

Институт экологии растений и животных УрО РАН

ЭКОЛОГИЯ: ФАКТЫ, ГИПОТЕЗЫ, МОДЕЛИ

Материалы конференции молодых ученых,
посвященной Году экологии в России
27–31 марта 2017 г.



Екатеринбург

2017

УДК 574 (061.3)

Э 40



Экология: факты, гипотезы, модели. Материалы конф. молодых ученых, 27–31 марта 2017 г. / ИЭРиЖ УрО РАН – Екатеринбург: ИД «ЛИСИЦА», 2017. – 160 с.

В сборнике опубликованы материалы Всероссийской конференции молодых ученых, посвященной Году экологии в России «Экология: факты, гипотезы, модели». Мероприятие проходило в Институте экологии растений и животных УрО РАН с 27 по 31 марта 2017 г. Работы посвящены проблемам изучения биологического разнообразия на популяционном, видовом и экосистемном уровнях, этологии, анализу экологических закономерностей эволюции, поиску механизмов адаптации биологических систем к экстремальным условиям, а также популяционным аспектам экотоксикологии, радиобиологии и радиоэкологии.

В оформлении обложки использована фотография победителя фотоконкурса конференции В.В. Кукарских «Кольца судьбы».

ISBN 978-5-9500954-4-3



9 785950 095443

© Авторы, 2017

© ИЭРиЖ УрО РАН, 2017

© Оформление, ИД «ЛИСИЦА», 2017

ПРЕДИСЛОВИЕ К ИЗДАНИЮ

27–31 марта 2017 г. в Институте экологии растений и животных УрО РАН состоялась традиционная Всероссийская конференция молодых ученых, студентов и аспирантов «Экология: факты, гипотезы, модели». В этом году мероприятие было посвящено Году экологии в России. В работе конференции приняли участие молодые ученые и приглашенные докладчики. Молодые участники представляли 24 организации, из которых: 12 — научно-исследовательских, входящих в структуру РАН и других ведомств РФ, 9 вузов России, 3 — средние образовательные заведения. Профессиональный состав участников конференции: школьники, студенты и магистранты ВУЗов (21 человек); аспиранты и соискатели (12); инженеры и лаборанты (6); научные сотрудники (21); преподаватели вузов (4). За четыре рабочих дня конференции состоялось 37 устных и 15 стендовых докладов молодых участников и четыре пленарных лекции, вызвавших большой интерес участников и гостей конференции. С докладом «Термобиология рептилий. Состояние изученности, возможности и перспективы» выступил докт. биол. наук Владимир Александрович Черлин (Петрозаводский государственный университет); выступление канд. биол. наук Александра Александровича Семёнова (Беломорская биологическая станция МГУ) «Подводные исследования с камерой» проиллюстрировало новые возможности, открывающиеся перед исследователями водного биоразнообразия при использовании современной фото- и видеотехники; лекцию «Эколого-генетическая обусловленность психических расстройств человека» прочитал канд. мед. наук Сергей Иванович Ворошилин (Уральский государственный медицинский университет). Сообщение канд. биол. наук Павла Андреевича Косинцева (Институт экологии растений и животных УрО РАН) «Причины вымирания мамонтовой фауны» было посвящено обзору последних исследований крупномасштабных фаунистических преобразований, происходивших на рубеже плейстоцена и голоцена.

В рамках конференции состоялась лекция-мастер-класс «Статистика и котики: зачем и как анализировать данные» от автора научно-популярного бестселлера «Статистика и котики» Владимира Савельева из Уральского федерального университета. В 2017 г. второй раз состоялся фотоконкурс для участников конференции, на который было подано 37 работ от 9 авторов. Победители определялись в трех номинациях: «Место исследования», «Метод исследования» и «Объект исследования». В этом году в ИЭРиЖ впервые организована фотовыставка работ финалистов фотоконкурса и любезно

предоставленных Александром Семеновым подводных фотографий морских беспозвоночных.

В настоящем сборнике представлены результаты работ студентов, аспирантов, молодых ученых в области эволюции и палеобиологии, изучения биологического разнообразия на разных уровнях организации живого (клеточном, организменном, популяционном, видовом и биоценотическом). Обсуждаются механизмы устойчивости биоты, проблемы факториальной и функциональной экологии, биосферологии, экологического прогнозирования и рационального природопользования. С электронными версиями материалов молодежных конференций 1962–2016 гг. можно ознакомиться по ссылке https://ipae.uran.ru/library/publications_pdf/proceedings/youth_conference_in_ipae.

Редколлегия

Первые данные об изменчивости митохондриальной ДНК *Carabus sibiricus* Fischer

Л.И. Амерханова, П.А. Сибиряков

Институт экологии растений и животных УрО РАН, г. Екатеринбург

Ключевые слова: *Carabus sibiricus*, митохондриальная ДНК, филогеография.

ВВЕДЕНИЕ

Carabus (Trachycarabus) sibiricus Fischer von Waldheim, 1823 — вид жужелиц (*Carabidae*) широко, но спорадично распространенный в Северной Евразии от Восточной Европы до Якутии и от Полярного Урала до северного и восточного Казахстана и западной Монголии (Kryzhanovsky, 1995). Обитает в степной, таежной и тундровой прирдных зонах.

Вопрос о подвидовой структуре *C. sibiricus* до сих пор является дискуссионным в связи с тем, что различные авторы (Brezina, 2003; Obydov, 2009; Lassalle, 2013) рассматривают в составе вида различное количество подвидов. Кроме того, несмотря на то, что описанию морфологической изменчивости данного вида посвящен ряд работ (Breuning, 1932; Obydov, 2009), анализу генетической изменчивости *C. sibiricus* до сих пор не было уделено должного внимания. Только в одной работе (Su et al., 2003) при филогенетическом анализе дивизии *Lipastomorphi* (*Carabidae*; *Carabus*) были использованы данные митохондриальной ДНК (мтДНК) двух экземпляров *C. sibiricus*. Результаты этой работы показали, что морфологические различия на уровне подродов и видов исследуемой дивизии слабо соотносятся с данными по генетической изменчивости. В связи с этим встает вопрос о необходимости соотнесения морфологического и генетического разнообразия *C. sibiricus* на внутривидовом уровне.

Цель данной работы — первичное описание внутривидовой филогенетической структуры *C. sibiricus* и сопоставление данных по изменчивости мтДНК с подвидовой структурой.

Для достижения поставленной цели были сформулированы следующие задачи: 1) оптимизировать методы выделения ДНК и ПЦР фрагмента гена *ND5* мтДНК *C. sibiricus*; 2) создать банк данных нуклеотидных последовательностей гена *ND5* *C. sibiricus*; 3) оценить генетическое разнообразие и реконструировать внутривидовую филогенетическую структуру *C. sibiricus* на основании данных об из-

менчивости фрагмента гена *ND5* мтДНК; 4) сопоставить данные по изменчивости мтДНК с подвидовой структурой *C. sibiricus*.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В работе использовано 26 экземпляров *C. sibiricus* из 11 локалитетов из коллекций зоологического музея ИЭРиЖ УрО РАН и личных коллекций коллег. В работу включены особи, отнесенные к 5 подвидам (таблица).

Выделение тотальной ДНК осуществляли из задних конечностей сухих музейных и фиксированных в 95% этаноле образцов *C. sibiricus* по протоколу, предложенному авторами (Сибиряков, Амерханова, 2016). Для анализа генетической изменчивости был использован участок гена 5 субъединицы NADH-дегидрогеназы (*ND5*) мтДНК длиной 1010 пар нуклеотидов (п.н.). Условия и праймеры для амплификации выбирали в зависимости от степени сохранности ДНК: в случае хорошей сохранности использовали праймеры, предложенные в работе Su et al., 2003; для амплификации фрагмента из образцов деградированной ДНК нами были разработаны два набора праймеров (на 3 фрагмента по ≈ 500 п.н. и на 5 фрагментов ≈ 300 п.н.).

Обработку хроматограмм, анализ данных по генетической изменчивости и реконструкцию филогенетического дерева проводили с использованием пакетов программ: BioEdit v. 7.2.0, MEGA v. 6, MrModeltest v. 2, MrBayes v. 3.2.2, DnaSP v. 5.10. В качестве внешней группы при построении филогенетических деревьев использованы последовательности *C. estreicher* (AB053519), *C. rothi* (AB053534), *C. scabriusculus* (AB053524) и *C. henningi* (AB053542).

РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Результаты филогенетического анализа показали, что гаплотипы *C. sibiricus* кластеризуются в три группы (рисунок).

Группа А включает нуклеотидные последовательности от особей из западной части ареала (Ямал, Северный, Средний и Южный Урал, юго-восток Украины, Северная Осетия), отнесенных к четырем подвидам (*ssp. sibiricus*; *ssp. bosphoranus*; *ssp. haeres*; *ssp. kolosovi*). В пределах группы обособляются два гаплотипа *C. sibiricus haeres* из участка БООПТРЗ «Хомутовская степь» (юго-восток Донецкой области). Гаплотип *C. sibiricus bosphoranus* также кластеризуется с гаплотипами данной группы, но занимает в ней наиболее обособленное положение. Данная группа характеризуется самым низким значением нуклеотидного разнообразия ($\pi \pm SD = 0.00608 \pm 0.00136$).

Таблица. Использованные в работе образцы *C. sibiricus* и *C. mandibularis*

Вид	Подвид	Локалитет (в скобках – номер на карте, рисунок)	Гаплотипы	GenBank Acc. №
<i>C. sibiricus</i>	sibiricus	(1) ЯНАО, р. Йоркута, ур. Взвасагре	Ya 1	
	sibiricus	(2) Денежкин Камень	W 1	
	sibiricus	(3) Челябинская обл., заповедник Аркаим	W 3; W4; W5	
	sibiricus	(4) Новосибирская обл., п. Рогалево	R 1	
	sibiricus	(5) Алтайский край, п. Черепановский	Al 1	
	sibiricus	(6) Алтайский край, окр-ти п. Поспелиха	Al 2	
	kolosovi	(7) респ. Башкортостан, п. Сикияз-Тамак	W 1	
	kolosovi	(8) Челябинская обл., п. Межевой	W 1; W 2	
	bosphoranus	(9) респ. Северная Осетия	O 1	
	haeres	(10) г. Белгород	W 1	AB053520
	haeres	(11) Донецкая обл., БООПТЭ «Хомутовская степь – Меотида»	Ch 1; Ch 2	
	obliteratus	(12) Казахстан, г. Зыряновск	Kz 1	AB053521
	obliteratus	(13) Казахстан, зап. отроги Нарымского хр.	Kz 2	
	<i>C. mandibularis</i>		(14) Казахстан, Калбинский хр.	<i>C. mandibularis</i>

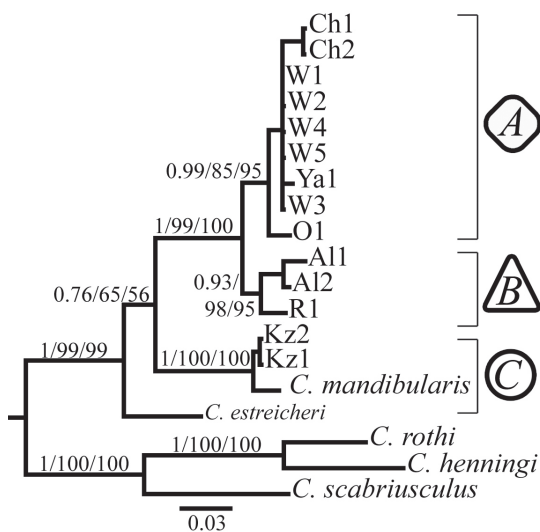


Рисунок. Места сбора материала и филогенетическое древо *C. sibiricus*, построенное по фрагменту (1010 п.н.) гена ND5 мтДНК методом Байесова анализа (номера на карте соответствуют номерам локалитетов в таблице; над ветвями филогенетического дерева приведены значения поддержки, одинаковых при построении дерева тремя методами анализа — Байесов анализ, методы максимального правдоподобия и ближайшего соседа соответственно; значки локалитетов на карте соответствуют каждой из трех выделенных филогенетических линий, к которой были отнесены последовательности от особей из данного локалитета).

Группа В включает нуклеотидные последовательности от особей с территории северо-западного Алтая, северных предгорий Алтая и Новосибирской области, отнесенных к номинативному подвиду *C. sibiricus sibiricus*. Для данной группы отмечено наиболее высокое нуклеотидное разнообразие ($\pi \pm SD = 0.01535 \pm 0.00483$), несмотря на небольшое количество вошедших в эту группу последовательностей (N=4).

Группа С включает нуклеотидные последовательности от особей с территории северо-восточного Казахстана, отнесенных к подвиду *C. sibiricus obliterated*. Эта группа первой отделяется от общего ствола филогенетического древа и является наиболее дифференцированной от всех остальных групп. Также с гаплотипами этой линии кластеризуется ранее описанный (Su et al., 2003) гаплотип *C. mandibularis*.

Согласно современным представлениям о внутривидовой структуре *C. sibiricus*, в восточной части ареала вид представлен 4 подвидами, а в западной — семью, что является отражением более высокого морфологического разнообразия данного вида на западе ареала. Однако анализ нуклеотидных данных показывает, что на молекулярно-генетическом уровне наблюдается противоположная картина — наиболее высокое генетическое разнообразие наблюдается в восточной части ареала. Кроме того, сопоставление полученных молекулярно-генетических данных с подвидами принадлежности конкретных образцов *C. sibiricus* показало, что на данном этапе исследования топология филогенетического древа не согласуется с принятой внутривидовой структурой. В частности, не наблюдается генетической дифференциации между подвидами, встречающимися на территории Урала и Восточно-Европейской равнины, а номинативный подвид *C. sibiricus sibiricus* распадается между двумя дифференцированными филогенетическими линиями (А и В).

Наблюдаемое по результатам анализа объединение в одну филогруппу (группу С) последовательностей *C. sibiricus obliterated* и *C. mandibularis* может быть связано с рядом возможных причин: межвидовой интрогрессией мтДНК, анцестральным полиморфизмом, ошибкой в определении образца *C. mandibularis* в работе Su et al., 2003, а так же ранее предположенным несоответствием темпов морфологической и генетической эволюции на видовом уровне в пределах дивизии Lipastomorphi.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

На основании имеющихся данных показано, что гаплотипы *C. sibiricus* кластеризуются в три группы как по молекулярно-генетическим признакам, так и по географическому принципу.

Выявлено существенное несоответствие между имеющимися представлениями о подвидовой структуре *C. sibiricus*, описанной по морфологическим признакам, с филогенетической реконструкцией по результатам анализа участка гена *ND5* мтДНК. Так, разные популяции номинативного подвида (*C. sibiricus sibiricus*) оказываются генетически более дистанцированы, чем представители различных подвидов (*C. sibiricus sibiricus*, *C. sibiricus kolosovi*, *C. sibiricus haeres*). При этом наиболее генетически однородной оказывается западная часть ареала, которая характеризуется наибольшим морфологическим разнообразием. В частности, группа А *C. sibiricus*, образованная последовательностями от особей из западной части ареала, морфологически относимых к четырем подвидам, генетически более однородна, чем группа В, представленная на востоке ареала (Алтайский край) и включающая последовательности от особей одного подвида.

Наблюдаемое по результатам анализа объединение в одну филогруппу последовательностей *C. sibiricus obliterated* и *C. mandibularis* на данном этапе не может получить однозначного объяснения и требует дальнейшего анализа с привлечением дополнительных молекулярно-генетических данных с включением в анализ образцов, морфологически относимых к этим таксонам.

Авторы выражают благодарность д.б.н. Бородину А.В. за помощь в обсуждении и интерпретации результатов; к.б.н. Зиновьеву Е.В., д.б.н. Михайлову Ю.Е., Ерохину Н.Г., к.б.н. Иванову А.В., к.б.н. Дудко Р.Ю., Савченко Е.Ю. и Гуриной А.А за предоставленный материал. Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (проект № 16–04–01625).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Сибиряков П.А., Амерханова Л.И.* Оценка качества сохранности ДНК в музейных образцах тканей животных // Материалы конференции молодых ученых, посвященной 170-летию В.В. Докучаева «Экология: факты, модели, гипотезы». Екатеринбург: Голицинский, 2016. С. 108–119.
- Breuning S.* Monographie der Gattung Carabus L. Troppau: E. Reitter, 1932. 1668 p.
- Brezina B.* Updated checklist of the genus Carabus (includes all Carabus-species and subspecies described before 2004). 2003. 54 p.
- Kryzhanovskiy O.L., Belousov I.A., Kabak I.I. et al.* A checklist of the Ground-beetles of Russia and Adjacent lands (Insecta, Coleoptera, Carabidae). Sofia: Pensoft, 1995. 275 p.
- Lassale B.* LISTE des CARABES du MONDE (part. 9). 2009. 9 p.

Obydov D.V. Faune des Carabus se Sibirie & d'Extreme-Orient russe – I. Collection systematique, Vol.20. France:Magellanes, 2009. 148 p.

Su Z-H., Imura Y., Kim C-K. et al. Phylogenetic relationships in the division Lipastomorphi (Coleoptera, Carabidae) of the world as deduced from mitochondrial ND5 gene sequences // Genes Genet. Syst. 2003. № 78. P. 37–51.