником проверенной информации не только по вымершим жукам, но и по системе отряда в целом.

Молекулярных генетиков всегда очень привлекали разнообразие и многочисленность жуков. В библиотеке сайта имеется много публикаций, посвященных вопросам молекулярной генетики, и в том числе источники по молекулярной таксономии и генетической диверсификации отряда в целом, таксонов разных рангов, а также отдельных видов. Взаимный интерес вызывает естественную дискуссию колеоптерологов и сторонников новых методов, которая обещает дать взвешенное обоснование и корректное использование различных методов в будущем.

По следам русских первопроходцев Китая: исторические экземпляры голубянок (Lepidoptera, Lycaenidae) из коллекции ЗИН РАН как основа для филогенетических исследований

А.В. Крупицкий^{1,2}, Н.А Шаповал³, Г.Н. Шаповал³

¹Биологический факультет Московского государственного университета им. М.В. Ломоносова, Москва.

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

E-mail: nephgurus@yandex.ru

³Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

В коллекции Зоологического института РАН в Санкт-Петербурге хранятся уникальные экземпляры чешуекрылых, собранные более 100 лет назад русскими исследователями Г.Е. Грум-Гржимайло, Г.Н. Потаниным, П.К. Козловым и М.М. Березовским в Центральной и Восточной Азии. На основе этих сборов нами был описан новый вид голубянки из подсемейства Theclinae и решён ряд таксономических и номенклатурных вопросов.

Анализ ДНК таких экземпляров традиционными методами не представляется возможным, однако, данные этикеток и дневниковых записей путешественников позволяют определённо установить места сборов этих материалов с помощью старых карт. Уточнённые локалитеты этих находок позволили организовать полевые исследования в труднодоступных районах Китая по маршрутам русских исследователей XIX – начала XX века и собрать свежий материал по родам *Ahlbergia*, *Cissatsuma* и *Novosatsuma*. На основе собранного материала был проведён молекулярно-филогенетический и морфологический анализ преимагинальных и имагинальных стадий представителей данных таксонов, что позволило разработать новую систему этой группы.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 21-74-00021 (молекулярно-филогенетический анализ и исследования морфологии).

Инфузории, бактерии, водоросли и их вирусы: крупнейшая в Европе коллекция культур инфузорий и их симбионтов (CCPS)

Н.А. Лебедева¹, Ю.А. Квитко¹, С.А. Чекрыгин¹, Е.В. Пенькова¹,
М.С. Мелехин^{1,2}, А.А. Потехин^{1,2}

¹Ресурсный Центр «Культивирование микроорганизмов», Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург
E-mail: tchekrygin.sergej@yandex.ru

²Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург

Коллекция культур протистов и их симбионтов CCPS Ресурсного центра «Культивирование микроорганизмов» СПбГУ является крупнейшей в Европе, а разнообразие поддерживаемых родов и видов инфузорий ставит ее в один ряд с коллекцией ATCC (США). Коллекция в течение 50 лет создавалась из культур, собранных в природе и идентифицированных сотрудниками СПбГУ. Важнейшей особенностью хранения культур является стационарное поддержание инфузорий в живом состоянии, когда не применяются методы криохранения. Таксономическая принадлежность большинства клонов коллекции определена морфологическими методами и подтверждена секвенированием маркерных последовательностей ДНК. В коллекции поддерживаются клоны целого ряда родов Ciliophora, относящихся к разным классам: *Paramecium*, *Colpidium*, *Euplotes*, *Stylonychia*, *Urostyla*, *Blepharisma*, *Spirostomum*, *Coleps*, *Didinium*, *Dileptus*, *Stentor*, *Homalozoon*, *Bursaria*, *Climacostomum*.

Ядро коллекции составляют инфузории рода *Paramecium*. В коллекции CCPS поддерживается более 1000 клонов этого рода, представляющих собой исчерпывающее видовое разнообразие *Paramecium*. Так, представлены 15 из 16 видов-двойников комплекса *P. aurelia*, 6 видов комплекса *P. bursaria*, широким разнообразием географического происхождения характеризуется набор клонов *P. caudatum*, *P. multimicronucleatum* и *P. jenningsi*. Подборки клонов малоизученных видов *P. polycaryum*, *P. calkinsi*, *P. woodruffi*, *P. dubosqui*, *P. nephridiatum*, *P. putrinum* не имеют аналогов в мире и представляют собой уникальный материал для исследований. Отдельными клонами представлены и очень редкие виды, такие как *P. chlorelligerum* и *P. buetschli*. За последние годы при анализе материалов коллекции были обнаружены и описаны два новых вида – *P. lynni* и *P. fokini*.

Гордостью коллекции являются культуры *Paramecium*, содержащие разнообразные симбиотические бактерии. Собрание симбионтов *Paramecium* не имеет аналогов в мире и практически перекрывает все известное разнообразие таких бактерий, которых невозможно культивировать отдельно от инфузории-хозяина. Широкое представительство имеют рода, относящиеся к порядкам *Holosporales* и *Rickettsiales*. В частности, в коллекции представлены почти все виды уникальных внутриядерных симбионтов *Paramecium* – бактерий рода *Holospora*, а также родственного ему рода *Preeria*. Имеются изоляты очень редких симбионтов, которых в настоящий момент нет в других лабораториях мира – *Paraholospora*, *Mystax*, *Gromoviella*, *Sarmatiella*, *Trichorickettsia*, *Lyticum*. Особого внимания заслуживают симбионты родов *Caedibacter* и *Caedimonas*, придающих своим инфузориям-хозяевам киллер-свойства.

Помимо бактериальных симбионтов, самостоятельный интерес для исследователей представляют одноклеточные зеленые водоросли, образующие симбиоз с *P. bursaria* и *P. chlorelligerum*. Эти симбионты относятся как не менее чем к четырем разным родам – *Chlorella*, *Micractinium*, *Meyerella* и *Choricystis*. Некоторые из этих водорослей, в свою очередь, могут выступать хозяевами для гигантских ДНК-содержащих вирусов рода *Chlorovirus*.

Исследования материалов коллекции проводятся при поддержке РФФ 20-14-00220.

Коллекция Сибирского зоологического музея ИСНЭЖ СО РАН: состояние и перспективы развития

А.А. Легалов¹, В.В. Дубатовол^{1,2}

¹Институт систематики и экологии животных СО РАН, Новосибирск.

E-mail: fossilweevils@gmail.com

²ФГУ «Заповедное Приамурье», Хабаровский край, Бычиха.

Общий объем коллекций позвоночных и беспозвоночных животных составляет более двух миллионов единиц хранения, относящихся к 26 тысячам видов из 780 семейств. Беспозвоночные представлены не менее чем 1.8 миллиона экземпляров, среди которых представители 663 семейств из 90 отрядов, в том числе: черви – 12, моллюски – 38, ракообразные – 14, меростомовые – 1, клещи – 98, паукообразные – 46, многоножки – 7, коллемболы – 17, щетинохвостки – 1, насекомые – 424. Среди насекомых распределение по семействам следующее: стрекозы – 10, тараканы – 2, богомолы – 2, термиты – 2, веснянки – 8, эмбии – 2, гриллоблаттиды – 1, палочники – 2, прямокрылые – 15, уховёртки – 3, пухоеды – 3, вши – 2, равнокрылые – 28, клопы – 35, жесткокрылые – 97, сетчатокрылые – 10, верблюдки – 2, большекрылые – 2, скорпионницы – 3, ручейники – 15, чешуекрылые – 81, перепончатокрылые – 52, блохи – 5, двукрылые – 47.

Позвоночные представлены более чем 200 тысячами экземпляров, из них млекопитающие – более чем 104 тысячами экземпляров. Всего представлено 117 семейств из 33 отрядов: костистые рыбы – 5, амфибии – 7, рептилии – 15, птицы – 59, млекопитающие – 31. Распределение по видам следующее: костистые рыбы – 13, амфибии – 20, рептилии – 86, птицы – 379, млекопитающие – 250.

Основная часть коллекции хранится в сухом виде в коробках. В связи со спецификой групп – часть находится в спирте или в виде постоянных препаратов на стеклах. Материалы, хранящиеся в коллекции, задействуются в молекулярно-генетических исследованиях, например, из чешуекрылых: по *Eversmannia* (Uraniidae), *Oreta* (Drepanidae) (Solovyev et al., 2015), *Lithosia* и *Conilepia* (Erebidae: Arctiinae) (Dubatolov, Zolotuhin, 2016), *Davidina* (Nymphalidae) (Lukhtanov, Dubatolov, 2020), а в последние годы – по *Limenitis* (Nymphalidae), *Dendrolimus*, *Malacosoma* (Lasiocampidae) (готовится к опубликованию).

Множественные адаптивные радиации карповых рыб в реках Эфиопского нагорья: генетические данные

Б.А. Лёвин

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.
E-mail: borislyovin@gmail.com

Адаптивные радиации рыб приурочены, в основном, к озерным водоемам. Однако, в реках Эфиопском нагорья, относящихся к географически изолированным речным бассейнам, обнаружен ряд адаптивных радиаций в двух эволюционных линиях карповых рыб. Генетический и геномный анализы показали независимое параллельное происхождение четырех адаптивных радиаций в группе африканских усачей *Labeobarbus* от разных предковых популяций. Каждая радиация включала от четырёх до шести симпатрических форм. Радиации усачей находятся на разной стадии диверсификации, что подтверждается генетическими данными. В составе другой эволюционной линии род *Garra* обнаружена яркая диверсификация в речной системе Белого Нила, представленная шестью симпатрическими экоморфами/видами, генетически изолированными друг от друга. Диверсификация карповых рыб в составе речных радиаций проходила по сценарию экологического видообразования путем разделения трофических ресурсов.

О герпетологической коллекции Дагестанского государственного университета

Л.Ф. Мазанаева, У.А. Гичиханова, А.Д. Аскендеров, З.С. Исмаилова

ФГБОУ ВО «Дагестанский государственный университет», Махачкала.
E-mail: mazanaev@mail.ru

На кафедре зоологии и физиологии Дагестанского государственного университета с 2003 г. под руководством Л.Ф. Мазанаевой была начата работа над созданием герпетологической коллекции. В настоящее время эта работа проводится объединённым коллективом сотрудников и преподавателей кафедры. В последние годы осуществляется инвентаризация, обработка и создание электронной базы данных научной коллекции амфибий и рептилий Дагестана. Её результатом станет создание и публикация «Справочного каталога герпетологической коллекции Дагестана».

Основу коллекции составляют сборы амфибий и рептилий из различных природно-климатических зон и районов Дагестана, что подтверждается подробными этикетками, составленными к подавляющему большинству экземпляров. В настоящее время коллекция кафедры включает 799 экз. амфибий, относящихся к четырем видам и 880 экз. рептилий (407 экз. – 17 видов змей, 433 экз. – 16 видов ящериц и 40 панцирей трёх видов черепах). Информация по каждому виду отображена на картографических схемах. Ваучерные образцы амфибий и рептилий хранятся в 70% этаноле, а молекулярные пробы к этим образцам – в 96% этаноле в холодильной камере.

Молекулярные пробы герпетологической коллекции кафедры были использованы в работах, посвященных филогении, филогеографии и систематике ряда видов амфибий и рептилий (Korsunen et al., 2003, 2005; Litvinchuk et al., 2003, 2005, 2006; Литвинчук и др., 2006; Семенова и др., 2004; Semyenova et al., 2004; Vasilyev et al., 2005, 2014; Васильев и др., 2014; Fritz et al., 2007, 2008; Vamberger et al., 2013; Zinenko et al., 2015). Полученные последовательности депонированы в GenBank. В последние десятилетия сотрудничество с Зоологическим институтом РАН в Санкт-Петербурге придало новый импульс молекулярно-генетическим исследованиям с использованием герпетологической коллекции кафедры (Dufresnes et al., 2019; Доронин и др., 2021; Doronina et al., 2022 и др.). Отдельное направление – это применение ГИС-технологий и методов моделирования пространственного распределения для анализа ареалов рептилий (Доронин и др., 2018; Апанјева et al., 2021; Доронина и др., 2022). Эти работы также базируются на данной коллекции. Полученные коллективом кафедры новые сведения были использованы в том числе при написании нового издания Красной книги России (2021).

Исследование выполнено при поддержке РНФ (грант № 22-24-00079).

Обзор фауны короедов (Coleoptera: Curculionidae: Scolytinae) России

М.Ю. Мандельштам¹, А.В. Петров²

¹ Санкт-Петербургский государственный лесотехнический университет
им. С. М. Кирова, Санкт-Петербург.
E-mail: amitinus@mail.ru

² Институт лесоведения РАН, Московская область, Успенское.

Фауна короедов России со времени издания монографии В.Н. Старка (1952) не пересматривалась, однако, она постоянно пополняется новыми видами из-за завозов чужеродных видов и изменения ареалов аборигенных для Евразии видов, а также описания новых таксонов.

Авторами доклада последовательно ревизуются отдельные трибы в составе фауны России и сопредельных стран. В частности, опубликованы ревизии триб Hylesinini, Hylastini, Scolytini. Описаны новые виды в трибах Cryphalini, Trypophloeini. Отмечены новые для России инвазионные виды в трибах Xyleborini и Trypophloeini.

Проанализирован состав фауны, обсуждены инвазии видов за пределами основных ареалов внутри России. Подчеркнуто значение коллекции ЗИН РАН, являющейся важнейшим депозитарием типовых экземпляров видов короедов фауны России, в подготовке авторами нового издания фауны России и сопредельных стран.

**Герпетологическая коллекция ЗИН РАН как источник материала для молекулярно-генетических и компьютерно-томографических исследований
(на примере агам рода *Pseudotrapelus*)**

Д.А. Мельников, Н.Б. Ананьева

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

E-mail: melnikovda@yandex.ru

Приводятся данные об использовании современных методов (молекулярно-генетических и компьютерной томографии) для исследования материала герпетологической коллекции ЗИН РАН.

Агамы рода *Pseudotrapelus* являются хорошей модельной группой, характеризующейся криптическим разнообразием. Семь видов этого рода распространены в Афро-Аравийском регионе, отличающемся сложной геологической историей. Все виды *Pseudotrapelus* хорошо отличаются друг от друга генетически и по признакам строения черепа, при этом внешне они очень похожи.

Работа выполнена в рамках государственной темы № 122031100282-2.

Арахнологические коллекции России и стран бывшего СССР

К.Г. Михайлов

Зоологический музей Московского государственного университета
им. М.В. Ломоносова, Москва.
E-mail: mikhailov2000@gmail.com

Дан обзор коллекций паукообразных (исключая клещей), хранящихся в государственных и частных коллекциях России и республик бывшего СССР. Общий объем государственных коллекций приблизительно оценивается в 700000 экземпляров. Среди наиболее крупных коллекций Зоологический музей МГУ (Москва) – около 250000 экземпляров, Институт систематики и экологии животных СО РАН (Новосибирск) – порядка 100000 экземпляров, Зоологический институт РАН (Санкт-Петербург) и Пермский государственный университет (Пермь, кафедра зоологии беспозвоночных) – в каждой не менее 80000 экземпляров. Объем частных арахнологических коллекций оценен примерно в 500000 экземпляров.

Описаны принципы научного хранения коллекций паукообразных, приведены имена основных поставщиков материала. Указаны коллекции, находящиеся в угрожаемом состоянии и нуждающиеся в государственной поддержке, а также коллекции, утерянные за последние 120 лет.

Оцифровка типов Hemiptera в коллекции Зоологического института РАН

В.В. Нейморовец

Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений,
Санкт-Петербург – Пушкин.
E-mail: neimorovets@mail.ru

В 2022 году запланировано сфотографировать более 120 типовых экземпляров (голотипы, паратипы, лектотипы и паралектотипы) из семейств Issidae и Caliscelidae (цикадовые) и около 550 типов из семейства Miridae (клопы). Все фотографии будут размещены на сервере Зоологического института РАН в Санкт-Петербурге и доступны для просмотра через базу данных EarthCare, ассоциированную с официальным сайтом ЗИН РАН. Все этикеточные данные типов будут также внесены в эту базу. Вся загруженная информация будет в свободном доступе для всех заинтересованных лиц.

Т.В. Петрова, С.Ю. Бодров, О.В. Бондарева, Е.А. Генельт-Яновский, Н.И. Абрамсон

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.
E-mail: Tatyana.Petrova@zin.ru

Музейные коллекции являются бесценным источником материала, собранного в предыдущие столетия, в том числе, и в труднодоступных ныне местах. В результате быстрого развития методов высокопроизводительного секвенирования, экземпляры животных, собранные за последние несколько веков, часто включая и образцы давно вымерших видов и популяций, стали доступны для геномного анализа. Особое значение имеет генотипирование музейных экземпляров из типовых коллекций для прояснения сложных номенклатурных вопросов.

В данном сообщении мы приводим примеры генетических исследований материала по мелким грызунам из крупнейших зоологических коллекций России, в том числе и образцов, собранных в начале 19-го века. Мы генотипировали образцы из сборов Н.М. Пржевальского, Г. Радде, И.С. Полякова, Н.А. Северцова, Ф.Г. фон Киттлица, В.И. Роборовского и других знаменитых исследователей.

Полученные данные генетического анализа, с включением типового материала, коренным образом меняют традиционное представление о распространении и таксономии настоящих леммингов (род *Lemmus*). Целый ряд ошибок в определении обнаружен и в трудном для изучения морфологическими методами роде азиатских полевков *Alexandromys*. Переопределены типовые экземпляры центральноазиатских полевков из родов *Lasiopodomys*, *Blanfordimys* и *Neodon*, что внесло логический порядок в таксономию и географическое распространение этих видов. В результате генотипирования лектотипа подвида узкочерепной полевки *Lasiopodomys gregalis raddei* была установлена его идентичность представителям недавно выделенного криптического вида в комплексе узкочерепных полевков и, соответственно, новому виду присвоено название *Lasiopodomys raddei*. Анализ голотипа *Neodon juldaschi* показал принадлежность этого таксона к роду *Blanfordimys*.

Высокопроизводительные платформы секвенирования очень хорошо применимы для генотипирования музейных экземпляров и анализа так называемой «исторической ДНК», поскольку такая ДНК уже сильно фрагментирована, а в ходе высокопроизводительного секвенирования возможно получить миллионы коротких ридов, локализованных по всему геному. Применив секвенирование нового поколения, мы собрали почти полные митохондриальные геномы кашмирской полевки *Hyperacrius fertilis* и полевой полевки *Lemmings curtatus*, и определили их положение в системе подсемейства полевочьих. Для обоих родов ранее оно было спорным. Впервые генетически исследован уникальный эндемик Казахской степи – *Selevinia betpakdalensis* (Rodentia, Gliridae). Показано, что селевиния занимает обособленное, базальное положение в семействе соневых, что не совсем согласуется с предположением о ее близости к роду *Myomimus*, высказанным ранее на основе морфологических данных.

**Генетический анализ образцов скорпионов рода *Mesobuthus* (Vachon, 1950) из сборов
А.А. Бялыницкого-Бирули, хранящихся в коллекции ЗИН РАН**

Н.М. Поверенный

Саратовский национальный исследовательский государственный университет, Саратов.
E-mail: nikitapov64@yandex.ru

Дана методика выделения ДНК из животной ткани, хранящейся продолжительное время в экстремальных условиях. В коллекции обнаружены экземпляры, определяющие северные границы ареала обитания скорпионов в Палеарктике. Полученные данные позволяют предложить новый сценарий распространения скорпионов рода *Mesobuthus* на территории Северного Турана в районе Прикаспия. В работе представлены результаты филогенетического анализа видов из коллекции ЗИН РАН и их сравнение с данными из Genbank.

Выявление бактерий *Wolbachia* в коллекции муравьев (Hymenoptera: Formicidae)

А.С. Рябинин, Р.А. Быков, Ю.Ю. Илинский

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск.

E-mail: art@bionet.nsc.ru

Коллекции насекомых используют как для просветительско-демонстрационных целей, так и для решения научных вопросов морфологии, систематики и зоогеографии. С развитием новых технологий появляется все больше работ, посвященных использованию коллекционного материала для молекулярно-генетического анализа, в частности, с целью установления систематического положения исследуемых объектов.

Муравьи – общественные насекомые, населяющие практически все наземные биоценозы и оказывающие существенное влияние на окружающую их территорию и биоту (Hölldobler, Wilson, 1990). При этом со многими насекомыми, растениями и бактериями муравьев связывают симбиотические отношения (Zientz et al., 2005). Среди внутриклеточных бактерий, встречающихся у муравьев, особый интерес представляют бактерии рода *Wolbachia*. Известно, что эти бактерии оказывают влияние на репродуктивную систему хозяина, индуцируя ряд эффектов, таких как, партеногенез, феминизацию, цитоплазматическую несовместимость и андроид, обеспечивающих благоприятные условия для размножения и передачи бактерий следующему поколению муравьев (Engelstadter, Hurst, 2009). Важным направлением исследований является использование *Wolbachia* в качестве средства борьбы с различными видами вредителей (Ross et al., 2019).

Цель настоящей работы – это выявление изолятов *Wolbachia* в коллекционном материале муравьев, относящихся к различным родам и подсемействам. Нами проведен скрининг эндосимбионта *Wolbachia* у муравьев, относящихся к 12 видам из 7 родов подсемейств Formicidae и Myrmicinae: *Camponotus* (*C. saxatilis*), *Cataglyphis* (*C. aenescens*), *Formica* (*F. candida*, *F. cunicularia*, *F. fusca*, *F. polyctena*, *F. rufa*, *F. sanguinea*), *Lasius* (*L. fuliginosus*), *Leptothorax* (*L. acervorum*), *Myrmica* (*M. rubra*), *Tetramorium* (*T. caespitum*).

В ходе работы было проанализировано 120 образцов из Курганской (10) и Новосибирской (83 образца) областей, а также из Республики Саха (Якутия) (27 образцов). Сбор материала осуществлялся на маршрутах шириной три метра, при этом, осматривали все возможные места обитания муравьев. Из гнезд муравьев собирали по 10–15 особей. Материал фиксировали в 96% спирте. Для выявления эндосимбиотической бактерии *Wolbachia* у исследуемых муравьев, был проведен качественный анализ образцов с помощью полимерной цепной реакции (ПЦР). Для выявленных изолятов бактерии были получены последовательности пяти генов системы мультилокусного типирования (MLST – Multilocus sequence typing) *Wolbachia*.

В результате проведенного анализа эндосимбиотическая бактерия *Wolbachia* обнаружена у шесть видов исследованных муравьев, все они относятся к роду *Formica* (*F. candida*, *F. cunicularia*, *F. fusca*, *F. polyctena*, *F. rufa*, *F. sanguinea*). При этом у *Formica fusca* обнаружен уникальный гаплотип симбионта, а у муравьев *Formica sanguinea* эндосимбиотическая бактерия обнаружена впервые. У представителей родов *Lasius*, *Myrmica*, *Camponotus*, *Cataglyphis*, *Leptothorax* и *Tetramorium* эндосимбионт не обнаружен.

Значение териологических коллекций ЗИН РАН для проведения фундаментальных зоологических, молекулярно-генетических и междисциплинарных исследований

М.В. Саблин, К.Ю. Ильцевич

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.
E-mail: Mikhail.Sablin@zin.ru

Научная териологическая коллекция ЗИН РАН одна из крупнейших в мире. Она насчитывает более 300 000 единиц хранения. В основном это шкуры, черепа и скелеты млекопитающих. Имеется довольно обширная коллекция «мокрых» препаратов, то есть тушек зверей, хранящихся в спирту или формалине. Богато представлены палеонтологические сборы, в основном это ископаемые кости мамонтов и других плейстоценовых млекопитающих.

Формирование научной коллекции началось еще в XVIII веке, самые ранние ее экземпляры происходят из зоологических сборов Кунсткамеры и по сей день экспонируются в залах Зоологического музея. Конец XIX – начало XX столетия ознаменовалось активным изучением Центральной Азии. Наиболее крупными и ценными зоологическими сборами этого периода являются коллекции Н.М. Пржевальского и П.К. Козлова. Событием мирового значения стала находка целого трупа мамонта на р. Березовка в Якутии и экспедиция по его извлечению из вечной мерзлоты и доставке в Санкт-Петербург в 1901 г. Добыча коллекционного материала не прекращалась и на протяжении XX века. Так, к примеру, сотрудниками лаборатории териологии был собран массовый коллекционный материал в ходе экспедиции в Южную Туркмению в 1990 г.

В настоящий момент научная териологическая коллекция ЗИН РАН не уступает лучшим коллекциям зарубежных музеев, а в отношении фауны Палеарктики значительно превосходит их. На ее основе проводятся многочисленные фундаментальные научные исследования. Так, с 2001 года сотрудниками лаборатории изучается процесс одомашнивания и первичного породообразования собаки (*Canis familiaris*). Наши исследования подтверждают гипотезу о том, что древние собаки присутствовали на стоянках ранней поры верхнего палеолита. Всемирное признание получили работы по изучению мускулатуры и локомоции млекопитающих.

Значение ископаемой и рецентной териологической коллекции ЗИН РАН приобретает особую значимость при задействовании молекулярно-генетических методов. Например, изучение палеогенома среднеплейстоценового пещерного медведя (*Ursus praekudarensis*) из пещеры Кударо 1 (Закавказье, Южная Осетия) позволило по-новому взглянуть на эволюцию данного вида. В 2017 г. был проведен комплексный анализ мармозетковых крыс рода *Hapalomys*. На основании особенностей краниологической морфологии, молекулярных и кариологических данных описан новый эндемичный вид *H. suntuovi* из южного Вьетнама. Недавно было проведено исследование, посвященное происхождению вымершего ужасного волка (*Canis dirus*). Анализ показал, что африканские шакалы и крупные псовые разошлись около 5,1 миллиона лет назад, а ветвь ужасных волков отделилась от остальных псовых еще раньше – около 5,7 миллиона лет назад. В том числе, с использованием териологической коллекции ЗИН РАН в 2021 г. было проведено уникальное палеогенетическое исследование, впервые точно указавшее на место и время одомашнивания лошади (*Equus caballus*). Это произошло около 2200 лет до н. э. на территории современной России в междуречье Волги и Дона.

За последние годы на базе научной териологической коллекции ЗИН РАН было опубликовано несколько сотен работ, что указывает на исключительно важное ее значение для проведения фундаментальных исследований.

Использование коллекции дрозофил для проведения генетических экспериментов по влиянию микроРНК на экспрессию протоонкогенов

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

¹Московский педагогический государственный университет, Москва. E-mail: sivorplyas-ekater@mail.ru

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

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

Нами была проанализирована экспрессионная активность гена *Ras85D* на модельных объектах – *Drosophila melanogaster* и *D. virilis*, для которых были известны данные полногеномного анализа, не дающие, однако, представления об особенностях регуляции. Показано увеличение экспрессионной активности гена *Ras85D* в личинках стадии L3 и извлеченных из них имагинальных глазных дисках по сравнению со взрослыми особями.

В нашей работе показано влияние кластера микроРНК на регуляцию экспрессии одного из самых известных протоонкогенов *Ras85D*. Предварительно проведенный биоинформационный анализ выявил сайты связывания с микроРНК. Получены генетические конструкции с GFP в качестве гена-мишени, несущего найденные сайты связывания микроРНК в области 3'-UTR, и получены трансгенные дрозофилы. Показано влияние микроРНК на регуляцию экспрессии с помощью таких методов, как Real time PCR, цифровой ПЦР, RT-PCR, Western blot. Для подтверждения связывания микроРНК мы использовали репортерный ген флюоресцирующего белка GFP под промотором Gal4, в области 3'-UTR которого находится выявленный биоинформационным путём сайт связывания. На конфокальном микроскопе была показана различная степень свечения у контрольной линии по сравнению с экспериментальными, несущими сайты связывания с микроРНК. Белковый анализ проводился методом вестерн-блот с использованием антител для флюоресцирующего белка GFP. Показано, что экспрессионная активность гена *Ras85D* различается в зависимости от стадии развития и регулируется с помощью микроРНК.

Данная работа поддержана грантом РФФИ № 16-34-00840 мол_a.

Уникальные коллекции эндемичных фаун рыб Древних озер мира в Зоологическом институте РАН

В.Г. Сиделева

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.
E-mail: vsideleva@gmail.com

Эндемичные фауны рыб встречаются в Великих Африканских озерах и в озере Байкал. Эндемичные ихтиофауны по числу видов и биомассе занимают доминирующее положение в озерных экосистемах. Считается установленным, что озерное видообразование симпатрическое, при этом, в озерах различные группы рыб (цихлидовые, карповые, коттоидные) эволюционируют в разных направлениях, им свойственен, так называемый, «эволюционный плюрализм». Эндемичным рыбам присуща значительная морфологическая диверсификация. Морфологические признаки столь значительно видоизменяются, что их состояния выходят за морфологические рамки семейства или даже подотряда. Уникальные морфологические модификации послужили основой для выделения эндемичных таксонов видового и надвидового ранга. В Танганьике – это эндемичные виды и роды, а в Байкале – это виды, роды, подсемейства и два эндемичных семейства (*Abyssocottidae* и *Comephoridae*). Молекулярно-генетические исследования мтДНК рыб из эндемичных видовых групп разных озер показали, что эти группы монофилетические, характеризующиеся быстрыми скоростями видообразования. Эндемичные таксоны генетически близки между собой и имеют очень малые генетические различия. Наибольшие генетические дистанции выявлены между байкальскими эндемичными семействами, они варьировали в пределах 2.7–3.5% (Kontula et al., 2003). Между видами одного рода *Comephorus* генетические различия были в пределах 0.138–0.244% (Тетерина, 2008). Геологический возраст дивергенции видов в озерах Байкал и Танганьика, определённый по молекулярно-генетическим данным, составил от двух до четырех миллионов лет (Meyer et al., 1990). Таким образом, уникальность эндемичных фаун древних озер заключается в высоких скоростях видообразования, наличии видовых групп, характеризующихся экстраординарными морфологическими признаками, выходящими за рамки семейства или подотряда, наряду с очень малыми генетическими различиями.

В ихтиологической коллекции ЗИН РАН хранится 2460 экземпляров всех 33 эндемичных видов, в том числе: *Cottocomephoridae* – 956 экз., *Comephoridae* – 129 экз. и *Abyssocottidae* – 1375 экз. Большинство этих видов являются глубоководными, обитающими на глубинах от 500 до 1640 м. и представляющими собой единственную в мире глубоководную пресноводную фауну рыб. Наиболее древним образцом рыб Байкала в коллекции ЗИН РАН является большая голомянка, собранная губернатором г. Иркутска Н.Н. Муравьевым в 1848 г. Также в коллекции ЗИН РАН при разборе старых поступлений обнаружены рыбы из озер Танганьика и Виктория. В Танганьике рыбы пойманы в октябре–ноябре 1912 г. в районе г. Узумбура (Бужумбура). Обнаружено 237 экз. из шести семейств: *Bagridae* – 13; *Cichlidae* – 205; *Clupeidae* – 4; *Cyprinidae* – 13; *Mochokidae* – 1; *Percidae* – 1. В оз. Виктория, в районе г. Букоба, в апреле–июле 1912 г. пойманы 53 экз. рыб из четырёх семейств: *Cichlidae* – 20, *Clariidae* – 2, *Cyprinidae* – 11, *Nothobranchiidae* – 20. Коллектором был Владимир Васильевич Троицкий – первый русский биолог, посетивший эти африканские озера. В настоящее время 97% рыб находятся в прекрасном состоянии и пригодны для изучения. Коллекции рыб из Африканских озер являются старейшими в России. Уникальные коллекции эндемичных рыб из древних озер, признанных ЮНЕСКО памятниками природы, являются важной основой научных исследований, связанных с вопросами видообразования при разных скоростях морфологической и генетической эволюции.

Митохондриальная филогенетика ископаемых представителей рода *Lepus* на территории Северо-Восточной Азии

Н.В. Слободова¹, Л.В. Григорьева², Е.С. Булыгина¹, Ф.С. Шарко¹, М.Ю. Чепрасов², М.В. Гладышева-Азгари¹, С.В. Цыганкова¹, С.М. Расторгуев¹, Г.П. Новгородов², Г.Г. Боескоров³, А.Н. Тихонов^{2,4}, А.В. Недолужко⁵

¹Национальный исследовательский центр «Курчатовский институт», Москва.

²Северо-Восточный федеральный университет им. М.К. Аммосова, Якутск.

³Институт геологии алмаза и благородных металлов СО РАН, Якутск.

⁴Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

⁵Европейский Университет в Санкт-Петербурге.

E-mail: nedoluzhko@gmail.com

В работе представлены полные митохондриальные геномы (митогеномы) пяти ископаемых представителей рода *Lepus* (предположительно донской заяц – *Lepus tanaiticus*), чьи останки были обнаружены на территории Якутии. Возраст находок варьирует от 28.360±170 до 50120±1210 лет.

В специально оборудованном комплексе чистых помещений Национального исследовательского центра «Курчатовский институт» было проведено выделение древней ДНК из мышечной и костной ткани животных и созданы библиотеки ДНК-фрагментов. Используя платформы Illumina Novaseq6000 и BGI DNBSEQ-G400, были сгенерированы геномные прочтения, которые после фильтрации по качеству были использованы для *de novo* сборки митохондриальных геномов программой SPAdes (версия 3.10).

Используя полные сборки митохондриальных геномов ископаемых зайцев из данного исследования, а также митогеномы современных представителей рода *Lepus*, подтверждено филогенетическое родство донского зайца и зайца-беляка (*L. timidus*). На основании анализа полных последовательностей митохондриального генома предполагается, что эти материалы относятся к разным морфотипам одного вида.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (проект № 20-29-01021).

Особенности работы со спиртовыми коллекциями Соперода (Crustacea)

Н.М. Сухих, В.Р. Алексеев

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.
E-mail: Natalia.Sukhikh@zin.ru

Коллекции Соперода ЗИН РАН насчитывают более 1000 единиц хранения, а возраст отдельных проб составляет более 120 лет. Традиционно пробы зоопланктона фиксируются 2–4% раствором формалина. В последние годы нами активно формируется спиртовая коллекция зоопланктона, хранящаяся при температуре -20С°. Эта коллекция активно используется нами как для морфологических изысканий, так и для проведения молекулярно-генетических исследований нескольких семейств Соперода.

Рассматриваются основные проблемы, возникающие при подготовке и проведении молекулярно-генетического анализа спиртовых коллекций Соперода. В качестве примера таких исследований использованы работы, проведенные на нескольких видах пресноводных и солоноватоводных Соперода, в том числе *Eucyclops serrulatus* (Fischer, 1851), *Acanthocyclops americanus* (Marsh 1892) и группы видов *Eurytemora affinis*, типовые серии которых хранятся в коллекции ЗИН РАН.

Работа выполнена в ЦКП Таксон с использованием коллекций ЗИН РАН в соответствии с государственным заданием № 122031100274-7 «Систематизация и изучение динамики биологического разнообразия и функционирования экосистем континентальных водоемов в условиях антропогенного воздействия и изменения климата», а также поддержана грантом РФФИ № 20-04-00035.

Использование коллекций ЗИН РАН и Зоологического музея МГУ при анализе филогеографической структуры ряда видов подсемейства *Cricetinae*

Н.Ю. Феоктистова, И.Г. Мещерский, С.И. Мещерский, А.В. Гуреева, А.В. Суров

Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва.
E-mail: Feoktistovanyu@gmail.com

Исследования с использованием коллекций Зоологического музея МГУ и Зоологического института РАН проводились как в рамках изучения проблемы филогеографической структуры видов на всем ареале (для хомячка Роборовского и обыкновенного хомяка), так и в рамках изучения генетической структуры обыкновенного хомяка в условиях города. Удалось показать, что филогеографическая структура самого мелкого представителя подсемейства *Cricetinae* – хомячка Роборовского выражена только на периферии ареала, где выделяется пять мтДНК линий с обособленными ареалами – две в северо-восточной части Центрального Тибетского плато, по одной в Зайсанской и Убсу-Нурской котловинах и в Маньчжурии. Время обособления этих групп соответствует 140 тысяч лет для маньчжурской и примерно 40–60 тысяч лет для остальных филогрупп. Анализ исторической ДНК (голотип и лектотип этого вида из коллекции ЗИН РАН) в совокупности с анализом образцов современной ДНК позволил пролить свет на особенности заселения этим видом Цайдамской котловины, где экспедицией В.И. Роборовского в 1894 и в 1895 гг. и были пойманы первые представители пустынного хомячка. Результаты анализа продемонстрировали, что Тибет для этого вида является не местом происхождения (как было показано в частности, для *C. longicaudatus* и видов рода *Urocrinetus*), а территорией, куда хомячок Роборовского расселялся в благоприятные периоды плейстоцена и голоцена. Анализ доступных данных по филогеографии мелких млекопитающих показал, что Тибет в большинстве случаев следует рассматривать как поглотитель, а не источник биологического разнообразия, по крайней мере, мелких млекопитающих.

Анализ исторической ДНК (1909 г., сборы С.И. Огнева, коллекция Зоологического музея МГУ) самого крупного представителя п/сем. *Cricetinae* – обыкновенного хомяка (*Cricetus cricetus*) позволил установить, какие материнские линии этого вида жили в г. Симферополе более 100 лет назад. Совокупный анализ исторических и современных образцов мтДНК продемонстрировал, что 110 лет назад на территории этого города присутствовали иные гаплотипы по сравнению с современными. Более того, на всей исследованной нами территории Крымского полуострова исторические гаплотипы сейчас не встречаются. Однако, они, наряду с присутствующими здесь в настоящее время, входят в состав обособленной крымской клады, обособившейся незадолго перед началом LGM. Эта клада входит в наиболее крупную филогруппу E, ареал которой простирается от Польши на Западе до Нур-Султана на Востоке.

Таким образом, можно с уверенностью сказать, что использование коллекций зоологических музеев позволяет решать важные вопросы, не только связанные с систематикой и филогеографической структурой видов, но и с проблемами эволюции городских экосистем и временем заселения городов разными видами животных.

Работа выполнена при частичной поддержке гранта РФФИ № 20-04-00102а.

Уникальная коллекция гидробионтов Мирового океана ФИЦ ИнБЮМ

С.А. Царин, Р.В. Горбунов, Е.Н. Скуратовская

Федеральный исследовательский центр «Институт биологии южных морей им. А.О. Ковалевского РАН», Севастополь.
E-mail: tsarin@mail.ru

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Федеральный исследовательский центр «Институт биологии южных морей имени А.О. Ковалевского РАН» (ФИЦ ИнБЮМ), основанное в 1871 г. как Севастопольская биологическая станция, является старейшим гидробиологическим учреждением Европы. Со дня основания Института в нем собиралась коллекция гидробионтов со всех регионов Мирового океана. Самые старые сохранившиеся образцы относятся к 1916 г. Основная же масса коллекционных материалов собрана в так называемый «золотой век советской океанографии» с 1960 по 1990 гг., когда ни одно государство не совершало такого количества океанических научно-исследовательских экспедиций как СССР. В той или иной степени пополнение коллекции гидробионтов происходит постоянно. Общее количество единиц хранения превышает один миллион. В коллекции хранится более 100 голотипов, есть материалы и по новым, еще не описанным видам. Коллекция Института в настоящее время объединяет восемь коллекций животных и семь коллекций растений. Эти коллекции отличаются по объему материала, временному периоду сбора, географическому охвату Мирового океана, но каждая по-своему уникальна.

В современных исследованиях очень важно иметь информацию о генотипах видов животных и растений, которую можно получить, используя материалы, хранящиеся в коллекции. Это позволяет в ряде случаев проверять правильность идентификации видов, а иногда, например, в случае видов-двойников, генетические методы могут быть просто незаменимыми. Уже сейчас, при изучении видового состава кефалиевых рыб прибрежной зоны Вьетнама, для которых нет разработанных определителей по морфологическим и анатомическим признакам, без генетического секвенирования обойтись невозможно. В коллекции паразитов водных птиц, рыб и беспозвоночных также широко используются методы секвенирования для генетической паспортизации видов. Уточнение валидности видовых названий требуется даже для некоторых рыб относительно хорошо изученного Черного моря. На коллекционных образцах апробирована возможность получения геномной информации из животных материалов спиртовой и формалинной фиксации. Для проведения генетического секвенирования в ФИЦ ИнБЮМ оборудована специальная лаборатория при ЦКП «Спектрометрия и хроматография», оснащенная современным молекулярно-генетическим оборудованием.

В перспективе планируется изучение геномов самых различных групп организмов из коллекций ФИЦ ИнБЮМ. Например, в ихтиологических коллекциях специально для генетических исследований отбираются участки замороженной ткани видов рыб. Генетическим методам, несомненно, принадлежит будущее в идентификации биологических объектов.

Работа выполнена в рамках госзаданий ФИЦ ИнБЮМ № 121030100028-0 и № 121040600178-6.

Коллекция хальцид (Hymenoptera: Chalcidoidea) Зоологического института РАН в Санкт-Петербурге как один из крупнейших депозитариев Европы

Е.В. Целих¹, О.В. Кошелева²

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург.

E-mail: tselikhk@gmail.com

²Всероссийский институт защиты растений, Санкт-Петербург-Пушкин.

Обширная коллекция Зоологического института РАН по перепончатокрылым насекомым (Hymenoptera) насчитывает более 4.5 млн. экземпляров и является одной из крупнейших коллекций в мире. Значительную часть коллекции занимают хальцидоидные наездники (Chalcidoidea). Основная коллекция Chalcidoidea включает более 90 тыс. наколотых, этикетированных и идентифицированных экземпляров, относящихся к 3108 видам из 503 родов из 19 семейств. Кроме этого, в фондах хранится более 100 тысяч наколотых, этикетированных, но неидентифицированных экземпляров, а также около 500 тысяч экземпляров на ватных слоях и более 250 тысяч экземпляров в спиртовой коллекции.

Наиболее полно в коллекции представлена фауна хальцид Палеарктики, прежде всего территорий бывшего Советского Союза, а также стран Европы, Турции, Монголии, Кореи, Китая и Японии. Кроме того, в коллекции представлены обширные материалы из Вьетнама, Эфиопии, Центральной и Северной Америки и Австралии.

Основа коллекции Chalcidoidea была заложена в XX веке благодаря деятельности научной хальцидологической школы Марины Николаевны Никольской (1896–1969) и ее последователей, таких выдающихся ученых, как Владимир Александрович Тряпицын (род. 1928), Евгений Семенович Сугоняев (1931–2014), Марина Дмитриевна Зерова (1934–2021), Кларисса Алексеевна Джанокмен (род. 1938) и др.

На современном этапе коллекция хальцид постоянно пополняется усилиями действующих сотрудников отделения перепончатокрылых лаборатории систематики насекомых ЗИН РАН, а также благодаря обмену материалом с другими научными учреждениями.

Благодаря масштабной работе по каталогизации материалов основной коллекции ЗИН РАН, впервые был подготовлен и опубликован аннотированный каталог перепончатокрылых насекомых фауны России, включая Chalcidoidea. Всего в коллекции ЗИН РАН хальциды фауны России представлены 19 семействами: Agaonidae (один род/один вид), Aphelinidae (12/88), Azotidae (1/2), Chalcididae (13/36), Encyrtidae (118/490), Eriaporidae (1/1), Eucharitidae (2/11), Eulophidae (66/785), Eupelmidae (9/38), Eurytomidae (9/129), Leucospidae (1/7), Mymaridae (23/115), Ormyridae (1/13), Perilampidae (4/25), Pteromalidae (142/445), Signiphoridae (2/4), Tetracampidae (5/6), Torymidae (15/101), Trichogrammatidae (10/44).

Коллекция Chalcidoidea ЗИН РАН была задействована в международном проекте «Phylogenomics of the chalcid wasps: UCEs», направленном на филогенетические исследования Chalcidoidea мировой фауны.

Исследование частично выполнено в рамках государственной темы № 1021051302540-6.

АВТОРСКИЙ УКАЗАТЕЛЬ

- Абрамсон Н.И. 32
Алексеев В.Р. 39
Ананьева Н.Б. 9, 29
Аскендеров А.Д. 27
Белкина Е.Г. 36
Бодров С.Ю. 10, 32
Боесков Г.Г. 12, 38
Бондарева О.В. 32
Булатова Н.Ш. 11
Булыгина Е.С. 12, 38
Бурнашева А.П. 14
Быков Р.А. 34
Васильев В.П. 13
Васильева Е.Д. 13
Винокуров Н.Н. 14
Волнистый А.А. 15
Генельт-Яновский Е.А. 32
Гичиханова У.А. 27
Гладышева-Азгари М.В. 12, 38
Голенищев Ф.Н. 16
Гомель К.В. 15
Горбунов Р.В. 41
Гохман В.Е. 17
Григорьева Л.В. 12, 38
Гуреева А.В. 40
Доронин И.В. 18
Доронина М.А. 18
Дубатов В.В. 25
Ефременко А.А. 21
Захаров Е.В. 21
Илинский Ю.Ю. 34
Ильцевич К.Ю. 35
Исмаилова З.С. 27
Карпун Н.Н. 19
Квитко Ю.А. 24
Керчев И.А. 20
Кирейчук А.Г. 22
Кириченко Н.И. 19, 20, 21
Кошелева О.В. 42
Крупницкий А.В. 23
Куликов А.М. 36
Лазебный О.Е. 36
Лебедева Н.А. 24
Легалов А.А. 25
Лёвин Б.А. 26
Лобановская П.Ю. 15
Лотиев К.Ю. 18
Луконина С.А. 18
Мазанаева Л.Ф. 18, 27
Мандельштам М.Ю. 28
Мелехин М.С. 24
Мельников Д.А. 29
Мещерский И.Г. 40
Мещерский С.И. 40
Мильто К.Д. 9
Михайлов К.Г. 30
Молчан В.О. 15
Муслин Д.Л. 19, 20, 21
Недолужко А.В. 12, 38
Нейморовец В.В. 31
Никифоров М.Е. 15
Новгородов Г.П. 12, 38
Ноговицына С.Н. 14
Орлов Н.Л. 9
Павлова С.В. 11
Пенькова Е.В. 24
Петров А.В. 28
Петрова Т.В. 32
Поверенный Н.М. 33
Потехин А.А. 24
Протопопов А.В. 12
Расторгуев С.М. 12, 38
Рябинин А.С. 34
Рязанова М.А. 21
Саблин М.В. 35
Семёнова А.А. 15
Сиволяс Е.А. 36
Сиделева В.Г. 37
Скуратовская Е.Н. 41
Сливинска К. 15
Слободова Н.В. 12, 38
Смирнов И.С. 22
Сорокина С.Ю. 36
Суров А.В. 40
Сухих Н.М. 41
Тихонов А.Н. 12, 38
Феоктистова Н.Ю. 40
Хейдорова Е.Э. 15
Царин С.А. 41
Целих Е.В. 42
Цыганкова С.В. 12, 38
Чекрыгин С.А. 24
Чепрасов М.Ю. 12, 38
Чиграй И.А. 22
Шаповал Г.Н. 23
Шаповал Н.А. 23
Шарко Ф.С. 12, 38
Шпак А.В. 15
Яковлев Р.В. 20
Fernandes J.M.O. 12
Kopp M.E. 12

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

ПРОГРАММА, ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ И ПОСТЕРНЫХ СООБЩЕНИЙ

Редактор – В.М. Гнездилов
Составитель – И.В. Доронин

Формат 60×84/16. Бумага офсетная. Печать цифровая.
Усл. печ. л.2,6. Тираж 100 экз.
Заказ № 5715.

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