



САНКТ-ПЕТЕРБУРГ, 30 ЯНВАРЯ — 4 ФЕВРАЛЯ 2023 Г.

витиём птенцов; погадки и остатки приносимой птенцам пищи падают вниз и скапливаются на земле под гнездовой нишей. В конце июня выводки в основном откоёвывают в долину р. Ангары и держатся там до поздней осени, периодически возвращаясь к местам гнездования. Таким образом, за период в 45 лет обыкновенная пустельга освоила первоначально крупнейший город Приангарья — 360-летний Иркутск и перешла к оседлому образу жизни в нём. На следующем этапе был освоен 70-летний Ангарск, также расположенный в широкой речной долине Ангары. 70-летний Шелехов, расположенный в таёжном ландшафте Олхинского плато, пустельга заселила только на рубеже XX и XXI вв. Став вполне городской птицей, пустельга прежде всего перешла к оседлому образу жизни, чему в последние 10-летия способствует и значительное смягчение зимних условий в регионе. Для гнездования и ночёвок во внегнездовое время пустельга осваивает разнообразные жилые и технические строения, используя микроклиматические особенности крупных промышленных объектов. Рацион городской популяции пустельги в бесснежный период в целом соответствует трофике природных популяций и состоит из мышевидных грызунов, мелких птиц и (во второй половине лета) из крупных насекомых, прежде всего прямокрылых. В зимнем питании пустельги в условиях «Большого Иркутска» абсолютно доминирует домовый воробей (*Passer domesticus*). В последние два десятилетия у обыкновенной пустельги появились конкуренты — мохноногий курганник (*Buteo hemilasius*) и дербник (*Falco columbarius*), в зимний период активно осваивающие населённые пункты Предбайкалья.

«ЭВОЛЮЦИЯ» МИТОХОНДРИАЛЬНОГО ГЕНОМА ПЕНОЧКИ-ТАЛОВКИ ПРОИСХОДИТ В ЯДЕРНОМ ГЕНОМЕ

Л.Н. Спиридонова¹, Я.А. Редькин^{2,3}, О.П. Вальчук¹

¹ Федеральный научный центр Биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии
ДВО РАН, Владивосток, Россия

² Зоологический музей МГУ имени М. В. Ломоносова, Москва, Россия

³ Институт биологических проблем криолитозоны СО РАН, Якутск, Россия
spiridonova@biosoil.ru

Митохондриальные маркёры широко используются для изучения биоразнообразия и построения молекулярных филогений. Однако согласованность классической и молекулярной систематики часто нарушается. Анализ хранящихся в Генбанке последовательностей митохондриальных (мт) генов из работ по филогенетике разных таксонов убедительно продемонстрировал причину несоответствий молекулярных данных и классических морфологических признаков — использование в анализе ядерных копий мт-генов (NUMT) (Гребельный и др., 2018). В настоящее время NUMT обнаружены во всех исследованных в этом отношении растениях и животных.

Объекты нашего исследования — представители комплекса пеночек-таловок, рассматриваемые в настоящее время чаще всего в качестве 3 видов: *Phylloscopus borealis* sensu stricto, *Ph. examinandus* и *Ph. xanthodryas* (del Hoyo, Collar, 2016). Секвенирование полного митогенома двух особей с о. Сахалин методом пиросеквенирования на Roche GS Junior выявило у одной из них два значительно дифференцированных гаплотипа: собственно мт-гаплотип *examinandus* и NUMT, сходную с мт-гаплотипом *borealis* (Спиридонова, Вальчук, 2022). Специфичные праймеры были специально созданы для одновременного синтеза фрагмента, включающего части генов ND5 и *cyt b*, как из митохондриального, так и из ядерного генома. С их помощью исследованы 102 образца из 19 локалитетов России и Японии: 99 *Ph. borealis* и *Ph. examinandus* из коллекции Зоомузея МГУ и 3 *Ph. xanthodryas* из музея Дальневосточного федерального университета. Секвенирование амплифицированных фрагментов общей протяжённостью более 1,5 т.п.н. у 48 особей показало наличие двух гаплотипов: таксон-специфичного митохондриального и значительно дифференцированной ядерной копии. Из общего числа сиквенсов были выделены последовательности, содержащие сходные двойные пики в таксон-специфичных сайтах. Для 4 образцов проведено клонирование и получено более 100 клонов. В сравнительном анализе мы использовали также последовательности генов ND5 и *cyt b* из Генбанка NCBI: *Ph. xanthodryas* (о. Сикоку-AB362465; AB362466), *Ph. examinandus* (Сахалин-AB362464) и *Ph. borealis* (Магадан-AB362462, Аляска-AB362461). Для определения филогрупп гаплотипов использован метод максимального правдоподобия (модель замен GTR+G, $bic = 17257,28$). В результате анализа на реконструкции вы-

делены четыре кластера, три из которых были глубоко дифференцированы и соответствовали видам *Ph. xanthodryas*, *Ph. borealis* и *Ph. examinandus*. Четвёртый кластер оказался гетерогенным и имел промежуточное расположение между *borealis* и *examinandus*. Он включал ядерные копии мт-гаплотипов от особей всех вышеперечисленных видов. Необходимо особо подчеркнуть, что в кластер *Ph. xanthodryas* попала одна из копий (NUMT), принадлежащая птице из западной части ареала (Республика Коми, ЗММГУ-R-34870). Таким образом, впервые в ядерном геноме западной *Ph. borealis* обнаружена копия мт-гаплотипа японской таловки *Ph. xanthodryas*, имеющая высокое сходство с её мт-геномом, что подтверждает ядерное происхождение мт-гаплотипа последней. Присутствие в ядерном геноме анализируемых видов значительно дифференцированных, но в то же время выделенных в отдельную группу митохондриальных копий указывает на существование «котла», в котором происходила «эволюция» митохондриального генома комплекса пеночек-таловок. Необходимо отметить, что все таксон-специфичные и большинство уникальных замен митогенома исследованных образцов имелись в его ядерных копиях. Полученные данные указывают на то, что источником митохондриальных замен в данном случае являются мутации в ядерных копиях мт-генов. Поскольку все модели филогенетических реконструкций для мт-гаплотипов основаны на постепенном накоплении мутаций в самом митогеноме, то рекомбинационные события, случающиеся между ядерным и митохондриальным геномами, с резкой сменой «старого» гаплотипа на сильно дифференцированный «новый» разрушают все модели. С большой долей вероятности можно утверждать, что время дивергенции мт-гаплотипов анализируемых видов значительно меньше, чем предполагалось ранее (Saitoh et al., 2010; Alstrom et al., 2011). «Молекулярные часы», не учитывающие рекомбинационные события между разными геномами, в данном случае не могут быть использованы. Сравнение митохондриальных генов и их ядерных копий может прояснить происхождение таксон-специфичных митохондриальных гаплотипов, как показано нами ранее (Спиридонова и др., 2017, 2019).

МОЛЕКУЛЯРНО-ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЕ И ФИЛОГЕОГРАФИЧЕСКИЕ ИССЛЕДОВАНИЯ ПТИЦ РОССИИ: РЕЗУЛЬТАТЫ И ПЕРСПЕКТИВЫ

И.Ю. Стариков

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург, Россия
Гейдельбергский университет, Гейдельберг, Германия
ivan.starikov@zin.ru

Изучение филогении и филогеографии птиц с помощью митохондриальных и ядерных генетических маркёров на основе образцов, происходящих из России, началось более четверти века назад. За это время около половины видов оказалось отсекавлено как минимум единожды по одному из маркёров. Вместе с тем, охват данных по разным систематическим группам остаётся крайне неравномерным и в целом недостаточным. В настоящем докладе сделана попытка собрать и проанализировать полученные данные на основе опубликованных работ, поиск проводили по последовательностям, депонированным в базы данных GenBank и BOLD. Имеются исследования, содержащие обширный объём генетической информации по ряду таксонов (соколиные, чёрный коршун, могильник, журавлиные, монгольский зуёк, часть врановых, обыкновенная горихвостка, белая трясогузка, варакушка, отдельные виды синиц и мухоловок). При этом полные митогеномы собраны всего для трёх видов (зяблик, урагус и жемчужный вьюрок), а генетика многих видов и большинства подвидов, включая эндемичные, остаётся совершенно неисследованной. Выявлены и предложены таксономические группы, перспективные в плане дальнейшего изучения филогении. Отдельный анализ выполнен для филогеографических исследований, показаны направленные паттерны распределения в ареалах у ряда видов и их отсутствие для других. Многие таксоны могут представлять интерес для популяционно-генетических исследований. Полученные данные также имеют практическое значение — сохранение генофонда редких и угрожаемых видов в природоохранных целях.