



Институт проблем экологии и эволюции им. А. Н. Северцова РАН  
Институт общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН  
Институт биологии развития им. Н. К. Кольцова РАН  
Кафедра биологической эволюции МГУ им. М. В. Ломоносова  
Кафедра высшей нервной деятельности МГУ им. М. В. Ломоносова  
Государственный Дарвиновский музей



**МАТЕРИАЛЫ  
IV МЕЖДУНАРОДНОЙ КОНФЕРЕНЦИИ**

**СОВРЕМЕННЫЕ  
ПРОБЛЕМЫ  
БИОЛОГИЧЕСКОЙ  
ЭВОЛЮЦИИ**

к 875-летию Москвы  
и 115-летию со дня основания  
Государственного Дарвиновского музея

**17-20 октября 2022 года**



ББК 28.02  
С 568  
УДК 575.85

**С 568 Современные проблемы биологической эволюции: материалы IV Международной конференции к 875-летию Москвы и 115-летию со дня основания Государственного Дарвиновского музея.**  
17–20 октября 2022, г. Москва. — М. : ГДМ, 2022. — 462 с.

ББК 28.02

Составители: *Рубцов А. С., Александрова А. А., Сударикова Е. В.*  
Редакторы: *Подольная А. В., Трегуб Н. И.*  
Компьютерная верстка: *Цветков В. Э.*

ISBN 978-5-6046176-7-0



© Государственный Дарвиновский музей, 2022

<b>К вопросу об истории формирования генетического разнообразия налима (<i>Lota lota</i> L.) в Евразии и на Аляске .....</b>	<b>71</b>
<i>Копориков А. Р., Ялковская Л. Э., Крохалева М. А., Богданов В. Д., Бородин А. В.</i>	
<b>Популяционно-генетическая структура мигрирующих и немигрирующих видов журавлей .....</b>	<b>74</b>
<i>Мудрик Е. А., Политов Д. В.</i>	
<b>Генетическое разнообразие популяций сомика американского <i>Ameiurus nebulosus</i> (Le Sueur, 1819) — инвазивного вида в Беларуси .....</b>	<b>76</b>
<i>Охременко Ю. И., Гайдученко Ю. И.</i>	
<b>Генетический полиморфизм современных форм европейского зубра (<i>Bison bonasus</i> Linnaeus) .....</b>	<b>79</b>
<i>Перерва В. И.</i>	
<b>Внутривидовая структура волка Палеарктики в свете данных молекулярно-генетических маркеров .....</b>	<b>82</b>
<i>Политов Д. В., Нечаева А. В., Казимиров П. А., Талала М. С., Белоконь Ю. С., Белоконь М. М., Захаров Е. С., Леонтьев С. В., Давыдов А. В., Бондарев А. Я.</i>	
<b>Эволюционные стратегии кустарников рода <i>Spiraea</i> (Rosaceae) .....</b>	<b>85</b>
<i>Полякова Т. А., Шатохина А. В.</i>	
<b>Внутривидовая и межвидовая вариабельность длины теломер бриофитов .....</b>	<b>88</b>
<i>Санникова А. В., Шарипова М. Р., Шакиров Е. В., Валеева Л. Р.</i>	
<b>Клональная изменчивость трансмиссивной неоплазии мидий <i>Mytilus</i> по данным NGS секвенирования ампликонов .....</b>	<b>91</b>
<i>Сказина М. А., Майорова М. А., Данилин Д. Д., Регель К. В., Одинцова Н. А., Стрелков П. П.</i>	
<b>Популяционно-генетическая структура дальневосточного трепанга <i>Apostichopus japonicus</i> (Selenka, 1867) залива Петра Великого (Японское море) по данным микросателлитных локусов .....</b>	<b>94</b>
<i>Ягодина В. Д., Брыков В. А.</i>	
<b>Вклад симбиотической микробиоты в изменение продолжительности жизни мух <i>Drosophila melanogaster</i>, отбираемых на позднее размножение .....</b>	<b>95</b>
<i>Яковлева Е. Ю., Мерзликин Д. С., Завьялов А. Е., Маслов А. А.</i>	

## К вопросу об истории формирования генетического разнообразия налива (*Lota lota* L.) в Евразии и на Аляске

Копориков А. Р., Ялковская Л. Э., Крохалева М. А.,  
Богданов В. Д., Бородин А. В.

*Институт экологии растений и животных  
Уральского отделения РАН, Екатеринбург*

Несмотря на многочисленные исследования налива (*Lota lota* L.), до сих пор остаются вопросы, связанные с его внутривидовой дифференциацией (Копориков, 2021). Согласно распространённому мнению (Pivnicka, 1970), на территории Евразии и Аляски обитает подвид *L.l.lota*, а в Северной Америке — подвид *L.l. maculosa*. Недавние генетические исследования (Fang et al., 2013; Han et al., 2021) показали, что налим р. Амур может претендовать на подвидовой статус.

Впервые генетическое разнообразие и филогеография налива в пределах всего видового ареала были проанализированы Ван Худтом (Van Houdt et al., 2003). В ходе дальнейших исследований была предложена и обоснована гипотеза формирования генетической структуры вида и его филогеографии (Van Houdt et al., 2005 и др.). Предок современного налива, датируемый ранним плиоценом, был обнаружен в солоноватоводном Венском бассейне (*L. hulai* Pietschmann, 1934), что свидетельствует о Евразийском происхождении вида. В дальнейшем, по-видимому, уже пресноводная форма расселилась циркумполярно. Североамериканские популяции пережили периоды оледенения в нескольких рефугиумах, а евразийские вымерли или сократились до небольшой популяции. В среднем плейстоцене вид реколонизировал Палеарктику в пределах современного ареала из Северной Америки или из предполагаемого Евразийского рефугиума.

Генетическая дифференциация *L.l.lota* (данные мтДНК) выявлена только для периферийных популяций. Так, в Европе выделяют две гаплогруппы: Западно-Европейская (WEu) — бассейн Атлантики от Франции до Дании; Северо-Европейская (NEu) — Скандинавия, возникновение которых связывают с соответствующими ледниковыми рефугиумами. На Аляске в бассейне реки Купер (оз. Толсона) определена Ala-группа на основании одного уникального гаплотипа. На большей части ареала — от Центральной Европы до Аляски — представлены широко распространённые гаплотипы, которые являются базальными в генетической структуре подвида в целом.

Это предположительно связано с расселением благодаря транссибирским подпорным водоёмам, которые можно рассматривать в качестве своеобразных рефугиумов. Тем не менее, остаётся целый ряд вопросов, связанных с историей формирования современной филогеографической структуры налима, поскольку азиатская часть ареала в работах представлена крайне ограниченными данными.

Нами проведены исследования на территории Западной Сибири и Казахстана (Обь-Иртышский бассейн), в восточно-европейской части России (Волжско-Камский бассейн) (Хрунык и др., 2015, Хрунык и др., 2017, Копориков и др., 2017, Ялковская и др., 2020 и др.), выполнены филогенетический и филогеографический анализы с включением всех доступных данных, включая материалы из Китая (GenBank).

В результате получены полные последовательности контрольного региона мтДНК (804 п.н.) для 137 особей из Обь-Иртышского бассейна и 23 особей из Волжско-Камского бассейна. Генетический анализ налима с включением новых данных показал, что в Обь-Иртышском бассейне наблюдается высокое генетическое разнообразие и встречаются как широко распространённые базальные гаплотипы, так и обнаруженные ранее только в определённых регионах Евразии и Аляски (Хрунык и др., 2017, Копориков и др., 2017). Согласно палеонтологическим находкам, самый древний налим, принадлежащий к виду *L. lota* и датированный возрастом 550–600 тыс. лет назад, обнаружен в Западной Сибири (Косинцев и др., 2004). Наиболее ранний налим, зафиксированный на территории Европы, — 30–70 тыс. лет назад (Zastrozhnov et al., 2018), в Нейрктике — 60–100 тыс. лет назад (Cumbaa et al., 1981).

Таким образом, на основании результатов филогенетических реконструкций, значений генетического разнообразия, данных о времени расхождения генетических линий в пределах подвидов: *L.l. maculosa* — примерно 448–607 тыс. лет назад; *L.l. lota* — 240–325 тыс. лет назад (Van Houdt et al., 2005) и палеонтологических данных можно говорить о том, что реколонизация Евразии произошла из акватории, находившейся на месте современного Обь-Иртышского бассейна.

Распространение гаплотипов на восток, в сторону Азии, шло по подпорным водоёмам и бифуркациям рек, далее на Аляску через Берингию и бассейны рек Палеоанадырь и Палеоюкон. На запад от Обь-Иртышского бассейна расселение налима проходило через транзитную систему Волжско-Камского бассейна (Ялковская и др., 2020). Отмечены два направления экспансии: на севере — через подпорные водоёмы в Неву, Балтику и дальше

в Северную Европу; на юге — через Волжско-Камский бассейн и р. Дон в реки Центральной Европы. Наблюдаемую в Европе генетическую структуру мы связываем не с наличием нескольких рефугиумов и действием ледников, а транзитной ролью Волжско-Камского бассейна и попаданием в него разных гаплотипических групп из Обь-Иртышского бассейна на юге и севере через подпорные водоёмы или места бифуркации рек.

Возникновение амурской группы налима, предложенной китайскими коллегами в качестве третьего подвида (Fang et al., 2013; Han et al., 2021), вероятно, связано с изоляцией юго-восточных популяций евразийского налима в р. Амур во время одного из максимумов оледенения. Гаплотипы Амурского бассейна ближе к *L.l.lota* и, согласно нашим филогенетическим реконструкциям, являются наиболее дифференцированной группой этого подвида (Ялковская и др., 2020).

*Работа выполнена в рамках Государственных заданий ФГБУН ИЭРиЖ УрО РАН по темам «Эволюция биоразнообразия континентальной фауны центральной части Северной Евразии в четвертичном периоде: морфологические, генетические и функционально-экологические аспекты» № 122021000094–3 и «Состояние и динамика биоресурсов животного мира Уральского региона, разработка научных основ его мониторинга и охраны» № 122021000084.*

Институт проблем экологии и эволюции им. А. Н. Северцова РАН  
Институт общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН  
Институт биологии развития им. Н. К. Кольцова РАН  
Кафедра биологической эволюции МГУ им. М. В. Ломоносова  
Кафедра высшей нервной деятельности МГУ им. М. В. Ломоносова  
Государственный Дарвиновский музей

**СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ  
БИОЛОГИЧЕСКОЙ ЭВОЛЮЦИИ:**  
**материалы IV Международной конференции  
к 875-летию Москвы и к 115-летию со дня основания  
Государственного Дарвиновского музея  
17–20 октября 2022 года**

Составители:

Рубцов А. С., Александрова А. А., Сударикова Е. В.

Редакторы: Подольная А. В., Трегуб Н. И.

Компьютерная вёрстка: Цветков В. Э.

Государственный Дарвиновский музей  
работает ежедневно с 10:00 до 18:00, кроме понедельника,  
последней пятницы каждого месяца и 1 января

Выставочный комплекс по четвергам  
работает с 13:00 до 21:00

Адрес: 117292, г. Москва, ул. Вавилова, 57

Тел.: (499) 783–22–53 (автоответчик)

(499) 132–10–47 (экскурсионное бюро)

E-mail: [info@darwinmuseum.ru](mailto:info@darwinmuseum.ru)

[www.darwinmuseum.ru](http://www.darwinmuseum.ru)

